



RESOLUTION OIV-VITI 564B-2019

OIV-VERFAHREN FÜR DIE WIEDERHERSTELLUNG UND ERHALTUNG DER INTRAVARIETALEN DIVERSITÄT UND DIE POLYKLONALE SELEKTION VON REBSORTEN MIT GROSSER GENETISCHER VARIABILITÄT

DIE GENERALVERSAMMLUNG,

AUF VORSCHLAG der Kommission I „Weinbau“,

GESTÜTZT auf Artikel 2 Absatz b) i und c) iii des Übereinkommens vom 3. April 2001 zur Gründung der internationalen Organisation für Rebe und Wein sowie auf Ziffer 1.c.iii des Strategieplans 2015-2019 der OIV *„Förderung der Kenntnis der funktionellen Genomik von Reben und Mikroorganismen“*,

GESTÜTZT auf die Arbeiten, die in den Sitzungen der Sachverständigengruppen, insbesondere der Sachverständigengruppen *„Genetische Ressourcen und Rebenzüchtung (GENET)“* und *„Rebschutz (PROTEC)“* vorgestellt wurden, sowie auf Vorschlag dieser beiden Sachverständigengruppen,

GESTÜTZT auf die Resolution OIV/VITI 6/1990 über die Erzeugung, Reproduktion, Erhaltung und Vermehrung von Klonen, die Resolution OIV/VITI 1/1991 über das OIV-Standardverfahren zur Klonselktion der Rebe und die Resolution OIV-VITI 564A-2017 über das OIV-Verfahren zur Klonselktion,

BESCHLIESST, die Definition der polyklonalen Selektion und das OIV-Verfahren für die Wiederherstellung und Erhaltung der intravarietalen Diversität und die polyklonale Selektion von Reben mit großer genetischer Variabilität anzunehmen.



Inhaltsverzeichnis

A. EINFÜHRUNG.....	3
B. DEFINITION DER POLYKLONALEN SELEKTION	3
C. METHODE.....	3
1 Rahmenbedingungen der Methode.....	3
2 Erster Zyklus – Untersuchungen/Stichproben von Mutterpflanzen der alten Sorte in alten Weinbergen.....	3
3 Zweiter Zyklus – Groß angelegter Feldversuch mit untersuchten Genotypen für die polyklonale Selektion und Erhaltung der Vielfalt	5
4 Zulassung.....	8
5 Weitere sekundäre Ergebnisse und Empfehlungen.....	8
6 Zusammenfassung des Protokolls.....	9
ANHANG I: GLOSSAR	10
ANHANG II – GENETISCHE UND PHYTOSANITÄRE SELEKTION DER REBE: STAND UND BIBLIOGRAPHISCHER ÜBERBLICK	14
1. Theoretische Grundlagen der quantitativen Genetik zur Durchführung der genetischen Selektion.....	14
2. Historische Entwicklung der Selektionsverfahren für landwirtschaftliche Kulturen und Rebsorten.....	16
3. Derzeitige Situation und Risiken der genetischen Ressourcen von <i>Vitis vinifera</i>	18
ANHANG III: LITERATURVERZEICHNIS	20



A. EINFÜHRUNG

Die Methode findet vorzugsweise bei alten Rebsorten (*V. vinifera L.*) Anwendung, die eine große intravarietale Diversität aufweisen.

Das Verfahren folgt den Grundsätzen der quantitativen Genetik und der Statistik. Es folgt den zukunftsweisenden Konzepten, die erstmals von Rives (1) für die Rebenzüchtung vorgeschlagen wurden und dann in den 70iger Jahren in Portugal (2) weitgehend entwickelt, geprüft und bewertet wurden. Auch in anderen Ländern liegen Protokolle für die Klonselktion vor, die in der Resolution OIV-VITI 564A-2017 genannt und beschrieben sind und sich mit der Definition der Klonselktion und ihren Verfahren befassen.

B. DEFINITION DER POLYKLONALEN SELEKTION

Die polyklonale Selektion ist die Selektion eines Satzes von Genotypen, die nach der folgenden Methode durchgeführt wird.

C. METHODE

1 Rahmenbedingungen der Methode

Die Methode umfasst 2 Zyklen:

- 1) Der erste Zyklus konzentriert sich auf die Untersuchung und Identifizierung im Kontext „einer gegebenen Vielfalt des genetischen Ausgangsmaterials“ (intravarietale Diversität) für die Selektion.
- 2) Der zweite Zyklus konzentriert sich auf die Untersuchung der beprobten Genotypen und das Verfahren der polyklonalen Selektion, das ggf. eine Neuanpflanzung von Rebflächen mit stabilen genetischen Gewinnen und die Bereitstellung von Pflanzen und Daten für die Klonselktion ermöglicht.

2 Erster Zyklus – Untersuchungen/Stichproben von Mutterpflanzen der alten Sorte in alten Weinbergen

Um die höchstmögliche Variabilität zu erzielen, werden „nahezu zufällige“ Stichproben von Pflanzen, die frei von Viren und anderen Krankheiten sind, der Selektion auf der Grundlage phänotypischer Werte der Zielmerkmale vorgezogen, da die Umweltabweichungen bei einzelnen Pflanzen sehr hoch sind. Beprobte Pflanzen werden vermehrt, nachdem sie auf das Vorhandensein von wesentlichen und häufigen, natürlich vorkommenden Viren geprüft wurden und erst dann in einem zweiten Zyklus auf dem Feld ausgepflanzt.

2.1 Ermittlung der Region(en), in der/denen die Probenahme durchzuführen ist

Untersuchungen und Probenahmen sollten in einer oder mehreren Weinbauregionen vorgenommen werden, in denen die zu untersuchende Sorte traditionell angebaut wird (historische, literarische und administrative Quellen über die räumliche Verteilung der alten Sorte sollten herangezogen werden), da in diesen Regionen wahrscheinlich eine große genetische Diversität der untersuchten Sorte vorliegt. Die Beschränkung der Selektion auf eine einzige Region verringert die Vielfalt, die der Selektion unterzogen wird, und folglich die genetischen Gewinne, die möglicherweise erzielt werden. Die genaue

Beglaubigte Ausführung Genf, den 19. Juli 2019
Der Generaldirektor der OIV
Sekretär der Generalversammlung
Pau ROCA



Identifizierung der Regionen, in denen Probenahmen durchgeführt wurden, ermöglicht eine spätere Verallgemeinerung der Ergebnisse für diese Regionen, indem das Zentrum der Vielfalt der alten Sorte (der wahrscheinlichste Ort ihrer Domestizierung) und ihre historische, geographische Entwicklung bestimmt werden.

2.2 Zahl der zu markierenden Weinberge und Pflanzen

Das allgemeine Ziel ist es, die in jeder Region vorhandene intravarietale Vielfalt durch Identifizierung einer geeigneten Anzahl von Pflanzen zu wahren. Versuchen und Computersimulationen (3) zufolge schwankt diese Zahl zwischen 50 und 70 Pflanzen pro Region: Ist die Sorte nur in einer Weinbauregion vorhanden, kann die Anzahl von 70 weit überschritten werden. Theoretisch werden die besten Ergebnisse erzielt, indem in jedem der ausgewählten Weinberge wenige Pflanzen beprobt werden. Als Faustregel gilt, dass in jeder Region 2 bis 3 Pflanzen in 20 bis 30 separaten Weinbergen von vorzugsweise unterschiedlichen Besitzern beprobt werden sollten (die Zahlen beziehen sich auf Pflanzen, die frei sind von häufigen, natürlich auftretenden Virusinfektionen).

2.3 Kriterien für die Auswahl der Weinberge und Pflanzen in den Weinbergen

Pflanzen in für Untersuchungen ausgewählten Weinbergen sollten nicht mit Material veredelt sein, das bereits einem Selektionsverfahren unterzogen wurde (kommerzielles Material, das zuvor einer Massen- und Klonselktion unterzogen wurde), das heißt die Weinberge sollten bepflanzt worden sein, bevor Selektionsprogramme eingeleitet wurden und die Verbreitung von veredelten Pflanzen oder Rebveredelungen von Rebschulen vorgenommen wurden.

