

Von der *ex-situ* Erhaltung bis zur Nutzung in der nachhaltigen Landwirtschaft: Das Beispiel der Europäischen Wildrebe

Einleitung

Das rasante Artensterben wird in der Öffentlichkeit zumeist aus naturschützerischer oder ethischer Sicht diskutiert. Unbemerkt bleibt häufig auch der damit einhergehende Verlust wertvoller genetischer Ressourcen. Bei der Domestizierung von Nutzpflanzen gingen viele Eigenschaften verloren, die für das Überleben in freier Wildbahn wichtig waren – vor allem die Widerstandsfähigkeit gegen abiotische und biotische Stressfaktoren. Inzwischen sind aber gerade diese natürlichen Resistenzen wieder ins Zentrum der züchterischen Aufmerksamkeit gerückt. Vor allem bei Gattungen mit hohem Hybridisierungspotential kann man solche Wildpflanzen-merkmale in Kultursorten einkreuzen. In Kombination mit dem rasanten Fortschritt der molekularen Pflanzenbiologie lässt sich klassische Züchtung mit PCR-gestützter Segregationsanalyse molekularer Marker kombinieren, wodurch die Zeit bis zum Erreichen des Züchtungsziels drastisch verkürzt werden kann (sogenanntes *molecular-trait assisted breeding*).

Am Beispiel der Europäischen Wildrebe (*Vitis vinifera ssp. silvestris*), der Stamm-Mutter unserer Kulturrebe, wird im Botanischen Garten des Karlsruher Instituts für Technologie (KIT) exemplarisch untersucht und entwickelt, wie solche genetischen Ressourcen nutzbar gemacht werden können. Dieses Projekt entstand zunächst aus einem klassischen Erhaltungsprojekt, wobei die größte in Deutschland noch vorhandene autochthone Wildreben-Population vegetativ im Botanischen Garten des KIT vermehrt und danach wieder an geeigneten Standorten wieder ausgebracht wird. Begleitend durchgeführte wissenschaftliche Untersuchungen dieser Wildrebenpopulationen förderten dann eine überraschend hohe Resistenz gegen Pilzkrankheiten zutage. Diese werden nun für die Resistenzzüchtung zugänglich gemacht.

Die Europäische Wildrebe ist eine hochbedrohte Art, die bei uns nur noch in Restbeständen in den Rheinauen vorkommt. Bedrohte Verwandte von Kulturarten wie die Europäische Wildrebe werden jedoch nicht nur durch genetische Erosion bedroht, sondern auch durch die Bastardisierung mit der zugehörigen Kulturart, die ja zumeist im selben Areal vorkommt und ähnliche ökologische Ansprüche hat. Es genügt hier also nicht, die bedrohte Art *ex situ* oder *in situ* zu erhalten, man muss auch mögliche Bastardisierungen erkennen und darauf reagieren.

Material und Methoden

In der Wildrebensammlung des Botanischen Gartens des KIT wurde über Steckhölzer eine fast vollständige genetische Kopie der in Deutschland noch vorhandenen genetischen Diversität der Europäischen Wildrebe erstellt. Mithilfe hochauflösender molekulargenetischer Marker wurde diese Population hinsichtlich ihrer Verwandtschaft und einer möglichen Introgression durch andere *Vitis*-Arten detailliert untersucht. Da das Genom der Weinrebe in hoher Qualität entschlüsselt wurde, stehen zur feineren

Unterscheidung von Populationen zahlreiche Mikrosatelliten zur Verfügung. Aus dieser Kollektion wurden 8 hochauflösende SSR-Marker ausgewählt und zur genetischen Charakterisierung der Wildrebenpopulation eingesetzt.

Die Molekulargenetik wurde von einer detaillierten phänotypischen Analyse begleitet: Feinstruktur, Größe und Dichte von Spaltöffnungen, Oberflächenstrukturen und Anatomie der Blätter, Behaarungen, Blattform und viele weitere Merkmale wurden erfasst, quantifiziert und in einer Datenbank abgelegt. Diese Daten hinsichtlich ihrer Konstanz bezüglich Entwicklung und verschiedenen Umweltfaktoren untersucht. Gleichzeitig wurden diese Genotypen systematisch auf mögliche Resistenzen gegen den Falschen Mehltau (*Plasmopara viticola*), den Echten Mehltau (*Erysiphe necator*) und die Schwarzfäule (*Guignardia bidwellii*) untersucht. Diese Daten wurden in einer Datenbank zusammengeführt und miteinander in Beziehung gesetzt. Dies erlaubt es, Prädiktoren für die Resistenz zu definieren.

Ergebnisse und Diskussion

Aufbau einer ex-situ Sammlung für die Europäische Wildrebe. Es wurde eine genetisch, physiologisch und morphologisch detailliert charakterisierte Sammlung der Europäischen Wildrebe aufgebaut. Momentan sind über 107 Genotypen in der Sammlung repräsentiert, der Großteil von der Halbinsel Ketsch, daneben noch einzelne Wildreben von den sporadischen Oberrhein-Vorkommen außerhalb Ketsch, den Donau-Auen nahe Wien und dem Kaukasus.

