

Franziska Braun
Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof

Identifikation von
„Qualitäts“-Chromosomen
in *Vitis* zur Frühdiagnose
von Weinqualität



Dissertationen aus dem Julius Kühn-Institut

Kontakt/Contact:
Franziska Braun
Trifelsstr. 15
76855 Annweiler

Die Schriftenreihe „Dissertationen aus dem Julius Kühn-Institut“ veröffentlicht Doktorarbeiten, die in enger Zusammenarbeit mit Universitäten an Instituten des Julius Kühn-Instituts entstanden sind.

The publication series „Dissertationen aus dem Julius Kühn-Institut“ publishes doctoral dissertations originating from research doctorates and completed at the Julius Kühn-Institut (JKI) either in close collaboration with universities or as an outstanding independent work in the JKI research fields.

Der Vertrieb dieser Monographien erfolgt über den Buchhandel (Nachweis im Verzeichnis lieferbarer Bücher - VLB) und OPEN ACCESS im Internetangebot www.julius-kuehn.de Bereich Veröffentlichungen.

The monographs are distributed through the book trade (listed in German Books in Print - VLB) and OPEN ACCESS through the JKI website www.julius-kuehn.de (see Publications).

Wir unterstützen den offenen Zugang zu wissenschaftlichem Wissen.
Die Dissertationen aus dem Julius Kühn-Institut erscheinen daher OPEN ACCESS.
Alle Ausgaben stehen kostenfrei im Internet zur Verfügung:
<http://www.julius-kuehn.de> Bereich Veröffentlichungen.

We advocate open access to scientific knowledge. Dissertations from the Julius Kühn-Institut are therefore published open access. All issues are available free of charge under <http://www.julius-kuehn.de> (see Publications).

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation
In der Deutschen Nationalbibliografie: detaillierte bibliografische
Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

Bibliographic information published by the Deutsche Nationalbibliothek (German National Library)

The Deutsche Nationalbibliothek lists this publication in the Deutsche Nationalbibliografie; detailed bibliographic data are available in the Internet at <http://dnb.dnb.de>.

ISBN 978-3-95547-052-4
DOI 10.5073/dissjki.2017.008

Herausgeber / Editor

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Quedlinburg, Deutschland
Julius Kühn-Institut, Federal Research Centre for Cultivated Plants, Quedlinburg, Germany



Dieses Werk ist lizenziert unter einer [Creative Commons – Namensnennung – Weitergabe unter gleichen Bedingungen – 4.0 Lizenz](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/).

This work is licensed under a [Creative Commons – Attribution – ShareAlike – 4.0 license](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/).

Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung I

Professur für Pflanzenzüchtung der

Justus-Liebig-Universität Gießen

Identifikation von „Qualitäts“-Chromosomen in *Vitis*
zur Frühdiagnose von Weinqualität

INAUGURAL-DISSERTATION

Zur Erlangung des Doktorgrades (Dr. agr.)

im Fachbereich Agrarwissenschaften, Ökotoxikologie und Umweltmanagement
der Justus-Liebig-Universität Gießen

vorgelegt von

Franziska Braun, M. Sc. BioSciences

aus Annweiler am Trifels

Gießen, 2017

Mit Genehmigung des Fachbereichs Agrarwissenschaften,
Ökotrophologie und Umweltmanagement der
Justus-Liebig-Universität Gießen

Prüfungskommission:

Vorsitzende: Prof. Lühken

1. Gutachter: Prof. Snowdon

2. Gutachter: Prof. Töpfer

Prüfer: Prof. Frisch

Prüfer: Prof. Rühl

Tag der Disputation: 02. Juni 2017

Erklärung gemäß der Promotionsordnung des Fachbereichs 09 vom
07. Juli 2004 § 17 (2)

„Ich erkläre: Ich habe die vorgelegte Dissertation selbstständig und ohne unerlaubte fremde Hilfe und nur mit den Hilfen angefertigt, die ich in der Dissertation angegeben habe. Alle Textstelle, die wörtlich oder sinngemäß aus veröffentlichten Schriften entnommen sind, und alle Angaben, die auf mündlichen Auskünften beruhen, sind als solche kenntlich gemacht. Bei den von mir durchgeführten und in der Dissertation erwähnten Untersuchungen habe ich die Grundsätze guter wissenschaftlicher Praxis, wie sie in der „Satzung der Justus-Liebig-Universität Gießen zur Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis“ niedergelegt sind, eingehalten.“

Inhaltsverzeichnis

I. Lebenslauf.....	v
II. Abkürzungsverzeichnis	xi
III. Zusammenfassung	xii
IV. Summary	xiii
1. Einleitung.....	1
1.1. Geschichte der Rebenzüchtung.....	1
1.2. Qualitätsparameter in der Züchtung.....	4
1.3. Aromen in nordamerikanischen Wildarten und Nachkommen.....	6
1.4. Methoden zur Objektivierung der Aromenwahrnehmung.....	8
1.5. Fragestellungen und Untersuchungshergang.....	9
2. Material und Methoden	11
2.1. Material.....	11
2.1.1. Hinweise zum Pflanzenmaterial.....	11
2.1.2. Untersuchtes Pflanzenmaterial.....	11
2.1.3. Physikalische und chemische Analysemethoden	17
2.1.4. Untersuchung der Reifeabhängigkeit von Beereninhaltsstoffen	18
2.1.5. Statistik, genetische Untersuchungen und QTL-Kartierung.....	18
2.2. Methoden.....	20
2.2.1. Boniturparameter	20
2.2.2. Physikalische und chemische Analysemethoden	20
2.2.3. Untersuchung der Reifeabhängigkeit von Beereninhaltsstoffen	22
2.2.4. Sensorische Untersuchungen mittels Triangeltest.....	23
2.2.5. Organoleptische Untersuchungen	23
2.2.6. Statistik, genetische Untersuchungen und QTL-Kartierung.....	24
3. Ergebnisse.....	26
3.1. Methodenetablierung „Furaneolanalyse“	26
3.2. Methodenentwicklung „Nachweis der Reifeabhängigkeit des Furaneols“	29
3.3. Wahrnehmungsschwelle von Furaneol in Wein (Triangeltest).....	31
3.4. „Fehlaromen“ in Nachkommen von <i>Vitis riparia</i> und <i>Vitis cinerea</i>	32
3.5. Der „Foxton“ in der Population `Blaufränkisch´ x `Catawba´	39
3.6. QTL-Analysen in der Population `Blaufränkisch´ x `Catawba´	42
3.6.1. Furaneol	42
3.6.2. Methylantranilat	43
3.6.3. „Slip skin“	46
3.6.4. Phänologische Merkmale	48
3.7. Abstammung von `Catawba´ und markergestützte Selektion	50
3.8. Der „Foxton“ in anderen Wildarthybriden.....	53

4. Diskussion.....	58
4.1. Methodenentwicklung und Nebenversuche zu Furaneol	58
4.2. Aromastoffe in <i>Vitis riparia</i> und <i>Vitis cinerea</i>	63
4.3. QTL-Analysen in der Population `Blaufränkisch´ x `Catawba´	66
4.3.1. Furaneol	67
4.3.2. Methylantranilat	67
4.3.3. Weitere Merkmale	68
4.4. Abstammung von `Catawba´ und `Concord´	69
4.5. Die Genetik der Methylantranilatproduktion	71
5. Ausblick.....	73
6. Literaturverzeichnis.....	75
7. Anhang	86

Diese Arbeit wurde am Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof durchgeführt. Das Projekt „Identifikation von „Qualitäts“-Chromosomen in *Vitis* zur Frühdiagnose von Weinqualität“ wurde vom Forschungsring des Deutschen Weinbaus (FDW) finanziell unterstützt.

**Der Lebenslauf wurde aus der elektronischen
Version der Arbeit entfernt.**

**The curriculum vitae was removed from the
electronic version of the paper.**

Publikationen in Peer-Review Zeitschriften

F. Huber, F. Röckel, F. Schwander, E. Maul, R. Eibach, P. Cousins, R. Töpfer (2016) A View into American Grapevine History: *Vitis vinifera* cv. 'Sémillon' is an Ancestor of 'Catawba' and 'Concord'. *Vitis: Journal of Grapevine Research* **55**: 53-56.

F. Huber, M. Simon, R. Eibach, R. Töpfer, R. Waldhardt (2016) BioAgBal-Workshop für Ökotoxikologie, Landschaftsökologie und Weinbau in Albanien. *Journal für Kulturpflanzen*, **68**: 75 - 77.

F. Huber (2014) Workshop für Weinbau, Pflanzenzüchtung und -genetik in Priština, Kosovo. *Journal für Kulturpflanzen*, **66(12)**: 427 - 429.

Publikationen in Fachzeitschriften

F. Braun (2017): Off-flavors in the North American Species *Vitis riparia*, *Vitis cinerea* and *Vitis labrusca*. In: Book of Abstracts, 52th Croatian and 12th International Symposium on Agriculture. Zagreb, *angenommen*.

F. Braun, F. Schwander, R. Eibach, R. Töpfer (2016) Etablierung des sensorischen Triangeltests zur Bestimmung der Wahrnehmungsschwelle von Aromen. *Geilweilerhof aktuell*, **44(1)**: 16 - 20.

F. Huber, F. Schwander, R. Eibach, R. Töpfer (2016) Identifizierung von „Qualitäts“-Chromosomen in *Vitis* zur Frühdiagnose von Weinqualität: Der Gehalt des unerwünschten *V. labrusca*-typischen Erdbeeraromas Furaneol steigt mit der Beerenreife. *Jahresbericht 2015 des Forschungsrings des deutschen Weinbaus (FDW)*, herausgegeben von der DLG e. V, *angenommen*.

F. Huber, R. Eibach, M. Drenjančević, F. Schwander, R. Töpfer (2016): A simple method to investigate the impact of the maturity level on berry constituents. In: Book of Abstracts, 51th Croatian and 11th International Symposium on Agriculture. Zagreb.

F. Huber, F. Röckel; M. Drenjančević, E. Maul, F. Schwander, R. Eibach, R. Töpfer (2015): Ampelographic, molecular and analytical characterization of Varieties derived from 'Catawba' and 'Concord'. In: Pospišil, M. (ed.): Book of Abstracts, 50th Croatian and 10th International Symposium on Agriculture. Zagreb.

F. Huber, M. Drenjančević, F. Schwander, F. Röckel, R. Eibach, E. Maul, R. Töpfer (2015) Die Untersuchung ausgewählter Rebsorten mit Abstammung von der Nordamerikanischen Wildart *Vitis labrusca*. Geilweilerhof aktuell, 43(1): 9 - 16.

F. Huber, F. Schwander, F. Röckel, E. Maul, R. Eibach, R. Töpfer (2015) Die Abstammung von 'Catawba' - eine Detektivgeschichte im Weinberg. Geilweilerhof aktuell, 43(1): 9 - 16.

F. Huber, F. Schwander, R. Eibach, R. Töpfer (2015) Fehleraromen in der Nordamerikanischen Rebsorte *Vitis labrusca*: QTL-Kartierung des Aromastoffs „Methylantranilat“ in einer Kreuzungsnachkommenschaft von 'Lemberger' und 'Catawba'. Jahresbericht 2014 des Forschungsrings des deutschen Weinbaus (FDW), herausgegeben von der DLG e. V.

F. Huber, R. Eibach, F. Schwander, R. Töpfer (2014): Quality determining loci in grapevine: Siebentes Nachwuchswissenschaftlerforum 2014: 26. - 28. November in Quedlinburg; abstracts (Berichte aus dem Julius Kühn-Institut 177), Braunschweig; Ribbesbüttel, 10.

F. Huber (2014) Reise von Beijing nach Shanghai mit Fachexkursion zur Tafeltrauben-Produktion in China“ Geilweilerhof aktuell, 42(1-2): 67 - 72.

F. Huber (2014) Workshop für Weinbau, Pflanzenzüchtung und -genetik in Priština, Kosovo. Geilweilerhof aktuell, 42(1-2): 73 - 77.

F. Huber, R. Eibach, R. Töpfer (2014) Erste Ergebnisse zur Identifizierung der 'Catawba'-Elternschaft und zur genetischen Kartierung der Kreuzungsnachkommenschaft von 'Lemberger' x 'Catawba'. Jahresbericht 2013 des Forschungsrings des deutschen Weinbaus (FDW), herausgegeben von der DLG e. V.

F. Huber (2013) Auf der Suche nach Qualitäts-relevanten Regionen im Erbgut der Weinrebe zur Frühdiagnose von Weinqualität. Geilweilerhof aktuell, 41(2): 23 - 26.

Vorträge

F. Braun (02/2017) Off-flavors in the North American Species *Vitis riparia*, *Vitis cinerea* and *Vitis labrusca*. 52th Croatian and 12th International Symposium on Agriculture in Dubrovnik, Croatia, *angenommen*.

F. Braun (01/2017) New Insights into Off-flavors in Hybrids of *Vitis vinifera* and North American Wild Species for Grapevine Breeding. Plant Breeding Seminar an der JLU in Gießen, *angenommen*.

F. Braun, R. Eibach, F. Schwander, R. Töpfer (09/2016) The potential of wild grapevine species *Vitis riparia*, *V. cinerea* and *V. labrusca* for sustainable viticulture. 1st International Conference of the DAAD Biodiversity Network Project 'Agriculture and biodiversity on the Balkan Peninsula' in Priština, Kosovo.

F. Braun (07/2016) Identifikation von „Qualitäts“-Chromosomen in *Vitis* zur Frühdiagnose von Weinqualität Kolloquium Geilweilerhof in Siebeldingen.

F. Braun, R. Eibach, F. Schwander, R. Töpfer (04/2016) Fehleraromen in Nachkommen der Nordamerikanischen *Vitis*-Arten *V. labrusca*, *V. riparia* und *V. cinerea*. 56. Tagung des Forschungsrings des Deutschen Weinbaus (FDW) in Bad Kreuznach.

F. Huber, R. Eibach, F. Schwander, R. Töpfer (12/2015) Off-flavors in the North American Species *Vitis labrusca*, *V. riparia* and *V. cinerea*. BioAgBal-Workshop in Tirana, Albanien.

F. Huber, R. Eibach, F. Schwander, R. Töpfer (11/2015) Quality traits in descendants of the North American wild Grapevine Species *Vitis labrusca*, *Vitis riparia* and *Vitis cinerea*. Plant Breeding Seminar an der JLU in Gießen.

F. Huber, R. Eibach, F. Schwander, R. Töpfer (11/2015) Etablierung des Triangeltestes zur Untersuchung der Wahrnehmungsschwelle von Fehleraromen in Wein. Kolloquium Geilweilerhof in Siebeldingen.

F. Huber, R. Eibach, F. Schwander, R. Töpfer (04/2015) Qualitäts-korrelierende Chromosomen in der Weinrebe. 55. Tagung des Forschungsrings des Deutschen Weinbaus (FDW) in Oppenheim.

F. Huber, R. Eibach, F. Schwander, R. Töpfer (03/2015) Aromastoffe in Nachkommen von nordamerikanischen Wildreben. Kolloquium Geilweilerhof in Siebeldingen.

F. Huber, R. Eibach, F. Schwander, R. Töpfer (01/2015) Quality determining Loci in grapevine. Plant Breeding Seminar an der JLU in Gießen.

F. Huber, R. Eibach, F. Schwander, R. Töpfer (11/2014) Quality determining Loci in grapevine. 7. Nachwuchswissenschaftlerforum (NWF) in Quedlinburg.