Die geographische Verteilung der zu beprobenden Rebflächen sollte in etwa der Häufigkeit der Verteilung der Rebflächen der betreffenden Region entsprechen, auf denen die zu untersuchende Sorte vorkommt. Die Probenahme sollte vorzugsweise in Weinbergen erfolgen, die mit Reben bepflanzt werden, die untereinander wahrscheinlich nicht in Beziehung stehen (z.B. zum Zeitpunkt der Bepflanzung nicht dem gleichen Besitzer gehören).

In jedem Weinberg sollten die zur Markierung ausgewählten Pflanzen mindestens 5 Reihen und innerhalb einer Reihe mehr als 20 Meter voneinander entfernt sein.

Da es in dieser Phase vor allem darum geht, eine repräsentative Stichprobe der intravarietalen Diversität der alten Sorte mit hoher genetischer Variabilität zusammenzustellen, sollte die Auswahl von Pflanzen in Bezug auf bestimmte Merkmale vermieden werden. Die Ablehnung von eindeutig unerwünschten Pflanzen (symptomatisch für virale oder GTD-Infektion, anomaler phänotypischer Habitus, Fehlbildungen usw.) und/oder Pflanzen, die morphologisch der selektierten Sorte nicht entsprechen, ist ratsam.

Es muss ein möglichst allgemein verständliches, einfaches Bezugssystem für die Standorte der ausgewählten Pflanzen und die ursprünglichen Rebflächen geschaffen und aufrechterhalten werden, um die Repräsentativität der Stichprobe anschließend zu überprüfen und die Rückverfolgbarkeit vom endgültig selektierten Genotyp bis zur ursprünglichen Mutterpflanze oder ihrem Standort zu gewährleisten.

2.4 Virusdiagnose mit ELISA

Es ist angebracht, alle schädlichen Viren in dieser Phase einem ELISA-Test zu unterziehen, wobei die Einhaltung der rechtlichen Rahmenbedingungen für die Zertifizierung der in den einzelnen Ländern



vorkommenden Reben zu berücksichtigen ist. Viren, deren natürliches Vorkommen in der untersuchten Region als gering anerkannt ist, können jedoch erst in einer späteren Phase untersucht werden.

3 Zweiter Zyklus – Groß angelegter Feldversuch mit untersuchten Genotypen für die polyklonale Selektion und Erhaltung der Vielfalt

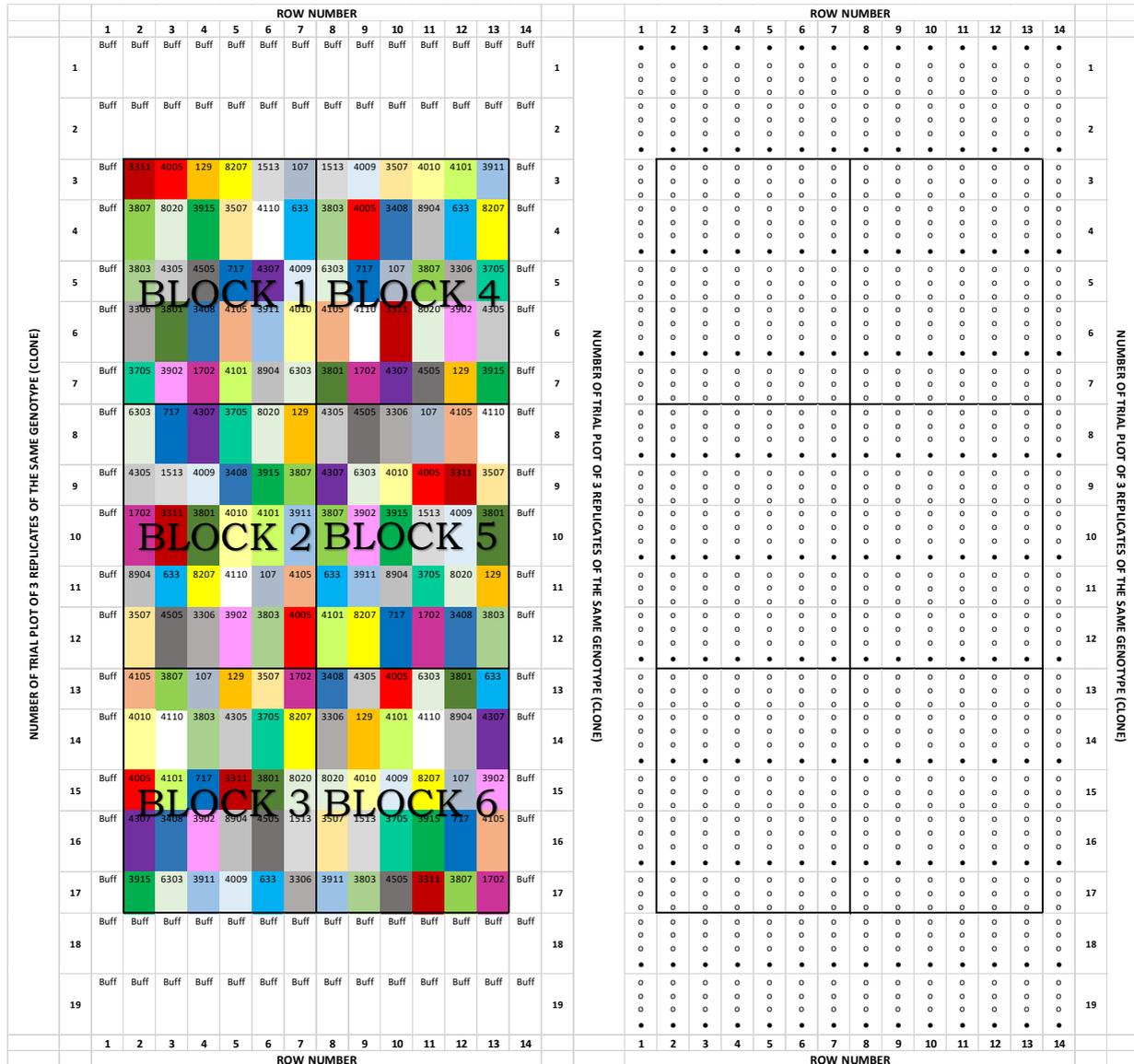


Abbildung 1 – Beispiel einer Graphik einer RCB-Anordnung (vollständig randomisierte Blockanlage) eines experimentellen Feldversuchs mit 30 Genotypen von Reben, die für eine Sorte mit geringer Diversität zu vergleichen sind. Links ist die Randomisierung von 30 Genotypen dargestellt, die in jedem der 6 Blöcke wiederholt wird. Jedes Feld stellt 3 Pflanzen dar, Zahlen und Farben bezeichnen Genotypen. Selektierte Pufferpflanzen rund um den Versuchsbereich reduzieren Grenzlinien der Heterogenität. Rechts sind Reben (o) und Reihenpfähle (•) in den Parzellen (helle Linien) und Blöcken (dunkle Linien) dargestellt. In diesem klein angelegten Versuch liegen 18 Pflanzen eines jeden Genotyps vor, verteilt auf 3 Pflanzenparzellen, die 6 Mal repliziert werden, eine für jeden Block. Der Klarheit wegen kann die Versuchsanordnung aber auch bei einer höheren Anzahl von Genotypen verwendet werden, was im Falle von alten Sorten mit Hunderten von Pflanzen empfohlen wird.



Dieser Zyklus besteht aus einem groß angelegten Feldversuch, der eine Probenahme der Vielfalt innerhalb der untersuchten Sorte umfasst. In solch einem Feldversuch können die methodischen Instrumente der quantitativen Genetik unter optimalen Bedingungen angewendet werden. Der Versuchsweinberg vereint die beiden für den Erfolg der genetischen Selektion wesentlichen Voraussetzungen: (1) er umfasst das gesamte identifizierte Ausgangsmaterial (Vielfalt), und (2) die Versuchsanordnung eignet sich für die Anwendung von Modellen der Datenanalyse, die die phänotypische Beurteilung von Merkmalen ermöglichen. Darüber hinaus wird die Bewertung des Abstands der erhaltenen Werte von den tatsächlichen genetischen Werten ermöglicht.