Populationsgenetik und Introgression. Die genetische Struktur dieser Kollektion wurde mithilfe von 8 sogenannten SSR-Markern analysiert und mit den regional gängigen Kultursorten, aber auch außereuropäischen Wildreben (die bei der zur Reblauskontrolle praktizierten Pfropfung zum Einsatz kommen) verglichen, um festzustellen, ob eine Vermischung (sogenannte Introgression) der Wildpopulation durch Kulturreben stattgefunden hat. Mithilfe einer populationsgenetische Analyse über *Bayesian Clustering* konnten mehrere Introgressionseignisse identifiziert werden. Entgegen der Erwartung handelt es sich hier nicht um Introgressionen durch die in der Region gängigen Kultursorten, sondern durch Allele, die aus amerikanische Wildreben stammen und vermutlich auf Unterlagsreben zurückgehen, wie sie zur Eindämmung der Reblaus bei Pfropfungen eingesetzt werden. Solche Unterlagsreben „entweichen“ häufig aus offengelassenen Rebanlagen oder infolge von starken Regenfällen, werden beispielsweise an Uferbänken angetrieben und besitzen ein hohes Invasivitätspotential (Arrigo und Arnold 2007).

Reichweite des natürlichen Genflusses. Da für alle autochthonen Wildreben von der Halbinsel Ketsch die genaue geographische Position über GPS eingemessen wurde, liessen sich nun die Beziehungen zwischen genetischer und geographischer Nähe untersuchen. Dabei zeigte sich, dass die genetische Verwandtschaft etwa alle 20 m um die Hälfte absinkt. Dies gibt also einen Schätzwert für den Genfluss durch Pollen der männlichen Pflanzen – der Pollen von den im Auwald lebenden Wildreben wird vor allem durch Insekten, wohl weniger durch Wind, verbreitet. Hingegen führt die Verschleppung der Beeren durch Vögel zu einer guten Durchmischung der

Wildpopulation, so dass oberhalb einer Distanz von etwa 70 m keine signifikante Korrelation mehr feststellbar war.

Die Europäischen Wildrebe als genetische Resource. In Zusammenarbeit mit der Abteilung Phytomedizin des Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum Rheinland-Pfalz wurden die Wildreben von der Halbinsel Ketsch auf mögliche Resistenzen gegenüber dem Echten Mehltau (*Erysiphe necator*), dem Falschen Mehltau (*Plasmopara viticola*) und der Schwarzfäule (*Guignardia bidwellii*) quantitativ untersucht und mit den Sorten ‚Riesling‘, ‚Müller-Thurgau‘ und ‚Regent‘ verglichen. Erwartungsgemäß waren ‚Riesling‘ und ‚Müller-Thurgau‘ gegenüber dem Echten und dem Falschen Mehltau sehr anfällig, während die pilzresistente Sorte ‚Regent‘ eine starke Resistenz aufwies. Überraschenderweise zeigten sich in einigen Wildreben-Genotypen Resistenzen, die in ihrem Niveau mit dem der pilzresistenten Sorte Regent vergleichbar waren. Noch vielversprechender fielen die Tests auf Schwarzfäule-Resistenz aus. Während alle Kultursorten (‚Riesling‘, ‚Müller-Thurgau‘, aber auch ‚Regent‘) gegenüber der Schwarzfäule stark anfällig waren, waren einzelne Wildreben aus Ketsch stark resistent.

Resistenzprädiktoren. Die derzeit vor allem im ökologischen Weinbau eingesetzten PiWi-Reben sind durch einen langen Züchtungsweg unter Nutzung amerikanischer Wildreben entwickelt worden. Man vermutet hier eine rezeptorvermittelte Immunität als Ursache der Resistenz. Da diese Form von Immunität eine Koevolution von Pathogen und Wirtspflanze voraussetzt, müssen die beobachteten Resistenzen der Wildrebe eine andere Ursache haben. Daher wurde die Wildrebenpopulation ausführlich und detailliert morphologisch und feinstrukturell charakterisiert, um Prädiktoren für eine Resistenz definieren zu können. Für den Falschen Mehltau konnten schon Stomatadichte und Cuticularleisten (Jürges et al. 2009) an der Innenseite der Stomata als Prädiktoren definiert werden.

Die Erhaltung der Europäischen Wildrebe ist also nicht nur vom Standpunkt des Artenschutzes her dringend geboten. Diese Wildverwandte einer Kulturpflanze stellt auch ein wertvolles genetisches Reservoir für die Resistenzzüchtung dar. An diesem Beispiel zeigt sich deutlich dass die Erhaltung und Untersuchung von Wildpflanzen mit Nutzungspotential strategische Bedeutung hat.

Danksagung

Förderung im Rahmen der Projekte „Überlebenssicherung der Wildrebe in den Rheinauen durch gezieltes In situ-Management“ (BLE, 06BM001) und „Nutzung genetischer Ressourcen der Europäischen Wildrebe für die Züchtung von Mehltau- und Schwarzfäule-resistenten Reben“ (BÖLN,2810OE067).

Literatur

- Arrigo, N., Arnold, C. (2007) Naturalised *Vitis* Rootstocks in Europe and Consequences to Native Wild Grapevine. PLoS One 6, e521
- Jürges, G., Kassemeyer, H.H., Dürrenberger, M., Düggelein, M., Nick, P. (2009) The mode of interaction between *Vitis* and *Plasmopara viticola* Berk. & Curt. Ex de Bary depends on the host species. Plant Biol. 11, 886-89