F. Huber, R. Eibach, R. Töpfer (04/2014) Wie kommt die Erdbeere in den Wein? Projektvorstellung: Identifizierung von „Qualitäts“-Chromosomen in *Vitis* zur Frühdiagnose von Weinqualität. 54. Tagung des Forschungsrings des Deutschen Weinbaus (FDW) in Neustadt.

Posterbeiträge

F. Huber, R. Eibach, M. Drenjančević, F. Schwander, R. Töpfer (02/2016) A simple method to investigate the impact of the maturity level on berry constituents. 51th Croatian and 11th International Symposium on Agriculture in Opatija, Croatia.

F. Huber, R. Eibach, F. Schwander, R. Töpfer (10/2015) Genetic Background Selection in Grapevine Breeding exemplified by the Cross 'Blaufraenkisch' x 'Catawba'. 8. Nachwuchswissenschaftlerforum (NWF) in Quedlinburg.

F. Huber, F. Röckel, M. Drenjančević, E. Maul, F. Schwander, R. Eibach, R. Töpfer (02/2015) Ampelographic, molecular and analytical characterization of varieties derived from 'Catawba' and 'Concord'. 50th Croatian and 10th International Symposium on Agriculture in Opatija, Croatia.

F. Huber, R. Ipach, M. Hahn, A. Kortekamp (09/2014) Nachweis einer Strobilurin-Resistenz bei *Erysiphe necator*, dem Echten Mehltau der Weinrebe – Ist eine erfolgreiche Bekämpfung im Weinberg mit Strobilurinen noch möglich? 59. Deutsche Pflanzenschutztagung in Freiburg.

[REDACTED]

[REDACTED]

[REDACTED]

[REDACTED]

[REDACTED]

[REDACTED]

Tagungen und Workshops

09/2016 1st International Conference of the DAAD Biodiversity Network Project 'Agriculture and biodiversity on the Balkan Peninsula' in Priština, Kosovo.

02/2016 12. Pfälzer Beerenobsttag mit Fachinformationstagung zur Resistenzproblematik bei *Botrytis* im Beerenobstanbau (BLE-Projektabschluss) am DLR-RLP in Neustadt an der Weinstraße / Mußbach

- 12/2015 Workshop „Ökotoxikologie, Weinbau & Rebenzüchtung im Rahmen des DAAD-Projekts „Qualitätsnetz Biodiversität und Landwirtschaft auf dem Balkan (BioAgBal)“ der JLU Gießen in Tirana, Albanien.
- 09/2014 Workshop „Ökotoxikologie, Weinbau & Rebenzüchtung im Rahmen des DAAD-Projekts „Qualitätsnetz Biodiversität und Landwirtschaft auf dem Balkan (BioAgBal)“ der JLU Gießen in Priština, Kosovo.
- 07/2014 11th International Conference on Grapevine Breeding and Genetics in Beijing, China.
- 11/2013 6. Nachwuchswissenschaftlerforum (NWF) des JKI in Quedlinburg.
- 09/2013 Tagung der Arbeitsgruppe Obst, Gehölze, Reben der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung (GPZ) in Siebeldingen.

II. Abkürzungsverzeichnis

BBCH	Biologische Bundesanstalt, Bundessortenamt und Chemische Industrie (Biologische Bundesanstalt für Land und Forstwirtschaft, 2001)
BLAST	engl. „basic local alignment search tool“
c	engl. „concentration“ (Konzentration)
Chr	Chromosom
cM	Centimorgan (genetische Einheit für die Rekombinationsfrequenz)
FTIR	Fourier-Transform-Infrarotspektrometer
GC	Gaschromatographie
GC-O	engl. „gas chromatography olfactometry“
GF	Geilweilerhof
GS	Gesamtsäure
HPLC	engl. „high performance liquid chromatography“ (Hochleistungsflüssigkeitschromatographie)
IM	engl. „interval mapping“ (Intervallkartierung)
ZR	Institut für Rebenzüchtung (Geilweilerhof)
JKI	Julius Kühn-Institut
KG	Kopplungsgruppe, d. h. alle Loci auf demselben Chr (Klug <i>et al.</i> , 2007)
LG	engl. „Linkage Group“ (KG)
LOD	engl. „logarithm of the odds“
LOD _{max}	LOD-Wert Maximum einer KG
MG	Mostgewicht
MQM	engl. „multiple QTL mapping“ (multiple QTL-Kartierung) = „composite interval mapping“
MS	Massenspektrometer
MW	Mittelwert
°Oe	°Oechsle (Einheit des Mostgewichts, Dichtewert)
ODP	engl. „olfactory detection port“
OIV	franz. „organisation internationale de la vigne et du vin“ (Internationale Organisation für Rebe und Wein)
PCR	engl. „polymerase chain reaction“ (Polymerasekettenreaktion)
ppm	engl. „parts per million“ (Konzentrationseinheit, entspricht [mg/L])
QTL	engl. „quantitative trait locus“ (quantitativer Merkmalslocus)
rpm	engl. „rounds per minute“ (Umdrehungen pro Minute = [1/60 s])
SSR	engl. „simple sequence repeats“

III. Zusammenfassung

Im 19. Jh. wurden die heute im Weinbau wichtigsten Pathogene von Nordamerika nach Europa eingeschleppt. Zu ihrer Bekämpfung werden in der Rebenzüchtung amerikanische und asiatische Wildarten als Donoren für Resistenzen genutzt. Sie werden mit der europäischen Kulturrebe *Vitis vinifera* gekreuzt, um Resistenzen und hohe Qualität zu kombinieren. Die Rebenzüchtung wird erheblich durch die lange Generationsdauer, mehrere Kreuzungen mit wechselnden Qualitätssorten, sowie einer arbeitsaufwändigen Evaluierung limitiert. Neben zahlreichen unerwünschten Eigenschaften besitzen Wildarten häufig dominante „Fehlaromen“. Das bekannteste Beispiel ist der „Foxton“, der vor allem in der Art *Vitis labrusca* zu finden ist. Der „Foxton“ geht auf die Leitaromastoffe Furaneol und Methylantranilat zurück und ist sensorisch als eine Mischung zwischen „Erdbeer-“ und „Mottenkugelton“ wahrnehmbar.

Ausgewählte Hybriden und zwei Kreuzungsnachkommenschaften mit einer Abstammung von den nordamerikanischen Wildarten *Vitis riparia*, *Vitis cinerea* und *Vitis labrusca* wurden hinsichtlich ihrer „Fehlaromen“ untersucht. Dazu wurden die Trauben und Moste organoleptisch und analytisch untersucht. Mit den gewonnenen phäno- und genotypischen Daten wurden anschließend QTL-Analysen durchgeführt.

Die Untersuchungen zeigten, dass der „Foxton“ in den untersuchten Genotypen mit *Vitis riparia* und *Vitis cinerea* im Stammbaum nicht typisch war. Zur Identifizierung weiterer „Fehlaromen“ auslösender Inhaltsstoffe wurden gaschromatographische Analysen in Kombination mit einer olfaktorischen Detektionsschnittstelle durchgeführt. Dabei wurden intensive vegetative Aromen identifiziert, die hauptsächlich Substanzen aus der Stoffgruppe der Methoxy-pyrazine zugeordnet werden konnten.

Um die vermutete Reifeabhängigkeit der Furaneolbildung experimentell zu bestätigen, wurde eine Methode zur Reifebeschleunigung im Feld etabliert. Die auf die Kreuzung `Blaufränkisch` (*Vitis vinifera*) x `Catawba` zurückgehende Population segregierte hinsichtlich des Furaneol- und Methylantranilatgehalts. Die QTL-Analyse in dieser Population basierte auf einer genetischen Karte mit 337 SSR-Markern und den Aromastoffgehalten. Für die Furaneol- und Methylantranilatbildung wurde jeweils ein Haupt-QTL auf den Kopplungsgruppen 11 (KG 11) bzw. KG 4 identifiziert. KG 4 kann nach derzeitigem Stand als ein „Qualitätschromosom“ angesehen werden, das möglichst frühzeitig vollständig oder teilweise aus dem Zuchtmaterial eliminiert werden sollte. Darüber hinaus wurden in der Population `Blaufränkisch` x `Catawba` QTLs für das *Vitis labrusca*-typische Beerenmerkmal „slip skin“ identifiziert, das ebenfalls von züchterischer Relevanz ist (Kopplungsgruppen 1 und 13). Bei weiterführenden Untersuchungen zur Sorte `Catawba`, die auch von besonderem historischen Interesse ist, konnte über den genetischen Fingerabdruck die *Vitis vinifera*-Sorte `Sémillon` als ein Elternteil verifiziert werden.

Die Ergebnisse der Arbeit tragen dazu bei, zukünftig die Evaluierung und Nutzung genetischer Ressourcen für die Rebenzüchtung zu verbessern.

IV. Summary

The most severe pathogens in viticulture were introduced to Europe from North America in the 19th century. For their control, American and Asian wild species are used in grapevine breeding as donors of resistances. The wild species are crossed with the European wine grape *Vitis vinifera* subsp. *vinifera* aiming at the combination of resistances and high quality. Grapevine breeding is hampered by a long generation time, repeated crosses with quality parents, as well as a timely and costly evaluation. Besides numerous undesired traits, wild species often feature dominant “off-flavors”. The most pronounced “foxy flavor” is mainly found in the wild species *Vitis labrusca*. “Foxiness” is caused by the key aroma compounds furaneol and methyl anthranilate that are perceivable as a mix of the “strawberry” and the “mothball” odor, respectively.

Selected hybrids and two cross progenies of the North American species *Vitis riparia*, *Vitis cinerea* and *Vitis labrusca* were investigated with the focus on “off-flavors”. Their grapes and musts were investigated by organoleptics and analytics. The attained phenotypic and genotypic data were used for a subsequent QTL analysis.

“Foxiness” was not typical for the investigated descendants of *Vitis riparia* and *Vitis cinerea*. For the identification of further “off-flavors”, gas chromatography combined with an olfactory detection was performed. These investigations elucidated intense vegetative flavors that were mainly assigned to substances of the methoxypyrazine class. The furaneol concentration was assumed to be dependent on the degree of berry ripeness. This could be confirmed by implementation of a method for targeted acceleration of berry ripening. A population originating from the cross ‘Blaufraenkisch’ (*Vitis vinifera*) x ‘Catawba’ segregates in the contents of furaneol and methyl anthranilate. In this population, the QTL analysis was based on a linkage map built from 337 simple sequence repeat markers and the amounts of the “foxy” aroma compounds. For furaneol and methyl anthranilate main QTLs were localized on the linkage group 11 and 4, respectively. In this population, additional QTLs for “slip skin” were identified on linkage groups 1 and 13. This *Vitis labrusca* typical berry trait could become relevant for grapevine breeding as well. The interspecific hybrid ‘Catawba’ is not only a parent of one investigated population, but also of particular historical interest. Moreover, the genetic investigations of ‘Catawba’ verified ‘Sémillon’ to be its *Vitis vinifera* parent. The results of this thesis contribute to improve the evaluation of genetic resources and their utilisation in grapevine breeding.

1. Einleitung

1.1. Geschichte der Rebenzüchtung

Die Verwendung als frisches Obst dürfte der Beginn der Nutzung der Weinrebe (*Vitis vinifera* subsp. *vinifera*) in prähistorischer Zeit gewesen sein (Töpfer *et al.*, 2011). Trockenfrüchte, Saft und Wein waren sicherlich eine Folgenutzung. Zeugnisse der Weingewinnung finden sich in archäologischen Funden datiert um 5 700 vor Christus und alten Schriften, u. a. der ägyptischen oder griechischen Mythologie, in der Wein als Göttertrank verehrt wurde (McGovern, 2000). Zu Beginn einer gezielten und gerichteten Selektion war der Ertrag wohl am bedeutsamsten. Für die Ertragshöhe spielen die Anbau- und Umweltbedingungen, aber auch das Blütengeschlecht eine entscheidende Rolle (Carmona *et al.*, 2008). Die mit Abstand meisten heutigen Rebsorten besitzen hermaphrodite Blüten (Fechter *et al.*, 2012). Im Vergleich zu weiblichen Reben sind sie i. d. R. ertragsstabiler, da sie nicht auf Pollenspender angewiesen sind (This *et al.*, 2006).

Die Reben- und Beerengesundheit war erst nach Inkulturnahme bedeutsam. Die weltweit wichtigsten Schädlinge (besonders Reblaus) und Pathogene (Echter und Falscher Mehltau) wurden im 19. Jh. von Nordamerika nach Europa eingeschleppt (Einset & Pratt, 1975; Lowe & Walker, 2006; Pouget, 1990; This *et al.*, 2006). Zur Eindämmung der Reblauschäden wurden diverse Unterlagssorten gezüchtet (Schuck *et al.*, 2014). Mittlerweile geht der Großteil der genutzten Unterlagssorten auf Kreuzungsprodukte zwischen der kalktoleranten *Vitis berlandieri* und der bewurzelungsfreudigen *Vitis riparia* zurück (Schreier & Paroschy, 1980; Zhang *et al.*, 2009). Diese Unterlagen weisen oft eine Reblautoleranz auf (Schäller, 1965). Die Unterlagssorte 'Börner' (*Vitis riparia* x *Vitis cinerea*) dagegen, gilt als reblausresistent (El-Nady, 2001). Die nordamerikanischen Arten *Vitis labrusca*, *Vitis riparia* und *Vitis cinerea* zeichnen sich zudem durch eine hohe Winterfrosthärte aus (Börner, 1943; Pedneault *et al.*, 2013), wobei diese Eigenschaft bei *Vitis riparia* am stärksten ausgeprägt ist (Schreier & Paroschy, 1980). In der Züchtung sind diese Wildarten wichtige Donoren für Resistenzen gegen biotische und abiotische Stressfaktoren (Abb. 1). Die Introgression dieser Resistenzgene aus Wildarten in den Genpool der qualitätsbetonten, traditionellen *Vitis vinifera*-Sorten ist in der Geschichte der Rebenzüchtung von jeher ein bedeutsames Ziel und für einen modernen und nachhaltigen Weinbau nach wie vor von großer Bedeutung (Narduzzi *et al.*, 2015). In jüngerer Zeit wurde es möglich, diesen langwierigen Prozess durch eine genetische Hintergrundselektion zu unterstützen und damit deutlich zu beschleunigen (Di Gaspero & Cattonaro, 2010; Frisch & Melchinger, 2005; Herzog *et al.*, 2013). Jedoch ist die jedem Selektionsschritt vorgeschaltete notwendige Qualitätsevaluierung nach wie vor besonders langwierig und arbeitsaufwändig.



Abb. 1: Trauben der Wildarten *Vitis riparia* (A, Bildarchiv GF), *Vitis cinerea* (B, eigene Aufnahme) und *Vitis labrusca* (C, eigene Aufnahme).

Für Keltertraubensorten sind mehrjährige Qualitätsuntersuchungen erforderlich. In Hinblick auf den Zuchtfortschritt wirkt sich zudem die Biologie der Weinrebe erschwerend aus: Es gibt jährlich nur ein kurzes Zeitfenster für die Durchführung der arbeitstechnisch aufwändigen Kreuzungen, was den Umfang der Nachkommenschaften limitiert. Weiterhin sind erste Ertrags- und Qualitätserhebungen bei Sämlingen i. d. R. erst ab dem dritten Standjahr möglich. Dies erklärt die, im Gegensatz zu vielen anderen Nutzpflanzen, deutlich verlängerte Zuchtdauer. Von der Kreuzung zur Sortenzulassung einer Neuzüchtung vergehen etwa 25 - 30 Jahre (Kadisch *et al.*, 2008).