3.1 Wahl der Versuchsanordnung

Die Versuchsanordnung ist für die Kontrolle der aktuellen Umweltvariation an einem einzigen Satz von Pflanzen, der aus Hunderten von Genotypen besteht, ausschlaggebend. Die Lösungen können von randomisierten vollständigen Blöcken (RCB, 5-6 Blöcke x 3 Pflanzen –Abb. 1) bis hin zu effizienteren Lösungen reichen: Alpha-Designs, Reihen-Spalten-Designs und andere, je nach den im jeweiligen Kontext verfügbaren methodologischen und rechnerischen Ressourcen. Für eine sicherere Begrenzung der Versuchseinheiten, sollten diese der Hälfte der Pflanzen zwischen den Reihenpfählen entsprechen (in der Regel 3 Pflanzen).

3.2 Vorbereitung des Versuchsweinbergs

In der Regel wird der Satz von untersuchten Genotypen nach agronomischen Standardmethoden (Pflanzdichte, Erziehungssystem, Schnittmethoden, usw.) in der betreffenden Region gehandhabt, wodurch eine homogene Durchführung der agronomischen Arbeiten gewährleistet wird. Die große Anzahl von Genotypen und Replikaten erfordert jedoch eine besonders strenge Kontrolle bei der Pflanzung. Diese Kontrolle ist effizienter, wenn die Veredlung vor Ort vorgenommen wird (Pflanzung der Unterlage und Pfropfen von Genotypen im folgenden Jahr). Bei Verwendung von tischveredelten Pflanzen sollten diese zur Fehlerminimierung vorzugsweise in gekennzeichneten Behältnissen Wurzeln bilden. Die Unterlagen sollten nach den Bodenmerkmalen ausgewählt werden, wobei für alle Pflanzen des Versuchs die gleiche Unterlage zu verwenden ist.

3.3 Datensammlung

Grundsätzlich sollten die Pflanzen des Feldversuchs unter Berücksichtigung aller für die Selektionszwecke interessanten Merkmale bewertet werden. Die Zahl der Analysen in vielen Hundert Parzellen (Anzahl der Genotypen multipliziert mit der Anzahl der replizierten Parzellen) ist jedoch aufgrund der Durchführbarkeit der Bewertung mit verfügbaren Ressourcen oft begrenzt. In der Praxis sind der Ertrag, die Fruchtbarkeit, die Beeren- und Traubengröße sowie der Gesamtgehalt an löslichen Feststoffen, der Säuregehalt, der pH-Wert, Gesamtphenole und Anthocyane derzeit die relevantesten Merkmale. Die Komponenten der Mostqualität werden anhand von Stichproben von mindestens 60 Beeren pro Replikat untersucht (aus Gründen der Schnelligkeit und Durchführbarkeit können bei knappen Ressourcen alternativ nur die 3 homogensten Replikate verwendet werden). Angesichts der jüngsten Fortschritte bei der automatischen Analyse (z.B. FTIR-Spektrometrie) und Feldsensoren besteht jedoch die realistische Aussicht, weitere Merkmale analysieren zu können.

Der Ertrag wird durch direktes Wiegen der Trauben (pro Parzelle) auf dem Feld bewertet. Die Datenerhebung kann in der Regel ab dem zweiten oder vorzugsweise dritten Jahr nach der Pflanzung tischveredelter Reben oder der Veredelung auf dem Feld beginnen und dauert mindestens 3 Jahre. Die Ergebnisse der ersten Analyse der Daten aus diesen drei Jahren (oder mehr, falls vorhanden) geben

Beglaubigte Ausführung Genf, den 19. Juli 2019
Der Generaldirektor der OIV
Sekretär der Generalversammlung
Pau ROCA



Hinweise für die Notwendigkeit weiterer Auswertungen. Zusätzliche Daten (ampelographische, phänologische, usw.) können je nach besonderen Selektionszielen und verfügbaren Ressourcen erhoben werden.

Vor der endgültigen Auswahl eines Satzes von Genotypen (zur sofortigen Verwendung) aus für die Weinherstellung bestimmten Sorten ist es sinnvoll, für diese Gruppe und eine für den gesamten Satz des Versuchsweinbergs repräsentative Stichprobe eine Mikrovinifikation unter Verwendung von etwa 20 bis 30 nach dem Zufallsprinzip ausgewählten Genotypen nach einem standardisierten Protokoll durchzuführen. Die beiden Weine sollten von Experten blind verkostet werden, wobei ein Duo-Trio-Test durchzuführen ist, um festzustellen, ob der aus der ausgewählten Gruppe hergestellte Wein die typischen sensorischen Eigenschaften der Rebsorte aufweist. Sind die Unterschiede statistisch signifikant, sollte eine Charakterisierung durch eine deskriptive sensorische Analyse erfolgen, um sensorische Unterschiede zwischen der ausgewählten Gruppe und dem gesamten Versuchssatz objektiv festzustellen.

3.4 Datenanalyse und polyklonale Selektion

Für die Datenanalyse sind gemischte Modelle geeignet. Das Endziel besteht darin, Varianzkomponenten zu schätzen, die optimalen linearen unverzerrten Prädiktoren (best linear unbiased predictors, EBLUP) der genotypischen Auswirkungen zu ermitteln und den genetischen Gewinn (R) zu berechnen.

Für ausgewogene Daten und Modelle mit einfacheren Kovarianzstrukturen kann die Selektion auf dem Ranking der phänotypischen Mittelwerte der Genotypen beruhen (da das Ranking der phänotypischen Mittelwerte in diesem Fall dem Ranking der EBLUP der genotypischen Auswirkungen entspricht). Unter diesen Bedingungen kommen die klassischen Mittel der quantitativen Genetik zur Anwendung. D.h. die Selektion beinhaltet die Einordnung eines untersuchten Satzes von Genotypen nach ihren phänotypischen Werten, um eine Teilmenge der im Hinblick auf ein bestimmtes Merkmal interessantesten auszuwählen und die Differenz zum allgemeinen Mittelwert zu berechnen (Selektionsdifferenz, S), aber auch um die Distanz zwischen den (beobachteten) phänotypischen Werten und den genotypischen Werten (Vererbbarkeit im weiteren Sinne, h^2) zu quantifizieren und den genetischen Gewinn (R) nach der folgenden Formel zu berechnen:

$$R = S \times h^2.$$

Bei nicht ausgewogenen Daten und komplexeren Modellen sollte die Selektion der Genotypen auf dem Ranking der EBLUP der genotypischen Auswirkungen beruhen, während die Prognose des genetischen Gewinns als Mittelwert der EBLUP der ausgewählten Klone berechnet wird.

Die Selektion kann zugunsten eines oder mehrerer der beurteilten Merkmale erfolgen, nach Einzelbetrachtung oder in Form eines Selektionsindex.

Die Zahl der selektierten Genotypen, die das polyklonale Material bilden, beruht auf einem Kompromiss zwischen dem gewünschten Gewinn (dieser steigt, wenn die Zahl der ausgewählten Genotypen sinkt) und der Stabilität des Verhaltens des selektierten Satzes von Genotypen in verschiedenen Umgebungen, d.h. der geringen GxE-Interaktion (Genotyp X Umwelt-Interaktion). Diese Stabilität steigt mit der Zahl der ausgewählten Genotypen. Die Versuchsergebnisse in der Literatur (3) zeigen, dass die Stabilität der Gruppe bei einer Zahl von 1 bis 7 Genotypen stark zunimmt, und dass diese Zunahme bei einer höheren Anzahl von Genotypen geringer ist. Auf der Grundlage dieser Ergebnisse sollte das erhaltene polyklonale Material je nach besonderen Bedingungen der Selektionsarbeit aus ausgewogenen Gemischen von 7 bis 20 Genotypen bestehen. Die Zahl der Genotypen kann zwar höher



als 20 sein, sollte jedoch nie weniger als 7 betragen. Die Ausgewogenheit des Gemischs setzt voraus, dass jeder Genotyp in der Gruppe mit einer Häufigkeit von $1/n$ vertreten ist, wobei n die Gesamtzahl der Genotypen des Gemischs ist. Unter Berücksichtigung der Abhängigkeit von verfügbarem Material an Genotypen und anderen konjunkturellen Faktoren muss aus Gründen der Durchführbarkeit eine gewisse Toleranz akzeptiert werden. In jedem Fall darf die Häufigkeit eines einzelnen Genotyps das Doppelte des am wenigsten häufigen Genotyps nicht überschreiten.

3.5 Zweite Virusdiagnose bei Genotypen der polyklonalen Gruppe

Die phytosanitären Anforderungen an die Selektion müssen den Vorschriften des Landes entsprechen, in dem die Selektion durchgeführt wird oder in dem sie für Pflanzungen verwendet wird, je nachdem welche Vorschriften die strengsten sind.

3.6 Molekulare Diagnose der Genotypen der polyklonalen Gruppe

Der Selektion von Genotypen muss eine molekulare Analyse vorausgehen, um ihre Sortenechtheit zu bestätigen. Es sind die besten verfügbaren Methoden zu verwenden.

3.7 Erhaltung der Ausgangspflanzen der polyklonalen Gruppe

Alle ausgewählten Genotypen werden einer phytosanitären und Sortendiagnose unterzogen werden. Sie werden in kleinem Maßstab vermehrt und bringen die Ausgangspflanzen hervor.

Die Pflanzen sollten unter Bedingungen aufbewahrt werden, die eine hohe phytosanitäre Sicherheit und Ersatzkapazitäten im Falle einer Infektion ermöglichen, sowie Anpassungen an Marktanforderungen. Zur Erhaltung der Ausgangspflanzen können diese auf einem inerten Fertigschubstrat in Töpfen im Gewächshaus und geschützt vor Virusvektoren ausgepflanzt werden.

3.8 Erhaltung der biologischen Vielfalt

Neben der polyklonalen Selektion können sowohl der Weinberg, für den eine umfassende Feldstudie durchgeführt wurde, als auch die daraus gewonnenen Daten zur Erhaltung der intravarietalen Vielfalt genutzt werden, um der aktuellen genetischen Erosion entgegenzuwirken. Die Erhaltung sollte durch den Versuchswinberg während seiner Nutzungsdauer gewährleistet werden und muss am Ende dieses Zeitraums durch andere Methoden erfolgen.

4 Zulassung

Wenn eine Zulassung des polyklonalen Materials vorgesehen ist, muss sie dem rechtlichen Rahmen des Landes entsprechen, in dem sie vorgenommen wird. Es ist wünschenswert, dass die Standards für die Zulassung selektierter Genotypen zwischen den Staaten, die diese Option wählen, harmonisiert werden. Darüber hinaus müssen Kriterien festgelegt werden, die das Zertifizierungssystem im Vergleich zu denjenigen integrieren, die bereits für Klone verwendet werden, die anhand der aktuellen Kriterien der Klonselktion zugelassen wurden.

5 Weitere sekundäre Ergebnisse und Empfehlungen

Neben der polyklonalen Selektion können sowohl der zuvor beschriebene Versuchswinberg als auch die daraus gewonnenen Daten auf andere, sich ergänzende Nutzungen ausgerichtet werden.

Versuchsdaten sollten unter Beachtung hoher Sicherheitsmaßnahmen wie z.B. die Vermehrung der Datenträger und Datenbanken gespeichert werden. Diese Daten können neue „Vor-Ort“-Selektionen



ermöglichen, durch die die neuen und sich ständig verändernden Herausforderungen der Weinbauindustrie bewältigt werden können.

Zusätzlich können Ertrags- und andere Daten zur Quantifizierung der intravarietalen Diversität der Sorte analysiert werden, indem normale Kurven der Wahrscheinlichkeitsdichte dieser Merkmale aufgezeichnet werden oder indem die entsprechenden Koeffizienten der genotypischen Variation berechnet werden. Diese Daten geben Aufschluss über die Herkunft und geographische Ausbreitung einer Sorte, was für objektive Untersuchungen der intravarietalen Diversität eine notwendige Voraussetzung ist.

Die Versuchsphase der polyklonalen Selektion (siehe Ziffer 3) kann auch als erste Phase der klonalen Selektion betrachtet werden. In diesem Fall müssten ausgewählte Genotypen, in größerer Zahl vorhanden sein, um einen zweiten Zyklus der regionalen Anpassungsversuche für die Selektion einzelner Klone einleiten zu können.

6 Zusammenfassung des Protokolls

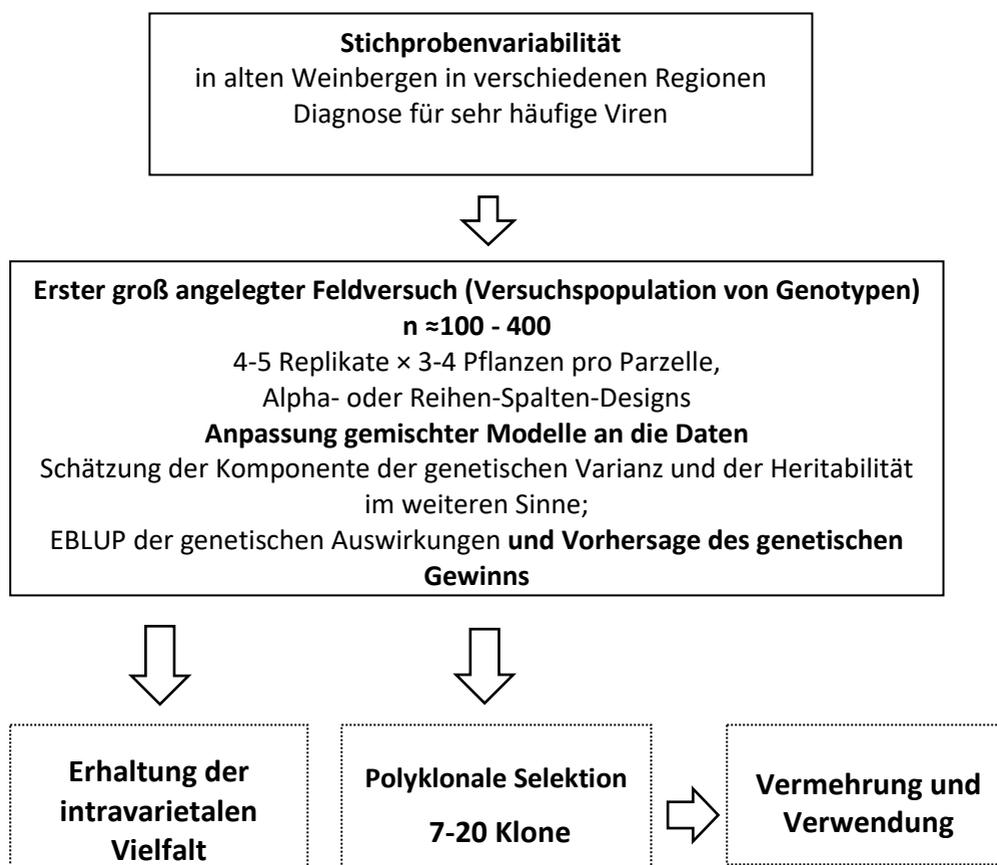


Abbildung 2 – Methodik der polyklonalen Rebenselektion und der Erhaltung der Vielfalt



ANHANG I: GLOSSAR

Die Terminologie und das Glossar sollten nur im Rahmen dieser Resolution verwendet werden, um sicherzustellen, dass sich die Definitionen auf den Kontext dieser Resolution beziehen.

Heritabilität im weiteren Sinne (h^2)

Genotypische Varianz eines quantitativen Merkmals (bezogen auf den Satz von Genotypen einer alten Sorte in einem bestimmten Feldversuch) geteilt durch die phänotypische Gesamtvarianz. Die genotypische Varianz kann nicht direkt ermittelt werden, sondern durch Abzug der Umweltvarianz von der in dem Versuch erfassten Gesamtvarianz.

Zertifizierung

Kontrollsystem der Vermehrung und Verbreitung von Vermehrungsmaterial zur Überprüfung der Einhaltung von maßgeblichen rechtlichen Vorschriften. In der Regel resultieren verschiedene Arten von Pflanzenmaterial aufgrund ihres Gesundheitszustands und anderer Voraussetzungen aus dem Zertifizierungssystem. Die Europäische Union schließt andere Kategorien („Ausgangs-, Basis-, Standardmaterial“) aufgrund des derzeitigen Bestehens der Kategorie „zertifiziertes Material“ von der Zertifizierung nicht aus.