Die ersten Ansätze zur Untersuchung der Vererbung von Qualitätsparametern waren klassische genetische Studien, die auf Basis von Kreuzungen zwischen Kultur- und Hybridsorten erfolgten (Hedrick & Anthony, 1915). Wie u. a. Lande und Thompson (1990), Hospital *et al.* (1992), Dalbò *et al.* (2000), Fischer *et al.* (2004), Akkurt *et al.* (2007), Welter *et al.* (2007), Zhang *et al.* (2009), Cabezas *et al.* (2006) und Zyprian *et al.* (2016) zeigten, erhielt die Züchtungsforschung durch methodische Fortschritte in der Molekulargenetik nachdrückliche Impulse. So machten u. a. die Sequenzierung des Rebgenoms von PN40024, einer auf 'Pinot Noir' zurückgehenden Inzuchtlinie (Jaillon *et al.*, 2007; Velasco *et al.*, 2007), und der zunehmende Einsatz molekularer Methoden (Borneman *et al.*, 2013) die Züchtung deutlich effizienter.

Das Rebgenom ist hochgradig heterozygot mit 38 Chromosomen ($2n$) und einer Genomgröße von etwa 485 Mb (Costantini *et al.*, 2008; Di Gaspero & Cattonaro, 2010; Jaillon *et al.*, 2007; Lodhi *et al.*, 1995). Wegen des hohen Risikos der Inzuchtdepression werden im Zuchtgang meist Pseudorückkreuzungen durchgeführt (Di Gaspero & Cattonaro, 2010), d. h. es erfolgt ein Wechsel des Rückkreuzungselternteils. Unter der Annahme einer hohen Heterozygotie in der Rebe wird meist die F_1 -Generation zur Kartierung verwendet („Doppel-Pseudotestkreuzung“) (Grattapaglia & Sederoff, 1994).

Während die markergestützte Selektion, kurz MAS („marker assisted selection“) für biotische Resistenzen schon vielfach etabliert ist und routinemäßig eingesetzt wird, finden sich zwischenzeitlich auch zunehmend Beispiele für kartierte Qualitätsmerkmale (Battilana *et al.*, 2009; Costantini *et al.*, 2008; Costantini *et al.*, 2009). Qualitätsmerkmale sind meist stufenlos ausgeprägt und polygen kodiert (Doligez *et al.*, 2002; Tanksley, 1993). Die Identifizierung der beteiligten quantitativen Merkmalsloci (QTLs) ist die Grundlage zur Entwicklung molekularer Marker für die MAS (Collard & Mackill, 2008; Eibach *et al.*, 2007; Töpfer *et al.* 2011). Identifizierte Loci / Genorte können mit Hilfe der MAS sehr viel effizienter im Zuchtgang verfolgt und zur Selektion genutzt werden (Di Gaspero & Cattonaro, 2010; Lande & Thompson, 1990).

Eine QTL-Analyse basiert auf genetischen und phänotypischen Daten einer Population und setzt eine Aufspaltung hinsichtlich des untersuchten quantitativen Merkmals voraus (Mackay, 2001). Kreuzungspartner mit stark entgegengesetzten Phänotypen sind daher am ehesten geeignet. Ein Kreuzungsansatz wäre demnach beispielsweise ‚hohes Qualitätspotential‘ x ‚geringes Qualitätspotential‘. Für die genetische Kartierung werden erst Segregations- und dann Kopplungsanalysen durchgeführt.

Eine genetische Karte enthält die Informationen segregierender molekularer Marker, beispielsweise von SSR-Markern („simple sequence repeats“) (Lodhi *et al.*, 1995). Dies sind repetitive DNA-Sequenzeinheiten aus zwei bis sechs Nukleotiden. SSRs werden kodominant vererbt und lassen sich i. d. R. in einem gewissen Umfang zwischen *Vitis*-Arten transferieren (Arnold *et al.*, 2002; Thomas & Scott, 1993). SSRs sind meist nichtkodierende Sequenzen, die durch eine unterschiedliche Anzahl der Wiederholungseinheiten repetitiver DNA zu einer hohen Längenvariabilität (Fragmentlängenpolymorphismus) zwischen den Genotypen führt (Thomas & Scott, 1993). Die Vervielfältigung von SSRs erfolgt mit flankierenden, locuspezifischen Oligonukleotiden (Primern) in einer zyklischen, enzymgesteuerten Polymerasekettenreaktion (PCR, „polymerase chain reaction“) (Thomas & Scott, 1993). Daraus resultieren Amplifikate mit spezifischen Fragmentgrößen („genetischer Fingerabdruck“).

Über die Rekombinationsfrequenz (d. h. die beobachtete Rate der chromosomalen Rekombinationen / „crossing over“) der Marker in einer Population werden die Kopplungsgruppen bestimmt. Sie repräsentieren als genetisch eng „gekoppelte“ Marker die Chromosomen. Die Wahrscheinlichkeit einer Kopplung wird mit dem LOD-Wert („logarithm of the odds“) angegeben. Mit der resultierenden genetischen Karte und den erfassten Merkmalsausprägungen in derselben, segregierenden Population werden die korrelierenden Genorte statistisch bestimmt. Die QTL-Analyse und ihre Grundlagen werden ausführlich von Van Ooijen und Jansen (2013) und Costantini *et al.* (2009) beschrieben.

1.2. Qualitätsparameter in der Züchtung

Die Weinqualität definiert sich in dieser Arbeit über das Potential einer Rebe, Weintrauben zu erzeugen, aus denen qualitativ hochwertige Weine gekeltert werden können. Folglich umfasst dieser Begriff auch Beerenmerkmale. Die Weinqualität wird einerseits genetisch determiniert und kann andererseits in erheblichem Umfang durch Umweltfaktoren („Terroir“, d. h. Boden und Klima) modifiziert werden (Rapp, 1990; Rapp & Mandery, 1986). Die Zusammensetzung der Beereninhaltsstoffe ist eng mit dem Reifeverlauf assoziiert (Pedneault *et al.*, 2013; Shure & Acree, 1994; Williams *et al.*, 1995). Der Beginn der Beerenreife (= *Véraison*) geht neben dem Weichwerden der Beeren, mit der Färbung, der Zuckerakkumulation, dem Säureabbau und der Produktion von Sekundärmetaboliten einher (Robinson & Davies, 2000).

Die Weinverkostung spricht fast alle menschlichen Sinne an (Clarke & Jokie, 2004; Fillion & Kilcast, 2002; Rapp & Mandery, 1986; This *et al.*, 2006), nämlich: 1. die Optik (v. a. Farbe und Farbintensität des Weins, Größe und Form bei Tafeltrauben), 2. die Haptik und Akustik (v. a. Mundgefühl des Weins, Textur und Knackigkeit bei Tafeltrauben), 3. die Gustatorik (v. a. Süße und Säure), und 4. die Olfaktorik (das Aroma).

Es gibt auch weniger beachtete Beerenmerkmale, die im Wildartengenpool vorkommen können. So ist „slip skin“ ein spezifisches Beerenmerkmal von *Vitis labrusca* (Considine & Knox, 1979). Es bezeichnet das leichte Ablösen des Fruchtfleisches von der Beerenhaut (Abb. 2, S. 4). Im Gegensatz zu *Vitis vinifera*-Beeren bilden das Fruchtfleisch und die Beerenhaut hierbei locker miteinander verbundene Kompartimente. Da sich die Beeren von Genotypen mit dieser Eigenschaft mit herkömmlichen Pressmethoden schlechter entsaften lassen (pers. Mitteilung, Dr. Florian Schwander, JKI-ZR), ist dieses Merkmal in Elitesorten unerwünscht. Generell spielen Merkmale, welche die Beschaffenheit der Beerenhaut beeinflussen, in der Tafeltraubenzüchtung in Hinblick auf die Verbraucherakzeptanz eine zentrale Rolle (Cliff *et al.*, 1996).

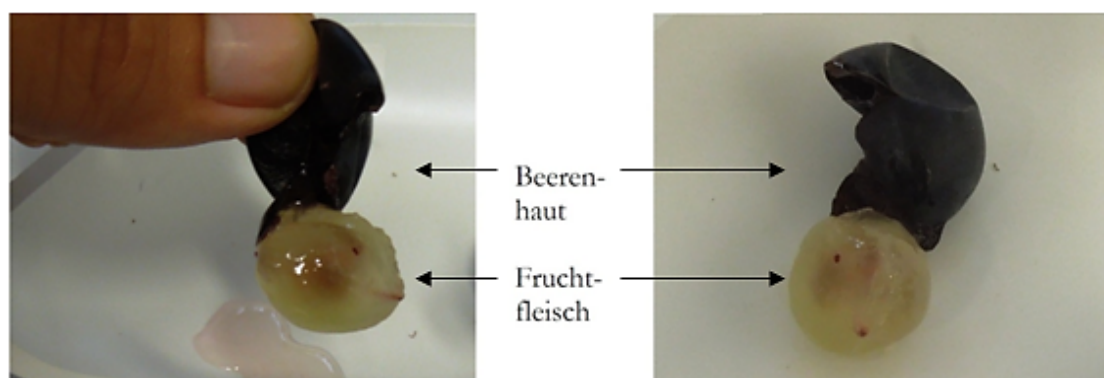


Abb. 2: Die Art *Vitis labrusca* und viele ihrer Hybriden zeichnen sich durch „slip skin“ aus (eigene Aufnahmen).

Die Nutzung von Wildarten im Zuchtprogramm zur Introgression von Resistenzen geht häufig parallel mit der Vererbung unerwünschter Eigenschaften, v. a. in Hinsicht auf die Weinqualität, einher (Fischer *et al.*, 2004; Molnar *et al.*, 2007; Töpfer *et al.*, 2011). Neben geringeren Erträgen weisen Wildarten im Vergleich zur Kulturart nach Schreier und Paroschy (1980), Sun *et al.* (2011), Pedneault *et al.* (2013) und Narduzzi *et al.* (2015) folgende prägnante Qualitätsunterschiede / -merkmale auf: höhere Säuregehalte, extreme Reifezeitpunkte, höhere und komplexere Anthocyaningehalte sowie dominierende, außergewöhnliche Aromen (zumeist „Fehlaromen“).

Sekundärmetaboliten (Tannine, Anthocyane, Aromen) sind zum Großteil in der Beerenhaut lokalisiert (Clarke & Jokie, 2004; Cordonnier & Bayonove, 1979; Park *et al.*, 1991). Gemäß dem Duden wird das Aroma als ein „ausgeprägter Eigengeschmack oder Eigengeruch bes. eines pflanzlichen Genussmittels“ definiert. Aromastoffe sind flüchtig und werden über Geruchsrezeptoren vom Menschen wahrgenommen. Die Wahrnehmung erfolgt ortho- oder retronasal, d. h. durch die Nasen- oder Mundhöhle (Laing & Jinks, 1996). Geruchsaktive Substanzen können zu den Terpenen, Carbonsäureestern, Aromaten, Aldehyden, Ketonen oder Schwefelverbindungen gehören (Clarke & Jokie, 2004; Mestres *et al.*, 2000; Rapp & Mandery, 1986; Williams *et al.*, 1995).

Sogenannte Leitaromastoffe sind dominant und für unterschiedliche Rebsorten typisch (Rapp & Ringlage, 1989). Gewöhnlich unterscheiden sich die Aromastoffe in den Rebsorten und -arten lediglich in ihrer Quantität (Guedes de Pinho & Bertrand, 1995; Rapp & Engel, 1995; Rapp *et al.*, 1980; Schreier & Paroschy, 1981). Im Gegensatz zum Weinextrakt (d. h. die nicht-flüchtigen Inhaltsstoffe), haben sie z. T. sehr geringe Wahrnehmungsschwellen (Rapp & Mandery, 1986; Wüst, 2003). Bezüglich der Weinqualität nimmt das Aroma eine besondere Stellung ein und es ist vielfach das ausschlaggebende Kriterium bei deren Bewertung (Abbott *et al.*, 1990). Sortenspezifische Primäraromen können sich beträchtlich von den Sekundär- und Tertiäraromen unterscheiden, die durch die Fermentation bzw. durch den darauffolgenden Alterungsprozesses entstehen (Bailly *et al.*, 2009; Belitz *et al.*, 2001; Borneman *et al.*, 2013; Clarke & Jokie, 2004; Polaskova *et al.*, 2008; Rapp & Mandery, 1986).

Der Wein unterscheidet sich zum Most in zwei wesentlichen Punkten: 1) der geringere Zuckergehalt im Wein beeinflusst die Aromenwahrnehmung weniger, und 2) viele Aromastoffe liegen im Most zum größten Teil in einer glykosidisch gebundenen, nicht geruchsaktiven Vorstufe vor, die erst während der Gärung freigesetzt und geruchsaktiv werden (Bayonove *et al.*, 1984; Günata *et al.*, 1986; Williams *et al.*, 1991; Winterhalter & Schreier, 1994; Zoecklein *et al.*, 1997). Unter anderem kommen aliphatische Kohlenwasserstoffe, Monoterpene, Sesquiterpene, Norisoprenoide und Shikimisäuremetaboliten (Phenole) als Glykoside vor (McMahon *et al.*, 1999). So wird das Furaneolglykosid während der Vinifikation durch eine milde Säurekatalyse (d. h. durch die Milieuveränderung) oder enzymatisch freigesetzt (Guedes de Pinho & Bertrand, 1995). Eine enzymatische Hydrolyse kann durch traubeneigene Enzyme oder Hefeenzyme stattfinden (Cordonnier *et al.*, 1986; Zoecklein *et al.*, 1997).

1.3. Aromen in nordamerikanischen Wildarten und Nachkommen

Die Arthybriden `Catawba` und `Concord` sind Sorten, die im 19. Jh. in Nordamerika in größerem Umfang angebaut wurden (Hedrick, 1919). Damals waren sie die kommerziell wichtigsten Rebsorten auf dem amerikanischen Markt, da die europäische Kulturrebe unter den nordamerikanischen Bedingungen (besonders aufgrund von Rebpathogenen) an der Ostküste nicht gedieh. Über die Abstammung von `Catawba` existieren verschiedene Hypothesen. So wurde vermutet, `Catawba` könnte a) eine reine Wildart (*Vitis labrusca*), b) eine Hybride zweier Wildarten (*Vitis labrusca* x *Vitis aestivalis*) oder c) die Hybride einer Wildart (*Vitis labrusca*) und einer Kultursorte der Art *Vitis vinifera* subsp. *vinifera* sein (Robinson *et al.*, 2012; Schreier & Paroschy, 1981).

Im Gegensatz zu den aus Europa eingeführten Kultursorten waren Wildartnachkommen („Amerikanische Hybriden“) tolerant oder resistent gegen die Pathogene Nordamerikas und die dortigen, teilweise extremen Umweltbedingungen (z. B. starke Frostperioden) (Töpfer *et al.*, 2011). Allerdings besitzen viele „Amerikanische Hybriden“ und auch die in Frankreich ab dem 19. Jh. entwickelten „Französischen Hybriden“ untypische und als negativ bewertete Aromen (Ribéreau-Gayon, 1971). Der „Foxton“ ist ein spezifisches „Hybridton“-Aroma. In `Catawba` wurde der „Foxton“ beschrieben und dieser wird v. a. mit der nordamerikanischen Wildart *Vitis labrusca* in Verbindung gebracht (Munson, 1909; Pinney, 2007). Im Einzelnen sind dies der „Erdbeerton“ und der „Mottenkugelton“. Furaneol bzw. Methylanthranilat wurden als Leitaromastoffe dieser beiden „Fehleraromen“ identifiziert (Power & Chesnut, 1921; Rapp *et al.*, 1980; Reynolds *et al.*, 1982; Shure & Acree, 1994).