Klon

Siehe Definition der (4) Resolution OIV-VITI -564A-2017)

EBLUP (Empirische beste lineare unverzerrte Vorhersage des genotypischen Werts)

Die Erkennung des genotypischen Werts ist ein genauere Prädiktor als die des phänotypischen Werts, da eine wirksamere Beseitigung der Umweltabweichung ermöglicht wird. Wird der genotypische Wert als Abweichung vom Gesamtmittelwert ausgedrückt, ermöglicht er ebenfalls eine direkte Quantifizierung des genetischen Gewinns.

Umweltabweichung (E in der fundamentalen Gleichung des phänotypischen Werts: $P = G + E$)

Teil des von der Umwelt bestimmten phänotypischen Werts, der als eine Verteilung mit Null-Mittelwert und einer Nicht-Null-Varianz vorausgesetzt wird (5) (6) (7). Die Umweltabweichung ist nicht direkt bestimmbar, ihre Varianz kann in einem Versuchssatz von Genotypen jedoch experimentell ermittelt werden.

Ausgangspflanzen

Kleine Anzahl repräsentativer Pflanzen einer Selektion, die zur offiziellen Zulassung vorgeschlagen wird. Zur Förderung der genetischen Stabilität und des phytosanitären Schutzes unterliegen diese Pflanzen strengsten Bedingungen.



Vorhersehbarer Genetischer Gewinn (R in der Gleichung: $R = S \times h^2$)

Für jedes gegebene Merkmal die Differenz zwischen dem Wert der vegetativen Nachkommen eines oder mehrerer Genotypen, die aus einem experimentellen Klonsatz ausgewählt wurden und dem Durchschnittswert der vegetativen Nachkommen aller Klone dieses Satzes. Er kann durch Berechnung der Selektionsdifferenz (S) anhand der Heritabilität im weiten Sinne (h^2) oder als die durchschnittliche Summe von EBLUP der genotypischen Auswirkungen ausgewählter Klone ermittelt werden (1) (9).

Genetische Selektion

Auswahl einer Untermenge von Klonen innerhalb einer heterogenen alten Sorte in Bezug auf quantitative Merkmale auf der Grundlage von Prädiktoren von genotypischen Werten (phänotypische Werte, EBLUP oder sonstige) für ein oder mehrere Merkmale, was bei diesen Merkmalen zu objektiven genetischen Gewinnen führt.

Genotyp

Genetische Zusammensetzung eines Organismus oder einer Gruppe von Organismen in Bezug auf ein einzelnes Merkmal, eine Reihe von Merkmalen oder einen Komplex von Merkmalen

Genotyp-Umwelt-Interaktion (GxE)

Eine Genotyp-Umwelt-Interaktion kann als eine Änderung der relativen Leistung eines „Merkmals“ von zwei oder mehreren Genotypen definiert werden, die in zwei oder mehreren Umgebungen gemessen werden. Interaktionen können daher Änderungen in der Rangfolge der Genotypen zwischen den Umgebungen und Änderungen in der absoluten und relativen Größenordnung der genetischen, ökologischen und phänotypischen Unterschiede zwischen den Umgebungen beinhalten (10).

Genotypischer Wert (G in der fundamentalen Gleichung des phänotypischen Werts: $P = G + E$)

Genetisch bestimmter Teil des phänotypischen Werts, der durch vegetative Vermehrung weitergegeben wird. Der genotypische Wert ist nicht direkt bestimmbar, kann aber durch verschiedene Prädiktoren auf der Grundlage von Varianzrelationen annähernd ermittelt werden.

Die Varianz der genotypischen Werte in einem Feldversuch entspricht dem Unterschied zwischen phänotypischen und Umweltvarianzen in ein und demselben Versuch.

Intravarietale Vielfalt

Unterschiede von quantitativen Merkmalen von Pflanzen einer alten Sorte, die anfänglich homogen war und dann aufgrund der Anhäufung von somatischen Mutationen und anderer Variationsmechanismen in Verbindung mit der somatischen Multiplikation heterogen wurde. Diese Vielfalt ist das Rohmaterial für die genetische Selektion und andere Verwendungen alter Sorten.

Gemischte Modelle

Modelle mit festen und zufälligen Effekten



Phänotypischer Wert eines Merkmals (P in der fundamentalen Gleichung des phänotypischen Werts: $P = G + E$)

Wert eines Merkmals einer Pflanze oder eines Klon in einer Versuchspopulation, der durch direkte Beobachtung oder eine andere Methode bewertet wird. In einem klassischen Modell ist der phänotypische Wert die Summe des genetisch bestimmten Werts (genetischer Wert, G) und der Umweltabweichung E mit einem Mittelwert von Null und einer Varianz ungleich null: $P = G + E$. Phänotypische Werte sind experimentell bestimmbar, und die Varianz dieser Werte in einem Versuchssatz wird durch direkte Berechnung anhand der Beobachtungswerte bestimmt.

Polyklonale Selektion

Im Rahmen dieser Resolution bedeutet polyklonale Selektion folglich die Auswahl einer Gruppe von 7 bis 20 Genotypen aus einem Versuchssatz von Genotypen einer alten Sorte, die den größten Teil ihrer intravarietalen Diversität enthält. Die Auswahl beruht auf Methoden der quantitativen Genetik, um Umweltabweichungen effizient zu reduzieren und hohe, stabile und vorhersehbare genetische Gewinne zu erzielen. In Ausnahmefällen kann die Anzahl der ausgewählten Genotypen größer als 20, aber nie kleiner als 7 sein, um Interferenzen durch GxE-Interaktionen zu verhindern. Bei der endgültigen Auswahl der zu vermehrenden Genotypen sollte die Anzahl aller Klone gleich sein. Eine Toleranz ist jedoch zulässig, sofern der Häufigkeitswert eines Genotyps das Doppelte des Häufigkeitswerts des am wenigsten häufigen Genotyps nicht überschreitet. Es sollten zumindest folgende Zielmerkmale ausgewählt und bewertet werden: Ertrag, Extrakt und Säuregehalt bei weißen Sorten und bei roten Sorten zusätzlich die in der Haut enthaltenen Anthocyane.

In diesem Kontext entspricht ein Genotypengemisch, das sich aus verschiedenen unabhängigen Selektionsverfahren ergibt, nicht dieser Definition der polyklonalen Selektion und sollte zur Vermeidung von Verwechslungen als multiklonales Gemisch bezeichnet werden.

Qualitatives Merkmal

Merkmal, das in einem heterogenen Satz von Pflanzen diskret verteilt ist und auf eine monogene oder oligogene Bestimmung und moderate Umweltabweichungen zurückzuführen ist.

Quantitative Genetik

Genetische Grundsätze, die es ermöglichen, quantitative Merkmale zu verstehen und zu analysieren. Verteilungen quantitativer Merkmale sind Summen von genetischen Verteilungen und Verteilungen von Umweltabweichungen. Das Verständnis der ersten beinhaltet die Reduzierung der zufälligen Abweichungen, die Varianzzerlegung und damit verbundene Verfahren. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass quantitative Genetik Statistik ist, die bei genetisch bedingten quantitativen Merkmalen angewendet wird.

Quantitatives Merkmal

Merkmal, das in einem heterogenen Satz von Pflanzen kontinuierlich und normal verteilt ist. Normalität ergibt sich aus dem polygenen Charakter und/oder starken Umweltabweichungen.



Phyosanitäre Selektion

Diagnose systemischer intra- oder interzellulärer Erreger, die durch vegetative Vermehrung (und andere Mechanismen) übertragen werden. In der Praxis wird sie meist bei Viren durchgeführt.

Selektionsdifferenz (S in der Gleichung des genetischen Gewinns: $R = S \times h^2$)

Differenz zwischen den Mittelwerten von Genotypen, die aus einem Versuchssatz einer alten Sorte ausgewählt wurden, und dem Gesamtmittelwert dieses Satzes.

Alte Sorte (im botanischen Sinne) und Kulturpflanzen-Sorte oder Cultivar



ANHANG II – GENETISCHE UND PHYTOSANITÄRE SELEKTION DER REBE: STAND UND BIBLIOGRAPHISCHER ÜBERBLICK

1. Theoretische Grundlagen der quantitativen Genetik zur Durchführung der genetischen Selektion

Am Anfang der Domestizierung der Rebe hätte die antike Sorte der Weinrebe im mediterranen Raum Eurasiens als natürlich homogene Population begonnen. Die anschließende vegetative Vermehrung der Sortenpopulation führte jedoch zu unzähligen Mitosen und ebenso zahlreichen DNA-Replikationen, letztere mit genetischen Mutationen und anderen Mechanismen der genetischen Variation. Diese Mutationen sind oft als Mutanten von Beerenfarbe, Blattform und anderen qualitativen Merkmalen sichtbar.

Bei fast allen Rebenmerkmalen, einschl. der wirtschaftlich wichtigen, handelt es sich um quantitative Merkmale (Ertrag, Beerenzucker, Säuregehalt, Anthocyane u. v. m.). Diese werden so zu natürlichen Zielen der genetischen Selektion. Quantitative Merkmale werden von Sätzen von Genen gesteuert, die kleine kumulative Effekte (Mikro- oder Polygene) bestimmen, jedoch auch Mutationen unterliegen.

Die intravarietale Variationsbreite eines Merkmals, das sich aus einer Jahrhunderte oder Jahrtausende langen Anhäufung von Mutationen ergibt, kann ein extrem hohes Niveau erreichen: Die Größenordnung der Variation für den Ertrag von Genotypen einer in einem bestimmten Gebiet historisch weit verbreiteten Sorte kann sich um das zehnfache erhöhen, während Zucker-, Säure- und Anthocyanengehalte in Beeren doppelt so hoch sein können. Diese Vielfalt ist für die Selektion von primärer Bedeutung und kann die Erzielung hoher genetischer Gewinne ermöglichen, die zu entsprechenden wirtschaftlichen Vorteilen führen. Sie ebnet den Weg für eine natürliche Veränderung der alten Sorte, um sie an neue biotische und abiotische Herausforderungen, einschließlich des Klimawandels, anzupassen. Um dieses Potenzial zu nutzen, sollte die Selektion mit Stichproben von Genotypen durchgeführt werden, die groß genug sind, um für die natürliche Vielfalt der alten Sorte möglichst repräsentativ zu sein. Schätzungen anhand von realen Experimenten und Computersimulationen belegen eine Stichprobengröße von 100 bis 400 Genotypen. Bei einem Probenumfang dieser Größe wird der Unterschied zwischen dem Wert eines einzelnen Genotyps (oder dem Durchschnitt einer Gruppe von Genotypen) für ein gegebenes quantitatives Merkmal und dem Durchschnitt der gesamten Stichprobe maximiert (Selektionsdifferenz - S). Diese Differenz ist für die Bewertung des genetischen Gewinns der erste Faktor. Er wird jedoch aufgrund der Umweltabweichungen und der Genotyp-Umwelt-Interaktion immer noch überschätzt. Beide sind nicht vererbbar und erfordern eine Korrektur durch Quantifizierung des genetischen Teils der Variation in Bezug auf die Gesamtvariation im gesamten Stichprobensatz.

Die intravarietale Diversität wird von vielen Genen bestimmt, die jeweils für eine bestimmte Verteilung der Diversität verantwortlich sind. Zu diesen genetischen Faktoren kommen zufällige Umweltabweichungen, die sich durch einen Durchschnitt von Null, eine Varianz ungleich Null und eine annähernd normale Verteilung auszeichnen. Dies bedeutet, dass die Verteilung der Gesamtdiversität eine zufällige Summe von Verteilungen ist, die nach den theoretischen Grundlagen der Statistik immer eine Normalverteilung ist. Aus diesen Überlegungen ist zu schließen, dass der (beobachtete) phänotypische Wert eines Genotyps für jedes Merkmal in einem Versuchssatz, der einer Selektion zu unterziehen ist, dem folgenden Modell entspricht.



$$P = G + E + G \times E$$

Phänotypischer Wert	Genotypischer Wert	Umwelt-abweichung	Genotyp-Umwelt-Interaktion
---------------------	--------------------	-------------------	----------------------------

Der phänotypische Wert (P) eines Genotyps ist als einziger direkt messbar. Der verborgene genotypische Wert (G) ist jedoch der einzige, der auf die „Nachkommen“ übertragbar und daher Ziel der polyklonalen Selektion ist. Das Hauptziel des gesamten Selektionsverfahrens sollte daher darin bestehen, die Werte von E und GxE so weit wie möglich zu reduzieren, um die Werte von P und G einander anzunähern. Wird dies erreicht, wird der messbare Wert P zu einem guten Prädiktor für G.

Der erste Schritt zur Erreichung dieses Ziels besteht darin, in Feldversuchen eine Selektion durchzuführen, bei der jeder Genotyp mehrmals repliziert wird. Auf diese Weise wird es mehrere sich gegenseitig aufhebende Umweltabweichungen geben, deren Durchschnitt mit zunehmender Anzahl der Replikate gegen Null tendiert. Diese Eigenschaft erklärt sich durch ein Grundprinzip der Statistik: *Die Varianz von Stichproben mit n Elementen eines Satzes von Pflanzen ist die Varianz des Satzes dividiert durch n.*

Das gleiche Ergebnis wird mit Computersimulationen erzielt. In der Praxis bedeutet dies, dass Selektionen einzelner Pflanzen ineffizient sind, da die Varianz von Umweltabweichungen und der Genotyp-Umwelt-Interaktion 70 bis 100 % der Gesamtvarianz ausmachen. Folglich beträgt die genetische Varianz zwischen 30 und 0 % der Gesamtvarianz. Umgekehrt ermöglichen Selektionsversuche mit 15 Pflanzen pro Genotyp und einer klassischen Versuchsanordnung mit 3 bis 4 Pflanzen und 4 bis 5 Replikaten in kompletten, randomisierten Blöcken eine Reduzierung der Umweltabweichungen und der GxE-Interaktion auf Werte im Bereich von 10 bis 40 % und somit eine Erhöhung der genetischen Varianz auf Werte zwischen 60 und 90 % (3).

Diese Werte der genetischen Varianz, geteilt durch die insgesamt beobachtete phänotypische Varianz, entsprechen der Heritabilität im weiteren Sinne (h^2), aus der sich die notwendigen Korrekturfaktoren der Selektionsdifferenzen (S) zur Vorhersage des genetischen Gewinns (R) ergeben.

$$R = S \cdot h^2$$

Genetischer Gewinn	Selektions-differenz	Heritabilität im weiteren Sinne
--------------------	----------------------	---------------------------------

Umfangreiche Selektionsversuche mit alten Rebsorten aus Mittel- und Westeuropa, die auf diesen Grundsätzen der quantitativen Genetik und der Statistik beruhen, haben häufig zu Ertragssteigerungen zwischen 10 und 40 % und zur Verbesserung der Qualitätsmerkmale von Mosten von bis zu 10 % im Vergleich zur ursprünglichen, nicht selektierten Rebsorte geführt.

Neben den oben beschriebenen phänotypischen Werten von Genotypen, die zur Vorhersage der jeweiligen genotypischen Werte verwendet werden, wird es in optimierten Kontexten möglich sein, Methoden einzusetzen, die zu genaueren Vorhersagen führen: die empirische beste lineare unverzerrte Vorhersage (Empirical Best Linear Unbiased Predictors, EBLUP) des genotypischen Werts. Diese Methoden beruhen auf Versuchen mit einer Versuchsanordnung in unvollständigen Blöcken, der



Anpassung der Daten an gemischte Modelle und der Schätzung der Varianzkomponenten anhand der beschränkten Methode der maximalen Wahrscheinlichkeit (REML).