4-Hydroxy-2,5-dimethyl-3(2H)-furanon (= Furaneol) ist auch der Leitaromastoff der Walderdbeere (Clarke & Jokie, 2004; Ubeda *et al.*, 2012; Zabetakis & Holden, 1997). In der Erdbeere steigt die Furaneolkonzentration mit der Fruchtreife und erreicht ein Maximum bei Überreife (Pérez *et al.*, 1996). In Weintrauben wurde Furaneol erstmals von Rapp *et al.* (1980) nachgewiesen. Kobayashi *et al.* (2013) beschrieben einen exponentiellen Anstieg des Furaneolgehalts während des Reifeverlaufs in `Muscat Bailey A` [*Vitis labrusca* (`Bailey`) x *Vitis vinifera* (`Muscat Hamburg`)]. Die Akzeptanz des „Erdbeertons“ im Wein oder in Tafeltrauben ist vom soziokulturellen Hintergrund abhängig. Im europäischen Raum wird der „Erdbeerton“ allgemein nicht akzeptiert (Eckhart & Sommer, 2008; Hedrick, 1908; Kobayashi *et al.*, 2013; Schuck *et al.*, 2009). Furaneol kann von Pflanzen, Mikroorganismen und Insekten gebildet werden (Slaughter, 1999; McMahan *et al.*, 1999; Schwab *et al.*, 2008). Eine nicht-enzymatische Entstehung kann durch die ungerichtete Maillard-Reaktion erfolgen (Hodge *et al.*, 1963; Zabetakis *et al.*, 1999). Dabei reagieren reduzierende Zucker mit Aminosäuren unter Hitzeeinwirkung. Dies erklärt, warum Weine nach einer Maischeerwärmung höhere Furaneolgehalte aufweisen, als Weine bei denen eine Maischegärung erfolgte (Rapp & Engel, 1995).

Furaneol liegt vorwiegend in glykosidisch gebundener Form, also an Zuckerreste gekoppelt, vor (nicht geruchsaktives Furaneolglykosid), da es in seiner freien Form recht instabil ist (Sanz *et al.*, 1994; Schwab, 2013; Zabetakis *et al.*, 1999). Für die Wahrnehmungsschwelle von Furaneol in Wasser sind in der Literatur teilweise sehr unterschiedliche Werte angegeben (Abb. 3). Die Wahrnehmungsschwelle ist vom pH-Wert abhängig (Buttery *et al.*, 1995). Laut Rapp und Engel (1995) beträgt die Geschmacksschwelle in Wein zwischen 80 und 150 µg/L.

study	concn, µg/L of water (ppb)
	Furaneol
present, USDA (1994)	
pH 7	60 (45–110) ^a
pH 4.5	31 (20–52) ^a
pH 3	21 (13–63) ^a
Pittet <i>et al.</i> (1970)	100–200 30 (taste)
Honkanen <i>et al.</i> (1980)	0.03
Wilson <i>et al.</i> (1990)	1700

^a 95% confidence interval.

Abb. 3: In Wasser festgestellte Wahrnehmungsschwellen von Furaneol aus Buttery *et al.* (1995).

Anthranilsäuremethylester (= Methylantranilat) ist der Leitaromastoff des „Mottenkugeltens“ (Power & Chesnut, 1921; Stevens *et al.*, 1965; Wang & Luca, 2005). Die Biosynthese des Methylantranilats erfolgt aus Anthranilsäure (Abb. 4, S. 8). Methylantranilat ist ein Zwischenprodukt des Shikimisäurewegs für die Synthese aromatischer Aminosäuren. Der über die Anthranilsäure-Methyltransferase AAMT katalysierte Syntheseweg wurde von Köllner *et al.* (2010) in Mais untersucht. In der Rebsorte `Concord` wurde dagegen ein anderes Schlüsselenzym für die Methylantranilatsynthese beschrieben, nämlich die Alkohol-Acyltransferase AMAT (Abb. 4, Wang und Luca (2005)). AMAT wurde aus `Concord`-Beerenfruchtfleisch isoliert, biochemisch charakterisiert und die *amat*-Sequenz aus der Aminosäuresequenz des isolierten AMAT-Enzyms abgeleitet.

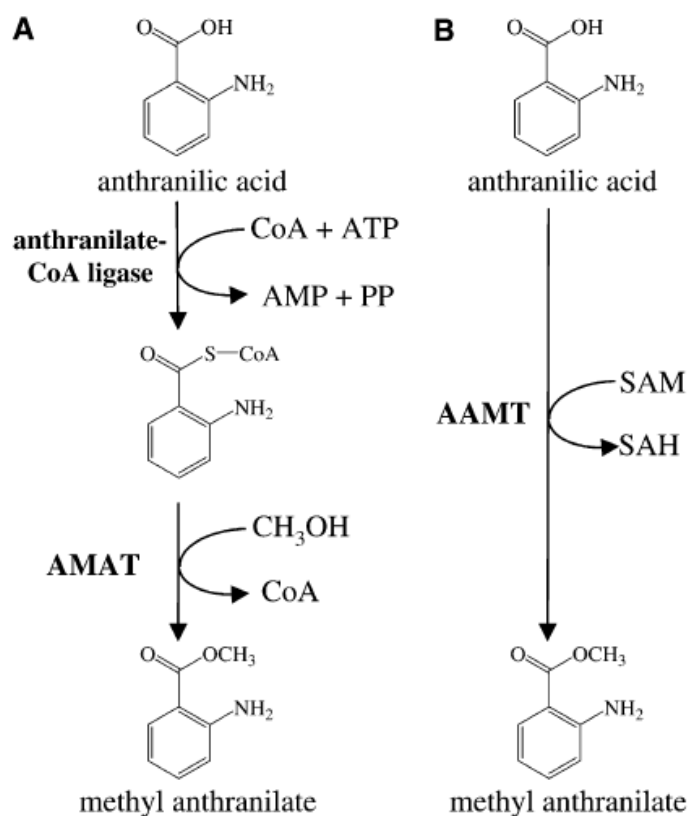


Abb. 4: Die Biosynthese von Methylanthranilat in der Rebsorte 'Concord' (A) und Mais (B) aus Köllner *et al.* (2010).

1.4. Methoden zur Objektivierung der Aromenwahrnehmung

Es gibt einige Möglichkeiten, die subjektive Wahrnehmung der Weinqualität (Organoleptik) über definierte Prüfmethode (Sensorik) objektiv in Zahlen zu fassen. Die stoffspezifische Wahrnehmungsschwelle ist die wichtigste Kenngröße der „Aromaqualität“. Sie ist nicht nur konzentrationsabhängig, sondern wird auch von vielen weiteren Parametern beeinflusst: von der Matrix, der Matrixtemperatur, der Diffusionswegstrecke und der persönlichen Empfindlichkeit der Testperson. Es handelt sich also vielmehr um einen Wahrnehmungsschwellenbereich (Braun *et al.*, 2016). Zur Feststellung ist der Triangeltest eine geeignete Prüfmethode (Busch-Stockfisch, 2015). Diese diskriminierende Prüfmethode wird unter standardisierten Bedingungen durchgeführt. Damit ist sie reproduzierbar und statistisch gesichert.

Aromen können mittels chromatographischer Methoden, wie der Gaschromatographie (GC), sehr genau quantifiziert werden (Aznar *et al.*, 2001). Es ist allerdings notwendig festzustellen, ob ein (unbekannter) Stoff in der vorliegenden Konzentration geruchsaktiv ist. Daneben müssen die Leitaromastoffe eines komplexen Aromengemisches identifiziert werden.

Das ist durch eine Kopplung der Olfaktorik mit der instrumentellen Analytik, wie bei der GC-O-MS-Analyse, möglich (Mansfield *et al.*, 2011; Rapp *et al.*, 1980; Sun *et al.*, 2011): Während der Stoffauftrennung in einer GC-Kapillare, werden die Aromastoffe parallel (Split) auf zwei Weisen erfasst: am ODP (= olfaktorische Detektionsschnittstelle oder „Schnüffeldetektor“) werden sie der menschlichen Nase zugeführt und können, soweit geruchsaktiv, bewertet werden (Abb. 5). Zeitgleich erfasst ein massenselektiver Detektor (MSD) die Moleküle und erzeugt ein Chromatogramm mit Retentionszeiten, Quantität und Massenspektren. Damit lassen sich, zusammen mit einer hinterlegten Substanzdatenbank, die wahrgenommenen Gerüche spezifischen Substanzen zuordnen.

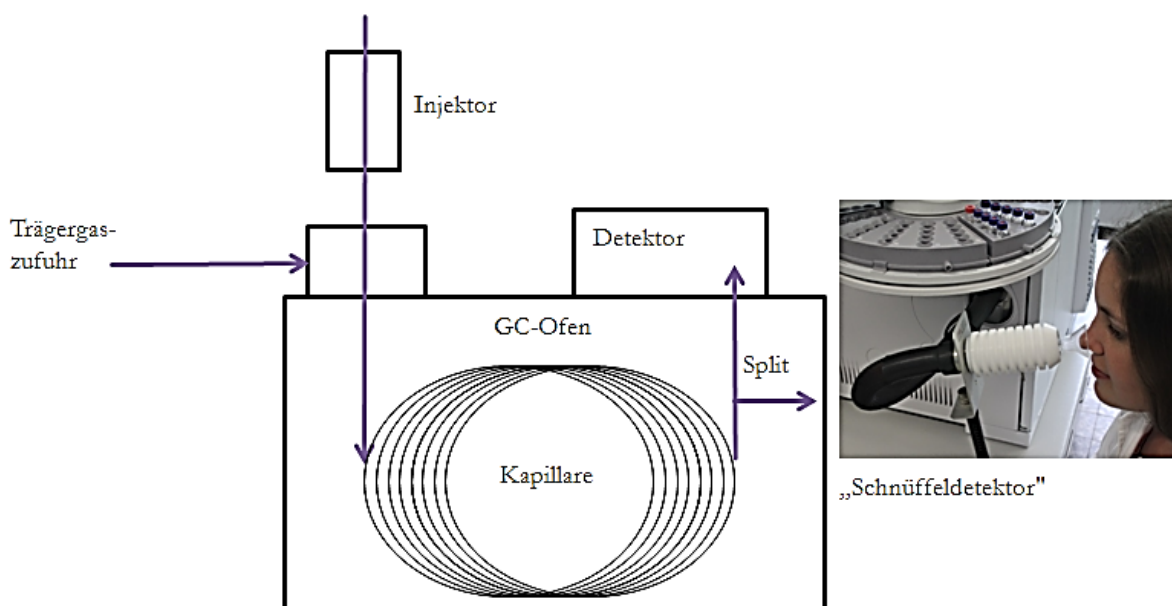


Abb. 5: Prinzip der GC-O-MS-Analyse mit „Schnüffeldetektor“ (ODP) zur Identifizierung von Aromastoffen nach Rapp *et al.* (1980).

1.5. Fragestellungen und Untersuchungsengang

Zwei Kreuzungsnachkommenschaften und ausgewählte Sorten, im Speziellen Arthybriden, waren Gegenstand der Untersuchungen. Die untersuchten Genotypen wiesen eine Verwandtschaft zu den nordamerikanischen Wildarten *Vitis riparia*, *Vitis cinerea* und / oder *Vitis labrusca* auf. Den Schwerpunkt dieser Arbeit stellten dabei genetisch verankerte, sortenspezifische Beerenaromen dar, die von züchterischer Relevanz sind. Das Hauptziel der Arbeit war die Untersuchung der beiden „Foxton“-Aromen („Erdbeer-“ und „Mottenkugeltön“) und weiterer, eventuell noch unbekannter Negativaromen in Wildreben, sowie die genetische Kartierung der zugrunde liegenden Chromosomenbereiche.

Zuerst wurde eine geeignete Methode zur Quantifizierung von Furaneol etabliert (3.1). In weiteren Versuchen wurde der Umwelteinfluss auf die Furaneolbildung in diversen Wildarthybrididen (3.2) und die Wahrnehmbarkeit des Furaneols in ausgesuchten Weinen mittels Triangeltest untersucht (3.3).

In Nachkommen von *Vitis cinerea* und *Vitis riparia* (3.4) sollte a) die Bedeutung der „Foxton“-Aromen untersucht, und b) eventuell weitere vorkommende „Fehlaromen“ charakterisiert, sowie die ursächlichen Substanzen identifiziert werden. Die Population `Blaufränkisch´ x `Catawba´ wurde hinsichtlich der „Foxton“-Aromastoffe Furaneol und Methylantranilat untersucht (3.5). Dann sollten die für ihre Bildung verantwortlichen Genorte eingegrenzt werden (3.6). Die QTL-Analysen basierten zum einen auf einer bereits bestehenden Kopplungskarte aus SSR-Markern und zum anderen auf den erhobenen phänotypischen Datensätzen. Neben den QTL-Analysen der „Foxton“-Aromastoffe (3.6.1 und 3.6.2) wurden in dieser Population zusätzliche QTL-Analysen anderer Merkmale durchgeführt, nämlich von „slip skin“ (3.6.3) und phänologischen Merkmalen (3.6.4).

Ergebnisse der Markerstudien im Rebsortiment des JKI-ZR lieferten erste Hinweise darauf, dass die alte, französische Sorte `Sémillon´ als Vorfahre von `Catawba´ in Frage kommen könnte (pers. Mitteilung, Dr. Erika Maul, JKI-ZR). Ausgehend von dieser Annahme sollte der *Vitis vinifera*- und der Wildartvorfahre von `Catawba´ molekularbiologisch verifiziert werden (3.7). Die Markerdaten aus der Verwandtschaftsanalyse könnten für eine genomweite Hintergrundselektion in der Population `Blaufränkisch´ x `Catawba´ züchterisch genutzt werden. Die Sorte `Concord´ wurde als putativer Nachkomme von `Catawba´ (Tukey, 1966) mit in die Untersuchung einbezogen. Der Nachweis ihrer Verwandtschaft führte zu einem interessanten Vergleich dieser beiden historisch bedeutsamen, nordamerikanischen Sorten bezüglich der „Foxton“-Aromastoffe (3.8).

2. Material und Methoden

2.1. Material

2.1.1. Hinweise zum Pflanzenmaterial

Sortennamen wurden folgendermaßen in einfachen oberen Anführungszeichen dargestellt: `Sortenname´. Bei Angaben von Kreuzungen wurden erst die Muttersorte und dann die Vatersorte aufgeführt. Die Zuchtstamnummern setzen sich wie folgt zusammen: „Gf.“ - Kreuzungsjahr - Kreuzungskombination in diesem Jahr – fortlaufende Zahl, z. B. Gf.2006-049-0026.