Die oben genannten Methoden finden bei einem ersten umfangreichen Versuch Anwendung, der die Diversität der alten Zielsorte umfasst und bei dem eine Klengruppe ausgewählt werden soll, die in Bezug auf die angestrebten Merkmale einen deutlichen Gewinn darstellt. Wird diese Gruppe völlig gemischt gepflanzt, werden die GxE-Interaktionen verschiedener Klone gegenseitig aufgehoben, wie dies bei den Umweltabweichungen der Fall ist: Die GxE-Interaktion der Gruppe und die Umweltabweichung tendieren gegen Null. Diese Gruppe ist das Ergebnis einer polyklonalen Selektion und wird in verschiedenen Umgebungen ein stabiles Verhalten zeigen.

Bei dieser Methode werden Umweltabweichungen (E) und GxE-Interaktion gemeinsam behandelt, eine Trennung und Schätzung der jeweiligen Werte sind nicht erforderlich.

2. Historische Entwicklung der Selektionsverfahren für landwirtschaftliche Kulturen und Rebsorten

Der Ursprung der Pflanzenverbesserung reicht bis in die erste Hälfte des 19. Jahrhunderts zurück. Zu dieser Zeit wurden mehrere Hybridisierungen (Gemüse, Getreide, Obstbäume usw.) mit dem Ziel vorgenommen, Nachkommen zu erhalten, die für die Landwirte bessere Ergebnisse liefern. Es war eine sehr produktive Zeit, und es gab noch kein genetisches Grundwissen. Erste Hinweise gab es, als Mendel seine Arbeit über die Erbsenpflanze veröffentlichte (11), die aber von der breiteren wissenschaftlichen Gemeinschaft erst Anfang der 1900er Jahre akzeptiert wurde, als sein Werk wiederentdeckt wurde.

Im letzten Viertel des 19. Jahrhunderts fanden die Techniken zur genetischen Verbesserung durch Hybridisierung auch bei Reben allmählich Anwendung (durch Kreuzung von *Vitis vinifera* mit amerikanischen Vitis-Arten). Diese waren sehr erfolgreich und zeigten bei der Bewältigung der Krise, die infolge schwerer Krankheiten wie Falscher Mehltau, Echter Mehltau und Phylloxera entstand und den Europäischen Weinbau an den Rand des Abgrunds trieb, große Wirkung. Aus derselben Zeit stammen auch die ersten Arbeiten über die Massen- und Klonselktion alter Sorten, vor allem in Deutschland.

Trotz dieser historischen Meilensteine wurde die Pflanzenverbesserung als Wissenschaft und in der Praxis erst ab 1920 bekannt. Diese späte Entwicklung ist darauf zurückzuführen, dass fast alle relevanten Pflanzenmerkmale (und auch Tiermerkmale) meist quantitativ sind, so dass ihre Vererblichkeit durch die Mendelschen Regeln nicht vollständig erklärbar ist. Doch auch in den 1920er Jahren entwickelte sich ein geeignetes Fachgebiet und ermöglichte ein besseres Verständnis: die Biostatistik, auch bekannt als quantitative Genetik.

Ein berühmter Pionier dieser Entwicklung war Ronald Fisher, ein Forscher im Bereich der Pflanzenverbesserung und Selektion, der mit methodischen Unzulänglichkeiten bei der Untersuchung großer Datensätze kämpfte, über die er an der Rothamsted Experimental Station in England verfügte. Fishers Fundamentalsatz der natürlichen Auslese besagt, dass „*die Steigerungsrate der Tauglichkeit eines Organismus jeder Zeit der genetischen Varianz entspricht, die die Tauglichkeit zu dieser Zeit aufweist*“ (12). Der Ursprung der quantitativen Genetik und anderer wichtiger statistischer Wissenschaftszweige (Varianzanalyse, Regression und andere) geht auf Bedürfnisse zurück, die zuerst im Bereich der Pflanzenverbesserung ermittelt wurden. Nachdem die Pflanzenverbesserung formalisiert und strukturiert worden war, erhielt sie durch die Anwendung mehrerer methodischer Innovationen natürlich einen großen Auftrieb.



Aufgrund dieses Aufschwungs ging die Entwicklung ab 1930 schnell voran. Größere sichtbare Erfolge die in den USA und anderen Ländern erzielt wurden, war die Verbesserung von Getreide und Pflanzen durch Untersuchungen der Wüchsigkeit von Hybriden, die vom CIMMYT (International Maize and Wheat Improvement Center¹) durchgeführt wurden und es ermöglichten, den Hunger von Millionen von Menschen auf der ganzen Welt einzudämmen.

In jüngerer Zeit wurde die Pflanzenverbesserung von mehreren Autoren (3) als die Technologie angesehen, die in den letzten 100 Jahren für die Hälfte der großen Ertrags- und Qualitätssteigerungen der wichtigen Kulturen in den USA und der Welt verantwortlich war. Diese Steigerungen sind genauso hoch wie die, die durch alle anderen Anbautechniken zusammen erzielt werden. Um gentechnisch verbesserte Sorten zu erhalten, werden heute mehrere leistungsfähige Methoden angewendet, von denen die folgenden zu nennen sind: kommerzielle Hybride (Ausnutzung der Vitalität von gekreuzten Pflanzen wie Mais); reine Abstammungen (homozygotische, selbstbefruchtende Pflanzen wie Weizen), natürlich bestäubte Sorten (heterogene durch Massenselektion gewonnene Sorten wie z.B. gekreuzte im Wald vorkommende Sorten), Klone (die homogensten Sorten, die für vegetativ vermehrte Pflanzen verwendet werden).

Was die Pflanzenverbesserung betrifft, ist die Weinrebe (*Vitis vinifera*) ein besonderer Fall, da das Konzept der Weinqualität viele historische und psychologische Faktoren umfasst, die dazu führen, dass alte Sorten natürlichen Ursprungs bevorzugt werden. Verbesserungstechniken, die die Schaffung einer neuen Variabilität (Hybridisierung und andere) beinhalten, kämpfen in Wirklichkeit um Akzeptanz. Die Massen- und Klonselktion beruht jedoch auf einer natürlichen intravarietalen Variabilität, weist keine Gegenanzeigen auf und sollte daher konsequent angewendet werden.

Die erste Voraussetzung für die Massen- und Klonselktion der Rebe ist das Vorhandensein der intravarietalen Diversität und das Verständnis ihres Ausmaßes, der geographischen Verteilung, der betroffenen Merkmale, usw. Der erste Ansatz wurde in den 1930er Jahren in Deutschland und den USA verfolgt, jedoch mit Ergebnissen, die mit dem Vorhandensein der intravarietalen Variabilität offenbar nicht im Einklang standen: Variabilität wurde in traditionellen deutschen Sorten vorgefunden, nicht aber in Sorten, die in den USA angebaut wurden (weitere Informationen siehe (13) (14) (15)). In den 1950er Jahren legte Levadoux (Frankreich) diese inkohärenten Beobachtungen neu aus und führte an, dass die intravarietale Diversität in Deutschland auf die Abstammung zurückzuführen sei, während die geringere Diversität in den USA darauf hinweise, dass Pflanzen dort (nach Selektion einiger Sortenakzessionen) aus Europa eingeführt wurden und nur einen Teil der Gesamtdiversität aufweisen (16). Diese Studien wurden jedoch nicht fortgesetzt, um den Ursprung der Vielfalt, ihre objektive Quantifizierung, geographische Verteilung und Rolle als Faktor für den genetischen Gewinn zu klären, der von der Selektion erwartet wird.

Der zweite Faktor des genetischen Gewinns, die Heritabilität im weiteren Sinne, die aus der Trennung der Gesamtvarianz der genetischen (vererbaren) von (nicht vererbaren) Umweltkomponenten resultiert, wurde nicht vollständig für die Anwendung im Rahmen der Rebenselektion untersucht. Rives (Frankreich) nahm eine rigorose Synthese der genetischen Grundlagen für eine moderne und effiziente Selektion vor, seine Vorschläge fanden jedoch keine breite Anwendung (1).

Dennoch sind einige Ausnahmen (3) zu nennen, wie die Angleichung der Verfahren der Rebenselektion an Standards der Pflanzenverbesserung, die für Sorten von landwirtschaftlichem Interesse vorgenommen wurde.

¹ <http://www.cimmyt.org/>



So bilden langjährige belegte Theorien der Statistik und quantitativen Genetik, mehrere Referenzwerke im Bereich der Pflanzenverbesserung aus verschiedenen Orten der Welt und solide, dokumentierte Anwendungserfahrungen die Grundlage der in diesem Dokument vorgeschlagenen Methode.