2.1.2. Untersuchtes Pflanzenmaterial

Folgende Kreuzungspopulationen wurden untersucht (Abb. 6):

- A. Drei Geschwisterpopulationen aus Kreuzungen zwischen `Pinot Blanc´ und drei männlichen F₁-Zuchtstämmen aus der Population Gf.V3125 (`Schiava Grossa´ x `Riesling´) x `Börner´ (namentlich Gf.1998-042-0014 [DEU098-2013-055], Gf.1998-042-0055 [DEU098-2013-057] und Gf.1998-042-0109 [DEU098-2010-084] (DGR (Deutsche Genbank Reben)) mit insgesamt rund 400 Genotypen
- B. `Blaufränkisch´ x `Catawba´ mit rund 200 Genotypen

Von den Halbgeschwisterpopulationen A) wurden 22 (2013), 153 (2014) und 144 (2015) Einzelpflanzen beprobt. Die geringe Anzahl traubentragender Pflanzen 2013 resultiert aus dem hohen Anteil männlicher Genotypen ohne Traubenansatz (s. u.) und der 2010 erfolgten Pflanzung im Versuchsfeld. Durch den Wildarthintergrund kann es erfahrungsgemäß zu einer Verzögerung beim ersten Traubenansatz kommen (pers. Mitteilung, Dr. Florian Schwander, JKI-ZR). Als Pollendonoren wurden drei männliche Genotypen der V.3125 x `Börner´-Kreuzung gewählt, um möglichst viele Nachkommen zu generieren, da die F₁-Genotypen lediglich als Einzelpflanzen mit wenigen Infloreszenzen vorlagen. Aufgrund der Nutzung männlicher Linien segregieren die Individuen dieser Populationen im Verhältnis 1 : 1 (männlich : zwittrig). Folglich ist mit etwa 50 % zwittrigen und damit traubentragenden Genotypen zu rechnen (Abb. 6, S. 12). Tatsächlich konnten 2014 und 2015 von etwa 40 % der Gesamtpopulation Trauben geerntet werden. In Tab. 1 (S. 13) sind die für die GC-O-MS-Analyse verwendeten Proben aufgeführt.

Population B) zeigte eine Aufspaltung der Nachkommen bezüglich des Blütengeschlechts im Verhältnis 1 : 3 (weiblich : hermaphrodit) (pers. Mitteilung, Dr. Ludger Hausmann, JKI-ZR). Es wurden die Trauben von 97 (2013), 119 (2014) und 133 (2015) Genotypen beprobt. Die übrigen Pflanzen hatten entweder keinen ausreichenden Fruchtansatz oder erreichten nicht die als Mindestmostgewicht festgelegten 70 °Oe und damit den notwendigen Reifegrad.

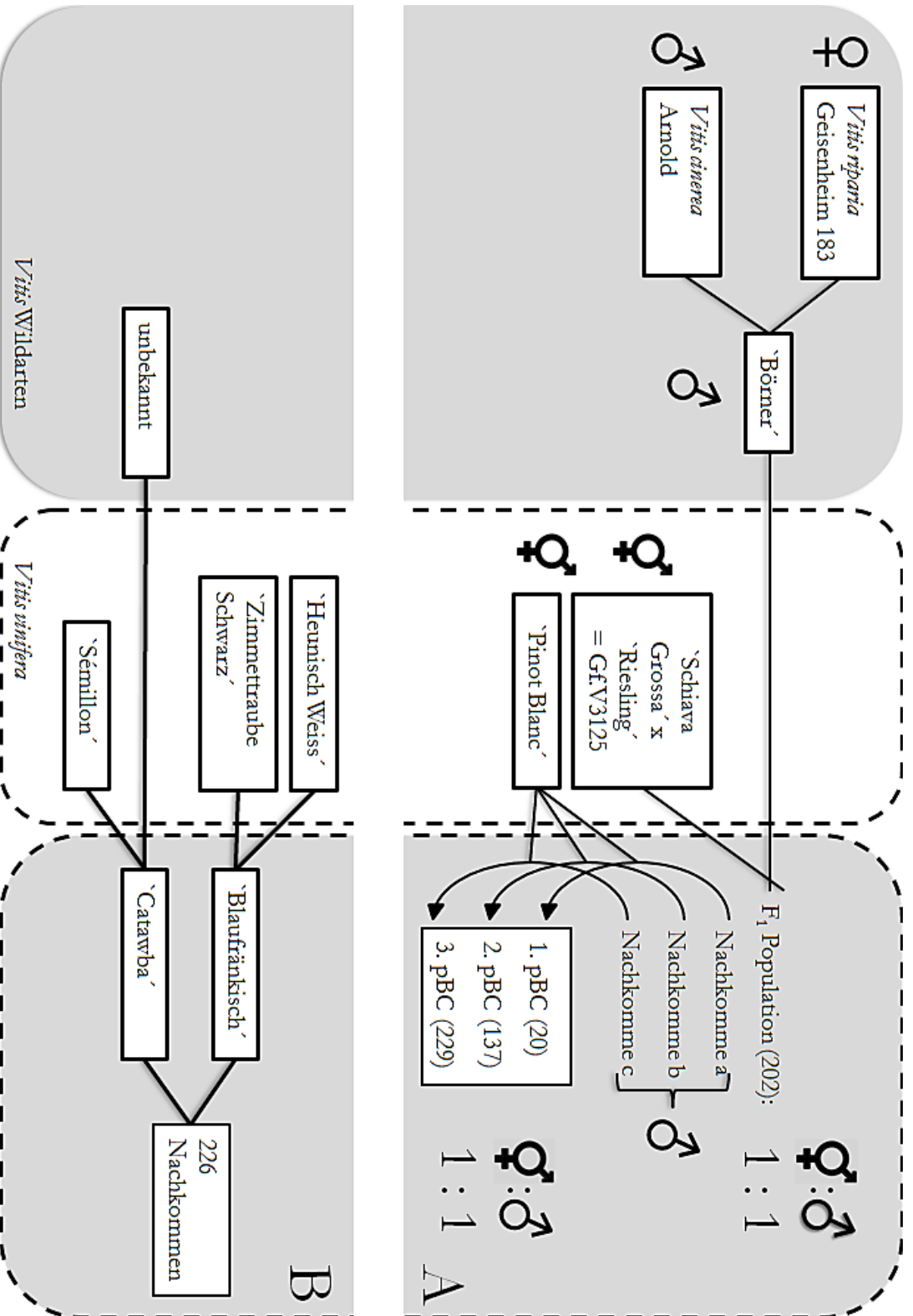


Abb. 6: Stammbaum der beiden untersuchten Kreuzungsnachkommenschaften (pers. Mütterlung, Dr. Erika Maul und Dr. Rudolf Eibach, JKU-ZR). Die Individuenanzahl ist in Klammer angegeben. Infloreszenzen: ♀ = hermaphrodit, ♂ = männlich, ♀ = weiblich.

Tab. 1: Untersuchtes Probenmaterial der Population A), die für die GC-O-MS-Analysen herangezogen wurden mit Angabe der beteiligten Arten im Stammbaum. 'Pinot Blanc' ist die *Vitis vinifera* Referenzsorte (Abb. 6, S. 12).

Sorte	Probe	Stammbaum	Ernte
'Pinot Blanc'	Most	<i>Vitis vinifera</i>	2015
Gf.2008-083-601 ('Pinot Blanc' x Gf.1998-042-0109)		<i>Vitis vinifera</i> <i>Vitis riparia</i> <i>Vitis cinerea</i>	2013
Gf.2008-082-552 ('Pinot Blanc' x Gf.1998-042-0055)			
Gf.2008-083-139 ('Pinot Blanc' x Gf.1998-042-0109)			
Gf.2008-082-543 ('Pinot Blanc' x Gf.1998-042-0055)			
Gf.1998-42 Mischprobe (Gf.V3125 x 'Börner')			
'Pinot Blanc'	Weißwein	<i>Vitis vinifera</i>	2013
Gf.1998-42 Mischprobe (Gf.V3125 x 'Börner')	Rotwein	<i>Vitis vinifera</i> <i>Vitis riparia</i> <i>Vitis cinerea</i>	2014
Gf.2008-083-547 ('Pinot Blanc' x Gf.1998-042-0109)	Weißwein		2014

Zusätzlich wurden ausgewählte Akzessionen aus der *ex situ* Genbank des Geilweilerhofs untersucht, die als Nachkommen von *Vitis riparia*, *Vitis cinerea* und *Vitis labrusca* beschrieben sind (Tab. 2 bis Tab. 3 auf S. 14 und 15; Tab. 23 und Tab. 24 im Anhang). Die in Tab. 5 (S. 16) aufgeführten Proben sind für die GC-O-MS-Analyse verwendet worden. Sie wurden aufgrund ihrer Stammbäume für die Untersuchung ausgewählt.

Die Sortenechtheit der Akzessionen am JKI-ZR von 'Sémillon' (Galet, 2000; Lacombe *et al.*, 2013), 'Catawba' und 'Concord' (Akzession DEU098-1990-462, DGR (Deutsche Genbank Reben); Hedrick, 1908) wurde ampelographisch bestätigt und besitzen den Status „true to type“ (Huber *et al.*, 2016).

Für die Untersuchung der Reifeabhängigkeit von Furaneol wurden die in Tab. 6 aufgeführten Akzessionen ausgewählt. Frühere Untersuchungen zeigten, dass diese Sorten den „Erdbeerton“ aufweisen (pers. Mitteilung, Dr. Florian Schwander, JKI-ZR).

Tab. 2: Bezüglich des „Erdbeertons“, des „Mottenkugeltens“ und weiterer „Fehlaromen“ organoleptisch untersuchte Sorten mit Beteiligung von *Vitis riparia* im Stammbaum.

Sortenname	Akzessionsnummer DGR (Deutsche Genbank Reben)
`Amber Queen´	DEU098-1989-130
`August Giant´	DEU098-1989-134
`Azita´	DEU098-1989-237
`Bacchus Black´	DEU098-1990-271
`Beta´	DEU098-1987-075
`Brant´	DEU098-1991-093
`Canada´	DEU098-1998-007
`Chontay´	DEU098-1990-277
`Clinton´	DEU098-1980-952
`Couderc 1613´	DEU098-1980-575
`Couderc 3304´	DEU098-2004-034
`Dave McGregor P 14- 40´	DEU098-1993-174
`Dave McGregor P 3- 58´	DEU098-1993-173
`Edelweiss´	DEU098-1991-074
`Empire State´	DEU098-1990-283
`Eona´	DEU098-1989-239
`Frontenac´	DEU098-1989-124
`Ironclad´	DEU098-1989-251
`Kay Gray´	DEU098-1990-296
`Kensington´	DEU098-1989-256
`Mandan´	DEU098-1991-072
`Marechal Foch´	DEU098-1980-533
`Marion´	DEU098-1990-302
`Minnesota 1006´	DEU098-1991-075
`Ontario 1616´	DEU098-1980-657
`Othello´	DEU098-1995-038
`Pearl´	DEU098-1989-205
`Remaily 63-33A´	DEU098-1989-259
`Riparia RA-66- 3´	DEU098-1990-473
`Shakoka´	DEU098-1989-271
`Solonis´	DEU098-1999-010
`Sovereign Opal´	DEU098-1988-169
`Sovereign Tiara´	DEU098-1988-174
`Suelter´	DEU098-1990-349

Tab. 3: Bezüglich des „Erdbeertons“, des „Mottenkugeltons“ und weiterer „Fehlaromen“ organoleptisch untersuchte Sorten mit Beteiligung von *Vitis cinerea* im Stammbaum.

Sortenname	Akzessionsnummer DGR (Deutsche Genbank Reben)
`Bertille Seyve 450´	DEU098-1992-004
`Century 1´	DEU098-1980-505
`Delicious´	DEU098-1990-263
`Festivee´	DEU098-1988-160
`Freiburg 423- 51´	DEU098-1980-631
`Husmann´	DEU098-1989-170
`Illinois 172- 1´	DEU098-1990-287
`Mrs. Munson´	DEU098-1989-196
`Perle Noire´	DEU098-2000-015
`Seibel 2660´	DEU098-1990-233
`Seibel 4132´	DEU098-1990-196
`Seibel 848´	DEU098-1992-049
`Seibel 13669´	DEU098-1990-321
`Seibel 14404´	DEU098-1993-075
`Ventura´	DEU098-1980-556
`Vineland 53035´	DEU098-2006-073
`Vineland 64032´	DEU098-1989-016
`Vineland 64035´	DEU098-1989-017

Tab. 4: Bezüglich des „Erdbeertons“, des „Mottenkugeltons“ und weiterer „Fehlaromen“ organoleptisch untersuchte Sorten mit Beteiligung von *Vitis riparia* und *Vitis cinerea* im Stammbaum.

Sortenname	Akzessionsnummer DGR (Deutsche Genbank Reben)
`Espirit´	DEU098-1993-175
`Illinois 244- 1´	DEU098-1989-242
`Prinzipal´	DEU098-1993-056
`Vineland 49404´	DEU098-1990-172
`Wetumka´	DEU098-1989-235

Tab. 5: Proben aus der Rebsortensammlung des Geilweilerhofs, die für die GC-O-MS-Analyse herangezogen wurden, mit Angabe der im Stammbaum beteiligten Arten (*VIVC*, *Vitis* International Variety Catalogue).

Sorte	Probe	Stammbaum	Ernte
`Captivator´	Most	<i>Vitis vinifera</i> <i>Vitis labrusca</i> <i>Vitis aestivalis</i>	2015
`Pinot Noir´	Rotwein	<i>Vitis vinifera</i>	2013
`Sauvignon Blanc´	Weißwein		2012
`Riesling´	Weißwein		2014
`Bacchus´	Weißwein		2015
`Morio Muskat´	Weißwein		2015
`Regent´	Rotwein	<i>Vitis vinifera</i> <i>Vitis rupestris</i> <i>Vitis berlandieri</i> <i>Vitis lincecumii</i> <i>Vitis cinerea</i> <i>Vitis aestivalis</i> <i>Vitis labrusca</i> <i>Vitis riparia</i>	2012
`Isabella´	Weißwein	<i>Vitis vinifera</i> <i>Vitis labrusca</i>	2013

Tab. 6: Proben aus der Rebsortensammlung des Geilweilerhofs, die für die Etablierung der experimentellen Reifebeschleunigung herangezogen wurden (*VIVC*, *Vitis* International Variety Catalogue).