3. Derzeitige Situation und Risiken der genetischen Ressourcen von *Vitis vinifera*

Alte Rebsorten waren ursprünglich ein homogener Genotyp, die begannen, Diversität zu schaffen und zu kumulieren, die hauptsächlich auf somatische Mutationen quantitativer Merkmale zurückzuführen war. In der Vergangenheit wurden die meisten Pflanzen ungeschlechtlich vermehrt. Nach dem Absterben der Pflanzen waren ihre Gene daher nicht verloren, sondern sie wurden auf neue Pflanzen übertragen, durch die es zu weiteren Mutationen kam. Dieser Prozess setzte sich über Generationen fort.

Der Prozess, der über Jahrtausende andauerte, hat die außergewöhnliche Vielfalt hervorgebracht, die wir heute bei vielen alten Sorten beobachten können. Er wurde jedoch eingeschränkt, als neue Rebflächen mit kommerziell gepfropften Pflanzen aus einer begrenzten Anzahl spezialisierter Rebflächen (Verwendung für die Vermehrung) bepflanzt wurden. Das bedeutet, dass alle Pflanzen der alten Sorte weiterhin angebaut werden und Mutationen kumulieren, diese werden jedoch nicht mehr auf Pflanzen in neuen Weinbergen übertragen: der Prozess, durch den die geschaffene Variabilität in jedem Jahr kumuliert und übertragen wurde, wurde abgeschwächt.

Dieses Problem hat sich durch die allgemeine Ausweitung der Sortenselektion noch verschärft, insbesondere bei einer engen Selektion (Anbau von wenigen selektierten Genotypen).

Diese Situation führt unweigerlich zu einer Homogenisierung aller Rebflächen und zu einem „genetischen Einfrieren“ der Rebsorten, was letztlich zu einer mittel- oder kurzfristigen Erschöpfung der Selektionsmöglichkeiten führt, sofern bei der klassischen Klonselktion nicht ein schwacher Selektionsdruck vorliegt, der zur Selektion vieler Klone führt. Der Zeitpunkt des Erlöschens der intravarietalen Diversität in den einzelnen Ländern hängt im Wesentlichen von den Arbeiten zur öffentlichen und privaten Klonselktion ab, die in den 1970er Jahren aufgenommen wurden, und davon ab, wann mit der Verwendung tischveredelter Reben begonnen wurde, sowie vom Rhythmus der Renovierung älterer Rebflächen. In Eurasien, wo die *Vitis vinifera*-Arten eine größere Vielfalt aufweisen, haben einige Länder möglicherweise bereits den größten Teil ihrer ursprünglichen Vielfalt verloren, während andere Länder möglicherweise noch rechtzeitig Erhaltungsstrategien organisieren können.

Alternativen zur Erhaltung sind rar: Eine breit angelegte On-farm Erhaltung der Kulturen ist wenig praktikabel, da sie den Anbau extrem heterogener Pflanzen erfordert, was mit einem modernen und wettbewerbsfähigen Weinbau schwer vereinbar ist. Nur die Erhaltung in dazu bestimmten Weinbergen unter Verwendung von Proben, die für die Vielfalt der einzelnen Sorten repräsentativ sind, bietet die Möglichkeit, die Erosion durch klassische Klonselktion zu verhindern.

Einige Länder haben bereits eine Theorie entwickelt, um diese Art der Erhaltung zu lenken. Um repräsentativ zu sein, sollte die Probe mindestens 70 oder mehr Genotypen für jede Region, in der die alte Sorte angebaut wird, aufweisen, und mehrere Hundert, wenn eine alte Sorte lange Zeit in mehreren Regionen verschiedener Länder angebaut wurde. Die Erhaltung sollte redundant ausgelegt sein, vorzugsweise auf der Grundlage einer ausschließlich für die Erhaltung bestimmten Sammlung (z.B. in Pflanztöpfen) und einer weiteren Sammlung in einem im Ertrag stehenden Weinberg unter Anwendung üblicher Anbaumethoden, um alle Genotypen der Probe zu erhalten und zu bewerten.

Erhaltung ist eine experimentelle Maßnahme, die viele Wechselwirkungen mit der Selektion aufweist. Zum einen können die für beide Ziele zu untersuchenden Genotypen weitgehend dieselben sein. Zum



anderen kann die Bewertung erhaltener Klone als Pool für die Selektion genutzt werden, und umgekehrt können Selektionsversuche als Erhaltungsstrukturen genutzt werden.

Die Erhaltung der intravarietalen Diversität ist heute daher eine vorrangige Maßnahme, um die Kontinuität der Selektionsbemühungen und die damit verbundenen hohen genetischen und wirtschaftlichen Vorteile sicherzustellen.



ANHANG III: LITERATURVERZEICHNIS

- (1) Rives M. (1971) Génétique et amélioration de la vigne. In: Ribereau-Gayon J, Peynaud E (eds) *Traité d'ampélogie, Sciences et Techniques de la Vigne*. Dunod, Paris, pp.171-219.
- (2) Gonçalves, E. and Martins, A. (2012) *Genetic variability evaluation and selection in ancient grapevine varieties*, 333-352, In: Abdurakhmonov IY (ed) *Plant Breeding*, Intech. http://cdn.intechopen.com/pdfs/25564/InTech-Genetic_variability_evaluation_and_selection_in_ancient_grapevine_varieties.pdf
- (3) Martins, A., Gonçalves, E. (2015) *Grapevine breeding programs in Portugal*. In: Reynolds, A. (ed.) *Grapevine breeding programs for wine industry*, Woodhead Publishing. Partially available in https://books.google.pt/books?id=LNfzAwAAQBAJ&pg=PA159&lpg=PA159&dq=martins+gon%C3%A7alves+Grapevine+breeding+diversity&source=bl&ots=WMs4xnhrsA&sig=H2gnTYEPn_1vqWTWW6H8M_wN_uE&hl=pt-PT&sa=X&ved=0CC4Q6AEwAWoVChMInpjK0J-XyAIVAX4aCh0n7wi8#v=onepage&q=martins%20gon%C3%A7alves%20Grapevine%20breeding%20diversity&f=false
- (4) OIV (2017) Resolution VITI 564A-2017 "OIV-Verfahren zur polyklonalen Selektion von Reben"
- (5) Mood, A.M. & Graybill, F.A. (1963). *Introduction to the Theory of Statistics*. McGraw-Hill, New York.
- (6) Lynch, M., Walsh, B. (1997) - *Genetics and Analysis of Quantitative Traits*. Sinauer Associates, Inc. Publishers.
- (7) Chase, W. & Brown, F. (1997) *General Statistics* (3th ed.). J. Willey, New York.
- (8) Conner JK, Hartl DL (2004). *A Primer of Ecological Genetics*. Sinauer Associates Inc., Sunderland, MA.
- (9) Falconer, D. & Mackay, T. (1996). *An introduction to quantitative genetics*. 4th edn. Prentice Hall, ISBN 0582-24302-5, London.
- (10) Bowman J.C. (1972) Genotype x environment interaction. *Ann. Genet. Sel. Anim.* 4: 117-123
- (11) Mendel, J.G. (1866). "Versuche über Pflanzenhybriden", *Verhandlungen des naturforschenden Vereines in Brünn*, Bd. IV für das Jahr, 1865, *Abhandlungen*: 3–47
- (12) Fisher, R.A. (1930) *The Genetical Theory of Natural Selection*, Clarendon Press, Oxford
- (13) Sartorius, O. (1926). Zur Rebenselektion unter besonderer Berücksichtigung der Methodik und der Ziele auf Grund von 6–14 jährigen Beobachtungen an einem Klon. *Z für Pflanzenz*, 11, 31-74.
- (14) Sartorius, O. (1928). Über die wissenschaftlichen Grundlagen der Rebenselektion in reinen Beständen. *Z für Pflanzenz*, 13, 79-86.
- (15) Bioletti, F. T. (1926). *Selection of planting stock for vineyards*. University of Calif..
- (16) Levadoux, L. (1951) *L'hybridation et la sélection chez la vigne*. (Vol. 23). Déhan.