Sortenname	Akzessionsnummer DGR (Deutsche Genbank Reben)
`Concord´	DEU098-1980-511
`Cook´	DEU098-1980-513
`Eaton 4N´	DEU098-1980-512
`Elvira´	DEU098-1980-519
`Essex´	DEU098-1989-159
`Hopkins´	DEU098-1991-040
`Isabella´	DEU098-1980-525
`Portland´	DEU098-1991-097
`Russkii Konkord´	DEU098-1988-150
`Vineland 53035´	DEU098-2006-073

2.1.3. Physikalische und chemische Analysemethoden

Verbrauchsmaterial:

- GERSTEL Twister, Länge 10 mm, Phasendicke 1 mm, Sorptionsphase Polydimethylsiloxan PDMS (Gerstel GmbH & Co. KG, Mülheim an der Ruhr, Deutschland)

Geräte:

- Hand-Refraktometer Nr. 7-0117 (NeoLab, Heidelberg, Deutschland)
- Sigma Labor Centrifuge 6K15 mit Angle Rotor x 250 ml 12256-H (Sigma Laborzentrifugen GmbH, Osterode am Harz, Deutschland)
- FTIR Grapescan 120 (Foss, Hamburg, Deutschland) mit institutseigener Kalibration
- Variomag Poly 15 „Twister“ Mehrstellenmagnetrührer (H + P Labortechnik AG, Oberschleißheim, Deutschland)

HPLC-Einheiten (Agilent Technologies, Wilmington, USA):

- Agilent Technologies 1100 + 1200 Series HPLC
- Degasser G1379A
- Binary pump G1312A
- Autosampler G1329A + ALS Therm G1330B
- Columnoven G1316A
- Diode-Array Detector DAD G1315D
- Massenspektrometer 6110 Quadrupole LC / MS
- Agilent HP-INNOWax Polyethylen-Glycol Column 30 m length, 250 µm diameter, 0,25 µm film thickness, polar
- Hi-Plex H 300 x 7,7 mm
- PL Hi-Plex H Guard Column 50 x 7,7 mm

GC-Einheiten (Gerstel GmbH & Co. KG, Mülheim an der Ruhr, Deutschland):

- GERSTEL TubeConditioner TC 2 mit GERSTEL Controller C200
- GERSTEL remote start manager RSM
- GERSTEL modular analytical systems controller MAS C506
- GERSTEL MultiPurposeSampler MPS 2
- GERSTEL cold injection system CIS
- GERSTEL thermal desorption unit TDU
- GERSTEL olfactory detection port ODP 3
- GERSTEL ODP pneumatics box
- GERSTEL olfactory intensity device OID interface
- GERSTEL universal peltier cooling UPC plus

GC-Einheiten (Agilent Technologies, Wilmington, USA):

- Agilent 6890 Gaschromatograph (Agilent Technologies, Wilmington, USA)
- Agilent 5975B inert XL EI / CI MSD („mass selective detector“)

Chemikalien von Sigma-Aldrich (Taufkirchen, Deutschland):

- Acetonitril HPLC grade > 99,9 % (CAS 64-18-6)
- 4-Hydroxy-2,5-dimethyl-3(2H)-furanon (= Furanol) $\geq 99,0$ % für Kalibrierung
- Methyl 2-aminobenzoate (= Methylantranilat) $\geq 99,0$ % für Kalibrierung
- 2,5-Dimethyl-4-methoxy-3(2H)-furanon (= Mesifuran) GC grade $\geq 97,0$ %

Chemikalien:

- Ameisensäure p. a. 98 % (CAS 75-08-8) (Merck, Darmstadt, Deutschland)
- Milli-Q water
- L(+)-Ascorbinsäure > 99,7 % (Merck, Darmstadt, Deutschland)
- 3-Decanol 97 % (Alfa Aesar, Karlsruhe, Deutschland)
- Natriumchlorid > 99,5 % (AppliChem GmbH, Darmstadt, Deutschland)
- Helium 5.0 (Linde, München, Deutschland)

2.1.4. Untersuchung der Reifeabhängigkeit von Beereninhaltsstoffen

- Polyethylenfolie lichtdurchlässig und luftundurchlässig (2 m Bahnbreite; 0,16 mm Dicke) (Raiffeisen Warenhandelsgesellschaft Südpfalz mbH, Ilbesheim, Deutschland)
- Lattenstücke 40 cm x 2,2 cm x 4,5 cm
- Holzschrauben 4 x 20 mm, Stahl gehärtet (Spax, Ennepetal, Deutschland)
- Akku-Zweigang-Bohrschrauber Lithium-Ionen PSR 18 LI-2 (Bosch, Gerlingen-Schillerhöhe, Deutschland)
- Klebeband Duct Tape 04610 (Tesa, Deutschland)
- Heftklammern 24/6 (Corporate Staples, Stuttgart, Deutschland)
- Schreibtisch-Heftgerät 5501 (Leitz, Stuttgart, Deutschland)

2.1.5. Statistik, genetische Untersuchungen und QTL-Kartierung

Verbrauchsmaterial:

- NucleoSpin 96 Plant II DNA Extraktionskit (Macherey-Nagel, Düren, Deutschland)
- 96er Deepwell-Platten (ABgene, Epson, UK)
- 1,5 und 2,0 mL Reaktionsgefäße (Eppendorf, Hamburg, Deutschland)
- 96- und 384-Well PCR Platten (Thermo Fisher Scientific, Waltham, USA)

Geräte:

- Gefriertrocknung LyoCube 4-8 (Christ, Osterode am Harz, Deutschland)
- Sigma Labor Zentrifuge 4K15C Qiagen, Venlo, Niederlande mit Plattenausschwingrotor Nr. 09366
- NanoPhotometer (Implen, München, Deutschland)
- Vortex-Genie 2 (Scientific Industries, Bohamia, New York, USA)
- Pipettierroboter FasTrans (AnalytikJena, Jena, Deutschland)
- Liquidator⁹⁶ (Steinbrenner Laborsysteme, Wiesenbach, Deutschland)
- Thermocycler GeneAmpR PCR System 9700 mit 96-Well Block (Applied Biosystems, Darmstadt, Deutschland)
- 16-ABI-Kapillar-Sequenzier mit einer 36 cm Kapillare (ABI 3130xl Genetic Analyzer, Applied Biosystems, Darmstadt, Deutschland)

Chemikalien:

- KAPA2G Fast Multiplex PCR Kit (KM 5802) (PeqLab, Erlangen, Deutschland)
- Größenstandard (JKI Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof)
- Laufpuffer NanoPOP7™ 10 x Running Buffer mit EDTA (MCLAB, San Francisco, USA), 1 : 1 verdünnt mit LiChrosolv Water
- LiChrosolv Water for Chromatography (Merck KGaA, Darmstadt, Deutschland)
- Custommade Oligos (metabion GmbH, Planegg-Steinkirchen, Deutschland)

Bioinformatische und biostatistische Programme zur Auswertung:

- R (R Core Team, 2013)
- Microsoft Office Excel 2007
- Grape Genome Browser & Genoscope BLAST Server 12x Pinot Noir 40024 Referenzgenom) zur Markerentwicklung (Jaillon *et al.*, 2007)
- WebSat (Martins *et al.*, 2009) zum Auffinden von Mikrosatelliten in DNA-Sequenzen und Primerdesign über integriertes Primer3 Tool
- <http://www.gramene.org/> für BLASTp (Proteinsequenzsuche)
- 3130xl Genetic Analyzer Data Collection Software v3.0 (Applied Biosystems, Darmstadt, Deutschland)
- GeneMapper 4.0 (Applied Biosystems, Darmstadt, Deutschland)
- MapQTL 6.0 (J.W. Van Ooijen, 2009)

Die verwendete Kopplungskarte der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba' wurde von Dr. Martina Bonow-Rex im Rahmen des BLE geförderten Projekt „Erhöhung des Anteils positiver und Verminderung des Anteils negativer Inhaltsstoffe in Weinbeeren (*Vitis vinifera*), Teilprojekt 1: Bestimmung wertgebender Inhaltsstoffe und Negativaromen („Fehlaromen“ u. a.) in Zuchtmaterial und genetischen Ressourcen“ erstellt und umfasst 337 SSR-Marker, die alle 19 Chromosomen der Rebe abdecken.

Die Karte hatte eine Gesamtgröße von 1 499 cM und der Markerabstand betrug durchschnittlich 4,45 cM. Die Karte ist im Anhang dargestellt (Abb. 40 bis Abb. 44 im Anhang).

Die Oligonukleotide stammten vom VMC (*Vitis* Microsatellite Consortium) in Frankreich, waren UDV- (Di Gaspero *et al.*, 2005), VVI- (Merdinoglu *et al.*, 2005), VVMD- (Bowers *et al.*, 1999), VCHR- (Cipriani *et al.*, 2008), VrZAG- (Sefc *et al.*, 1999) GF (Fechter *et al.*, 2012; Rex *et al.*, 2014; Schwander *et al.*, 2012; Zhang *et al.*, 2009). Verwendet wurden außerdem bislang unveröffentlichte GF-Primer vom JKI-ZR. Für die Sortenidentifizierung und Verwandtschaftsanalysen wurde das von Laucou *et al.* (2011) beschriebene Markerset mit einbezogen. Das Blütengeschlecht wurde mit dem InDel Marker für die APT (Adenin-Phosphoribosyltransferase) ermittelt (Fechter *et al.*, 2012). Die Untersuchung des Beerenfarblocus erfolgte mit dem SSR Marker GF02-55 (Huber *et al.*, 2016).

2.2. Methoden

2.2.1. Boniturparameter

Die Feststellung des Reifeverlaufs und des Gesundheitszustands der Pflanzen diente u. a. der Ertragsabschätzung und Organisation des Erntezeitpunktes. Die Erhebung erfolgte von Ende Mai bis zur Erntezeit anhand folgender Boniturstadien:

- Vor der Blüte: Anzahl der Triebe und Gescheine pro Stock
- Datum der Vollblüte (50 % der Blütenköpfe abgeworfen, BBCH 65)
- Nach der Blüte: Anzahl der Trauben pro Stock, Beerendichte (OIV 204)
- *Véraison* = Beginn der Beerenreife (BBCH 83) (Winkler, 1974)
- Zur Ernte: „slip skin“ (0 = nicht vorhanden, 1 = vorhanden)

2.2.2. Physikalische und chemische Analysemethoden

Die Ernte erfolgte für alle Genotypen individuell je nach Beerenreife, mit Erreichen eines Mindestmostgewichts von 70 °Oe. Untersucht wurde der Most, also der unbehandelte, frisch gepresste Saft der Trauben. Nach dem Vermosten mit Handpressen wurde für 10 Min bei 11 000 rpm zentrifugiert, um die Schwebstoffe zu entfernen. Mittels FTIR-Spektroskopie wurden u. a. die Dichte [g/L] und damit das Mostgewicht, sowie die titrierbare Gesamtsäure [g/L] erfasst. Pro FTIR-Analyse war ein Probenvolumen von 30 mL erforderlich. Bei Genotypen mit einem zu geringen Traubenertrag wurde ausschließlich das Mostgewicht mittels Refraktometrie ermittelt.

Die HPLC wurde zur Untersuchung der Furaneolgehalte durchgeführt. 1 mL des Weins oder abzentrifugierten Mosts wurden mit 20 μ L des internen Standards (IS) Mesifuran (GC grade \geq 97,0 % von Sigma-Aldrich, $c = 0,05$ mg/L) versetzt. Die Injektionsmenge betrug 20 μ L. Die Durchflussrate betrug 0,5 mL/Min.

Die Trennung erfolgte isokratisch mit einer 80-prozentigen Ameisensäurelösung (CH_2O_2 98 %, Merck) und einer 20-prozentigen Acetonitrillösung ($\text{C}_2\text{H}_3\text{N}$ HPLC grade $>$ 99,9 %, Sigma-Aldrich). Beide Lösungen wurden mit deionisiertem H_2O hergestellt und entgast. Manche Mostproben enthielten (erfahrungsgemäß) natives Mesifuran (Rapp *et al.*, 1980; Rapp & Mandery, 1986); daher wurden Doppelanalysen jeweils mit und ohne IS durchgeführt.

Da ertragsbedingt in den meisten Fällen kein Weinausbau von Einzelpflanzen möglich war, wurde vorwiegend der Most analysiert. Freies Furaneol ist im Most instabil und degradiert, sobald die Beerenhaut verletzt wird (Guedes de Pinho & Bertrand, 1995; Sanz *et al.*, 1994; Siegmund *et al.*, 2010). Daher wurde die Aufarbeitung der Mostproben für die HPLC in Voruntersuchungen optimiert (3.1, S. 26). Es bewährte sich die Zugabe von 50 μ L Ascorbinsäure ($c = 600$ mg/50 mL) als Antioxidationsmittel, also 0,6 g Ascorbinsäure auf 1 L abzentrifugierten Most. Die Proben wurden, soweit möglich, umgehend analysiert. Die Proben mit erfahrungsgemäß hohem Furaneolgehalt wurden mit zugegebener Ascorbinsäure bei -20 °C bis zur Analyse (spätestens vier Wochen nach der Ernte) eingefroren.

Die GC-MS-Analyse erfolgte überwiegend an eingefrorenem und bei -20 °C gelagertem Most oder soweit möglich an Frischmost. Ein Probenvolumen von 20 mL wurde für die SBSE-Festphasenextraktion (20 h, 700 rpm, engl. „stir bar sorptive extraction“) verwendet. Weine wurden dazu 1:11 in Wasser verdünnt, da das Chromatogramm sonst von organischen Säuren übersättigt wird. Je Probe wurden 5 g Natriumchlorid zugesetzt, um die Extraktion von polaren Stoffen zu fördern. Als interner Standard (IS) wurden 3 μ L 3-Decanol (97 % von Alfa Aesar) zugegeben. Die splitlose Überführung der extrahierten Substanzen erfolgte durch die Desorption des Twisters im TDU. Die Flussrate des Trägergases Helium betrug 1 mL/Min. Die Detektion erfolgte per Quadrupole MSD („mass selective detector“) im Scan-Modus. Unter den gewählten Extraktions- und Analysebedingungen können bis zu 118 verschiedene Aromastoffe im Most oder Wein identifiziert werden.

GC-O-MS-Analysen wurden zur Identifizierung der für „Fehlnoten“ verantwortlichen Aromastoffe durchgeführt. Je Probe wurden die organoleptischen Daten von drei bis sechs Panelmitgliedern zwischen den Retentionszeiten 5 und 80 Min erfasst. Jede Probe wurde in drei Läufen untersucht. Die Prüfer wechselten sich nach den gewählten Retentionszeiten Minute 23 und 56 ab, um Ermüdungserscheinungen vorzubeugen.

Der Most ausgesuchter Genotypen wurde durch Mikrovinifikation im Versuchswinkeller des Instituts zu Wein vergoren (Tab. 5, S. 16) und das restliche Material wie oben beschrieben analysiert.

2.2.3. Untersuchung der Reifeabhängigkeit von Beereninhaltsstoffen

Zur experimentellen Untersuchung der Reifeabhängigkeit von Furanol im Rahmen einer Pilotstudie, sollten die Beeren und Moste von zehn *Vitis labrusca*-Nachkommen (3.2) bei zwei verschiedenen Reifestadien untersucht werden. Zur Reifebeschleunigung wurde eine Methode gewählt, die sich in der Züchtung am JKI-ZR bereits bewährt hat, um Pollen von später blühenden Sorten rechtzeitig zur Kreuzung verfügbar zu machen. Entsprechend wurde je eine Pflanze jeder Akzession im Frühjahr mit einer lichtdurchlässigen, luftundurchlässigen Polyethylenfolie eingepackt als die Triebe vier bis sechs Blätter zeigten (BBCH 14-16) (Abb. 7, S. 22). Die Folien wurden passend zugeschnitten, der Länge nach mittig gefaltet und mit der offenen Seite nach unten über einen Rebstock gehalten. Als Abstandshalter wurden zwei Lattenstücke quer neben der Pflanze auf einer Höhe von etwa 1 m platziert und von außen an der Folie mit Holzschrauben mit einem Akku-Bohrschrauber befestigt. Die Schraubköpfe wurden mit Klebeband abgeklebt. Alle offenen Seiten wurden zuerst in Abständen von etwa 2 cm mit Heftklammern; vorher wurden die Folienränder gefaltet. Alle Stellen, die noch winddurchlässig waren, wurden mit Klebeband versiegelt. Die Folien wurden nach sechs Wochen wieder entfernt. Im Herbst wurden beide Varianten jeder Akzession zum gleichen Termin geerntet und analysiert (FTIR, HPLC und Organoleptik).



Abb. 7: Versuchsaufbau zur gezielten Reifebeschleunigung der Beerenreife.

2.2.4. Sensorische Untersuchungen mittels Triangeltest

Um sich an die Wahrnehmungsschwelle heranzutasten, wurden Vorversuche in kleinerem Rahmen durchgeführt (drei bis vier Prüfer). Zwei neutrale Grundweine (Rebsorten `Heunisch Weiss`, Jahrgang 2014 und `Pinot Noir`, Jahrgang 2014) wurden durch Zugabe entsprechender Mengen auf gestaffelte Furaneolkonzentrationen absteigend im Bereich von 1 000 bis 0 ppm eingestellt (1 000, 500, 250, 100, 50, 20, 10, 5, 1, 0,5, 0,25, 0,1, 0,0 ppm) und sensorisch bewertet. Basierend auf diesen ersten Ergebnissen wurden sechs Konzentrationsstufen im Bereich von 0,5 bis 10,0 ppm für einen Triangeltest gewählt (Braun *et al.*, 2016; Busch-Stockfisch, 2015). Die Probencodierung resultierte aus Zufallszahlen und die Probenaufstellung war randomisiert (Kummer, 2015). Die Auswertung erfolgte nach Roessler *et al.* (1948).

2.2.5. Organoleptische Untersuchungen

Die Organoleptik wurde von einem erfahrenen Panel durchgeführt (sechs Personen). Die Bewertung erfolgte nach dem in Tab. 7 gezeigten Punktesystem.

Tab. 7: Bonitursystem zur Bewertung der wahrgenommenen Intensität von Süße, Säure, sowie „Erdbeer-“ und „Mottenkugelt“.

Boniturnote	Beschreibung
0	nicht wahrnehmbar
1	Schwellenwertbereich
2	schwache Intensität
3	mittlere Intensität
4	starke Intensität
5	extrem starke Intensität

Im Jahr 2014 wurden auf diese Weise erstmals quantitativ-organoleptische Daten an Beeren von 222 zur Rebsortensammlung des JKI-ZR gehörenden Sorten erfasst. Größtenteils wurden diese Bewertungen durch verbale Aromenbeschreibungen ergänzt. Die Organoleptik an Beeren von 168 Sorten erfolgte im Jahr 2015 auf die gleiche Weise, allerdings dieses Mal an anonymisierten Proben. Die Daten von Sorten, die in beiden Jahren erhoben wurden, sind im Anhang aufgelistet (Tab. 19).

Während der GC-O-MS-Analyse wurden die Geruchsintensität (1 = schwach, 2 = mittel, 3 = stark) und die persönliche Qualitätsbewertung (positiv, neutral oder negativ) eingeschätzt, sowie die Aromen mit Anlehnung an die Terminologie von Noble *et al.* (1987) beschrieben (Abb. 8).

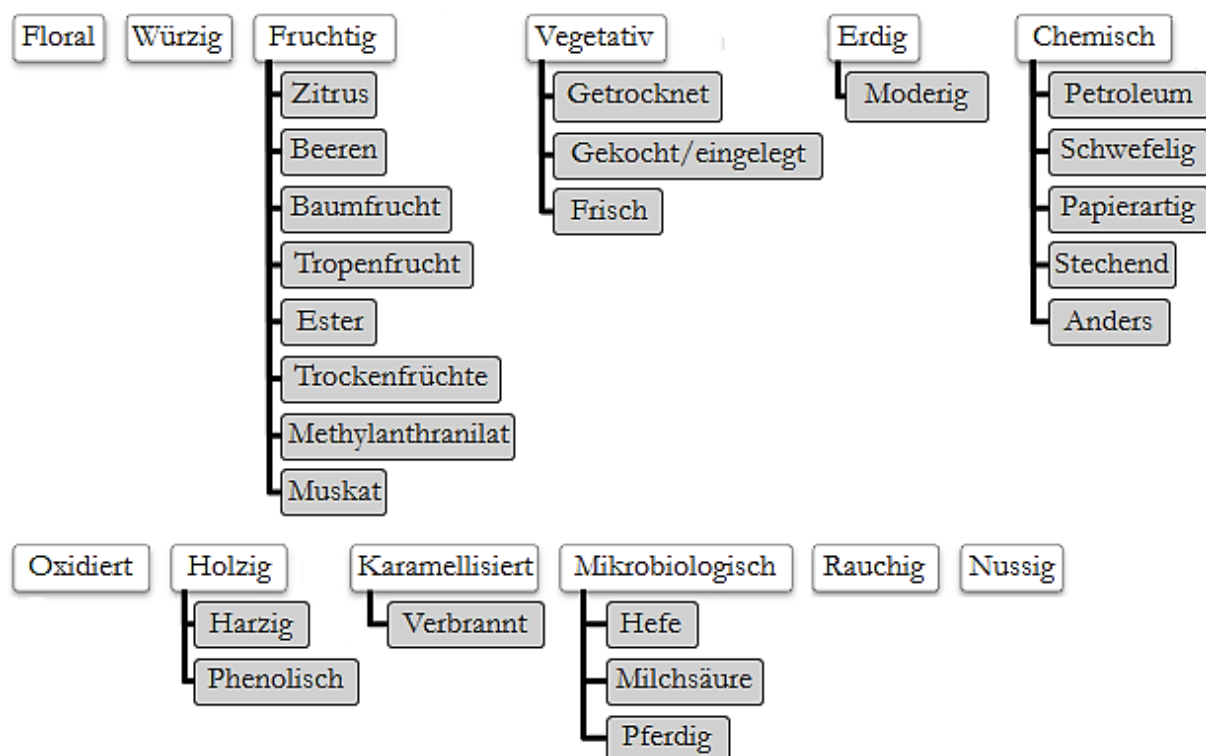


Abb. 8: Terminologie zur Aromenbeschreibung in Anlehnung an Noble *et al.* (1987).

2.2.6. Statistik, genetische Untersuchungen und QTL-Kartierung

Die Prüfung der phänotypischen Daten auf Normalverteilung erfolgte mit der Software R (R Core Team, 2013) (deskriptive Analyse und Shapiro-Wilk Test).

SSR-Markeranalysen dienten zur Sortenidentifizierung, Durchführung von Verwandtschaftsanalysen, Hintergrundselektion sowie Kartierungsarbeiten und waren damit die Grundlage für QTL-Analysen. Nach der Gefriertrocknung von Rebblättern erfolgten die DNA-Extraktionen nach dem Herstellerprotokoll des DNA-Extraktionskits von Macherey-Nagel. Typische DNA-Konzentrationen lagen bei etwa 30 ng/μL. Wasser bidest. diente der Negativkontrolle.

Die Multiplex-PCRs wurden mit zwei bis zehn Primerpaaren je Reaktionsansatz durchgeführt. Sie wurden nach den zu erwartenden Fragmentgrößen ihrer PCR-Produkte und der jeweiligen Fluoreszenzmarkierung der Forward-Primer (TAMRA, ROX, HEX oder FAM) zusammengestellt. Es wurden 1 μL unverdünnte Matrizen-DNA und je 0,2 μM Primer eingesetzt. PCR-Programm: Initiale Denaturierung für 3 Min bei 95 °C. 30 Zyklen: Denaturierung für 30 s bei 94 °C, Annealing für 90 s bei 60 °C, Synthese bei 72 °C für 1 Min. Finale Synthese für 30 Min bei 72 °C.

Die PCR-Produkte wurden gelelektrophoretisch im ABI-Kapillar-Sequenzier 3130xl aufgetrennt und über die Genetic Analyzer Data Collection Software aufgezeichnet. Die Auswertung der Fragmentgrößen erfolgte mit dem Programm GeneMapper 4.0.

Der erste Ansatz zur Identifizierung des *Vitis vinifera*-Vorfahrens von 'Catawba' war ein Abgleich der SSR-Daten mit der SSR-Datenbank des JKI-ZR. Der genetische Fingerabdruck von 'Sémillon' mit 15 ungekoppelten, zufällig über das Genom verteilten Markern, zeigte als einziger eine mögliche Übereinstimmung (pers. Mitteilung, Dr. Erika Maul, JKI-ZR).

Für die QTL-Analyse mit den erhobenen Merkmalsdaten und der bereits verfügbaren genetischen Karte wurde das Programm „MapQTL 6.0“ verwendet. Gewählt wurden die Analysemethoden IM (Intervallkartierung) und MQM (multiple QTL-Kartierung) (Van Ooijen, 2009). Korrelierende Marker wurden mit Kruskal-Wallis-Analysen identifiziert (Kruskal & Wallis, 1952). Die QTLs wurden mit MapChart 2.2 dargestellt (Voorrips, 2002).

3. Ergebnisse

3.1. Methodenetablierung „Furaneolanalyse“

Das von Rapp *et al.* (1980) beschriebene Verfahren zur Furaneolanalyse basierte auf einer Extraktion mit Freon als polares Lösungsmittel mit niedrigem Siedepunkt. Allerdings ist dieses Protokoll nach dem Verbot von FCKW nicht mehr nutzbar. Daher war es erforderlich, die Analytik auf eine alternative Methode umzustellen. Diese Umstellung erforderte die Etablierung einer Stabilisierungsmethode des Aromastoffs Furaneol in Most für die HPLC-MS-Analyse. 2013 konnte in der Kreuzungspopulation 'Blaifränkisch' x 'Catawba' kein oder nur geringste Mengen an Furaneol nachgewiesen werden. Geringe Mengen an Furaneol und die hohe Instabilität des Furaneols im Most führten wohl oft zum Unterschreiten der analytischen Nachweisgrenze. Furaneol erwies sich in der Weinmatrix als stabil, doch im Most degradiert es rasch, wenn es nicht glykosidisch gebunden (und damit nicht geruchsaktiv) vorliegt (Sanz *et al.*, 1994; Schwab, 2013; Zabetakis *et al.*, 1999). Sobald die Beerenhaut verletzt wird, ist das freie Furaneol im Most der oxidativen Degradation ausgesetzt (Sanz *et al.*, 1994) (Abb. 9). Wegen der teilweise geringen Menge an Traubenmaterial und des schnellen Abbaus von Furaneol nach dem Pressen der Trauben, war eine Methodenetablierung diesbezüglich notwendig.

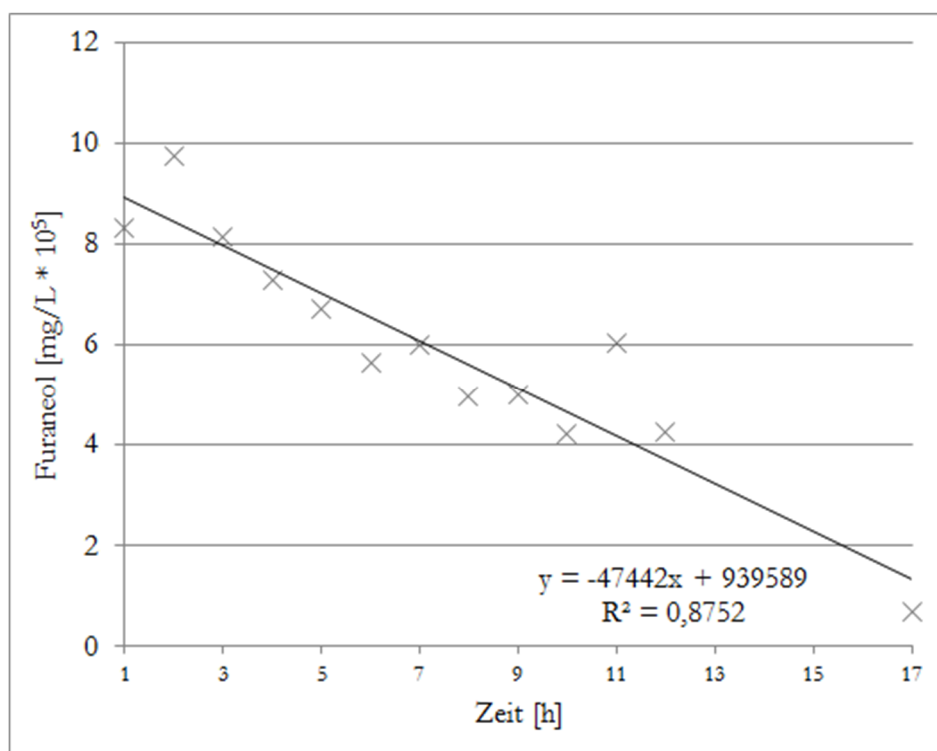


Abb. 9: Im Verlauf von 17 Stunden (Raumtemperatur) ist bei einer Anfangskonzentration von 10 mg/L Furaneol in Rieslingmost 90 % des Furaneols degradiert.

Zur Stabilisierung von zugesetztem Furaneol ($c = 7,5 \text{ mg/L}$) in einem Rieslingmost (Jahrgang 2013) wurden die Zusätze zweier Antioxidantien getestet, nämlich Acetonitril ($c = 10 \text{ Vol-\%}$) und Ascorbinsäure ($c = 200 \text{ mg/L}$). Sowohl Acetonitril als auch Ascorbinsäure erwiesen sich als gute Stabilisierungsmittel des in Rieslingmost zugesetzten Furaneols. Weil Acetonitril als Lösungsmittelabfall gilt, besonderer Entsorgungsmaßnahmen bedarf und kein Unterschied zur Wirkung der Ascorbinsäure vorlag, wurden weitere Testreihen mit Ascorbinsäure durchgeführt. Es wurde getestet, ob Ascorbinsäure auch das intrinsische Furaneol im Most von *Vitis labrusca*-Hybriden stabilisiert und wie sich unterschiedliche Ascorbinsäurekonzentrationen auswirken. Dazu wurde eine Sorte mit *Vitis labrusca*-Hintergrund ('Diana', Akzessionsnummer DEU098-1980-515 (DGR, Deutsche Genbank Reben)) mit und ohne Ascorbinsäurezusatz im Verlauf von 24 Stunden gemessen. Durch die Ascorbinsäurezugabe verzögerte sich der Furaneolabbau und es konnte noch bis etwa 24 Stunden später Furaneol detektiert werden (Abb. 10).

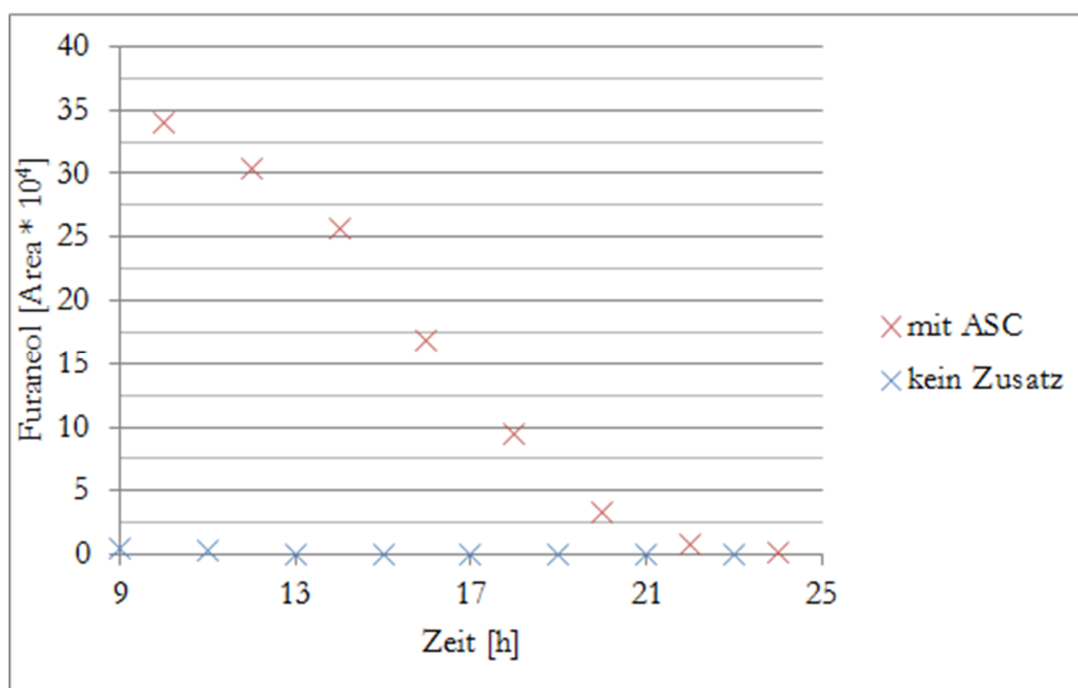


Abb. 10: Die Zugabe von Ascorbinsäure (ASC; $c = 200 \text{ mg/L}$) stabilisiert auch intrinsisches Furaneol im Most der *Vitis labrusca*-Hybriden wie 'Diana'.

Mit zunehmender Ascorbinsäurekonzentration im 'Diana'-Most war der Gehalt an intrinsischem Furaneol nach zwei Tagen höher (Abb. 11). Je höher also die Ascorbinsäurekonzentration, desto besser wird Furaneol von dem Antioxidans stabilisiert.

Entsprechend wurde Ascorbinsäure danach stets mit einer hohen Endkonzentration von 0,6 g/L eingesetzt. Abb. 12 (S. 29) zeigt die letztlich erfolgreiche Kalibrierung von Furaneol im Most.

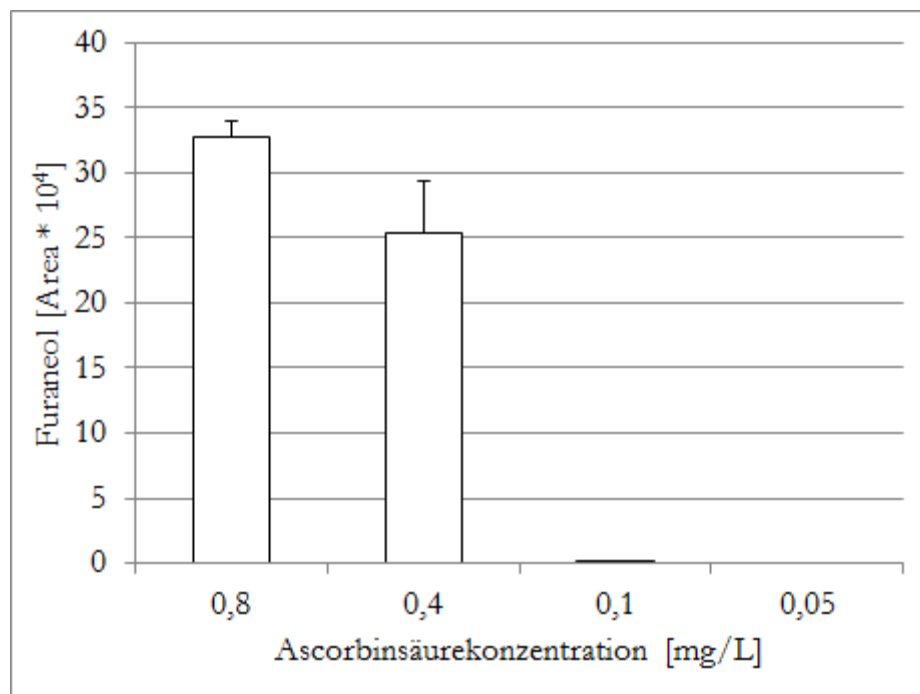


Abb. 11: Der Furaneolgehalt in Most der *Vitis labrusca*-Hybriden 'Diana' nach zwei Tagen. Im Vergleich wurden verschiedene Konzentrationen des Antioxidans Ascorbinsäure zur Stabilisierung eingesetzt (je zwei technische Wiederholungen).

Im Erntejahr 2013 stellte sich heraus, dass in manchen Wildarthybriden der Sortimentssammlung Mesifuran intrinsisch vorkommt. Da dieses Furaneolderivat 2013 als interner Standard (IS) für die HPLC eingesetzt wurde, sind daraufhin alternative Substanzen getestet worden. Insgesamt wurden 12 weitere Chemikalien auf ihre Verwendbarkeit geprüft (Tab. 22 im Anhang). Da keines der getesteten Substanzen als HPLC-MS-Standard ausnahmslos zufriedenstellend war (s. Problematiken in Tab. 22 im Anhang) wurde das Mesifuran als IS beibehalten. Dabei wurden für die Sorten mit potentiell nativem Mesifuran doppelte Messungen (einmal mit und einmal ohne Mesifuran-IS) durchgeführt, um das native Mesifuran mit dem IS verrechnen zu können.

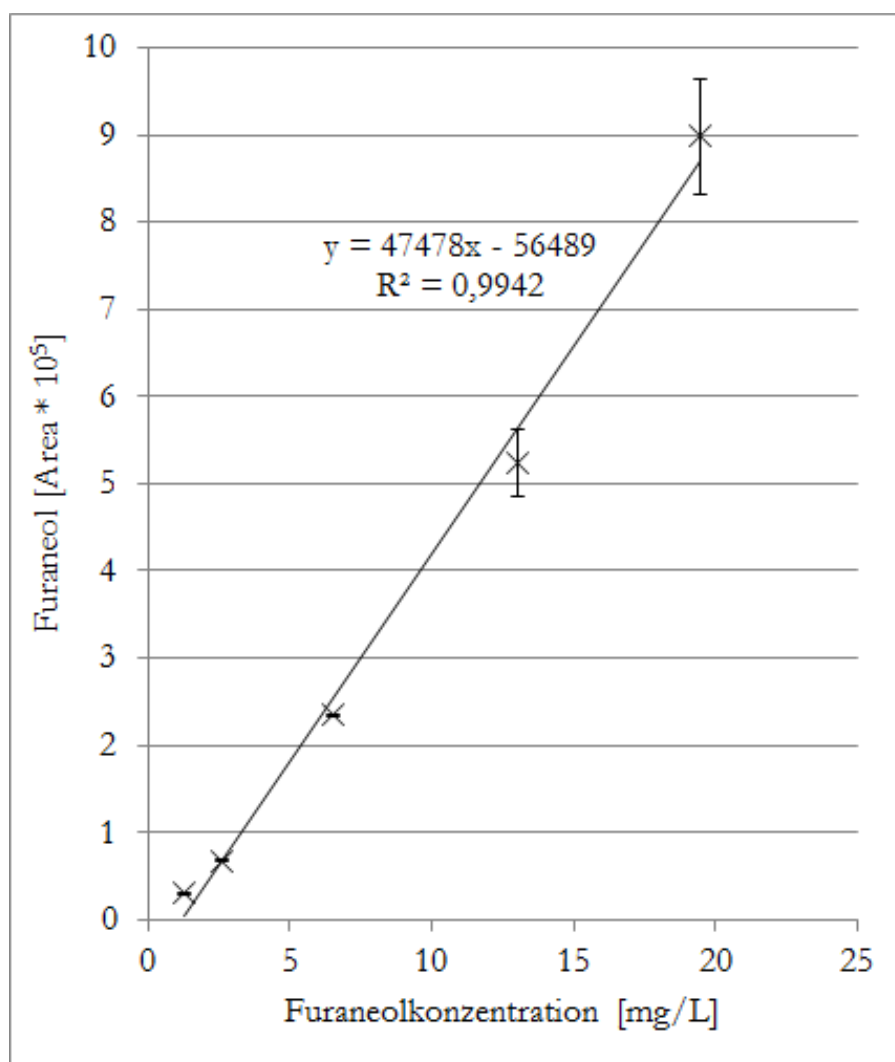


Abb. 12: Kalibrierung von Furaneol unter Zugabe von Ascorbinsäure in Rieslingmost (je drei technische Wiederholungen).

3.2. Methodenentwicklung „Nachweis der Reifeabhängigkeit des Furaneols“

Zwar ist für `Catawba` das Vorhandensein des „Foxtons“ beschrieben, allerdings konnte Furaneol nicht in allen Jahren analytisch nachgewiesen werden (Pinney (2007), Tab. 18 auf S. 55, pers. Mitteilung, Dr. Florian Schwander, JKI-ZR). Da `Catawba` eine spät reifende Sorte ist (Babo & Rümpler, 1885), kommt sie unter den Klimabedingungen in Deutschland nicht in allen Jahren zur optimalen Reife. Die über mehrere Jahre parallel vorliegenden Daten zum Furaneol- und Zuckergehalt von weiteren Genotypen deuteten auf eine erhebliche Reifeabhängigkeit des Furaneolgehalts hin (Abb. 18 auf S. 39 und Tab. 18). Eine Reifebeschleunigung müsste demnach zum Anstieg des Furaneolgehalts führen. Es sollte experimentell untersucht werden, ob der Furaneolgehalt bei günstigeren Klimabedingungen wesentlich steigt und wie sich das auf die Wahrnehmung als „Erdbeerton“ auswirkt. Dazu sollte eine geeignete Methode entwickelt werden.

Um eine Reifebeschleunigung einzelner Rebstöcke von zehn Genotypen mit *Vitis labrusca*-Hintergrund zu erzielen, wurden sie wie in 2.2.3 (S. 22) beschrieben in eine lichtdurchlässige Folie eingepackt. Dies führte zu einer früheren Blüte und einem früheren Einsetzen der *Véraison* (Abb. 13).

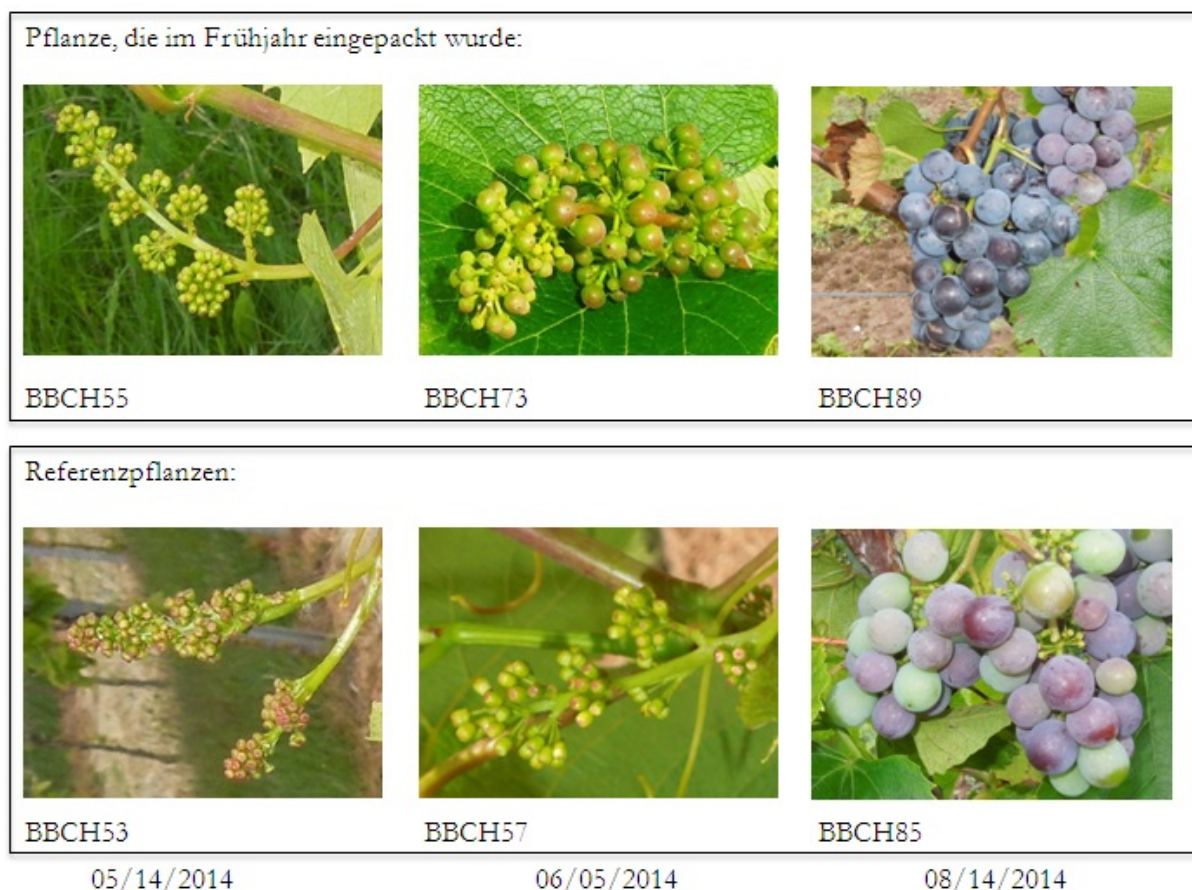


Abb. 13: Der reifebeschleunigte Rebstock der Sorte 'Cook' war den Vergleichspflanzen in seiner Blüten- und Traubentwicklung um etwa zwei Wochen voraus. Oben: Entwicklungsbeschleunigung durch Folienverpackung, Unten: Kontrolle mit regulärem Entwicklungsverlauf.

Der erzielte Reifevorsprung betrug etwa zwei Wochen und führte zum Zeitpunkt der Lese zu einem deutlich höheren Zuckergehalt in den Mosten im Vergleich zu nicht mit Folie eingepackten Kontrollpflanzen. Ebenso führte die Reifebeschleunigung zu einem deutlichen Anstieg des Furaneolgehalts (Tab. 8, S. 31). Entsprechend wurde der „Erdbeerton“ in acht Proben von den Testpersonen als intensiver wahrgenommen (Mediane um 1 bis 3 Kategorienstufen höher). In zwei Fällen ('Essex' und 'Isabella') wurden keine organoleptischen Intensitätsunterschiede zur Kontrolle festgestellt.

Tab. 8: Ergebnis zur Reifebeschleunigung der folienverpackten Rebstöcke (weiß hinterlegt *) im Vergleich zu den nichtverpackten, benachbarten Kontrollpflanzen (grau hinterlegt). Organoleptische Boniturnoten: Mediane von sechs Testern.

Genotyp	Furaneol [$\mu\text{g/L}$]	Mostgewicht [$^{\circ}\text{Oe}$]	Gesamtsäure [g/L]	„Erdbeerton“
`Concord`*	4726	72	5,6	3
`Concord`	3950	72	7,0	1
`Cook`*	10373	81	9,2	4
`Cook`	241	68	9,6	3
`Eaton 4N`*	11056	66	7,4	3
`Eaton 4N`	5020	68	12,2	2
`Elvira`*	8500	81	10,5	1
`Elvira`	377	53	Keine Daten	0
`Essex`*	4702	68	12,1	1
`Essex`	956	62	17,0	1
`Hopkins`*	3270	83	5,2	4
`Hopkins`	1427	74	7,1	1
`Isabella`*	4478	88	11,3	3
`Isabella`	1248	86	15,0	3
`Portland`*	5985	70	6,0	4
`Portland`	739	58	15,5	2
`Russkii Konkord`*	897	92	4,1	4
`Russkii Konkord`	609	83	7,2	3
`Vineland 53035`*	14629	94	6,5	2
`Vineland 53035`	9950	94	5,4	1
Mittelwert der Veränderung im Zuge der Reifeverfrühung	908 %	112 %	75 %	184 %

3.3. Wahrnehmungsschwelle von Furaneol in Wein (Triangeltest)

In der Literatur gibt es keine statistisch belegten Schwellenwerte für die Wahrnehmung von Furaneol in Wein (Genovese *et al.*, 2005). Mittels Triangeltest sollte die Wahrnehmungsschwelle bestimmt werden, um die organoleptische Rolle des Furaneols in exemplarischen Weinen beurteilen zu können. Es wurde je ein Triangeltest für einen Weißwein (`Heunisch Weiss`) und Rotwein (`Pinot Noir`) durchgeführt.

Den Testern wurden Dreiersets mit anonymen Proben vorgesetzt und es sollte die jeweilige abweichende Probe benannt werden. Dadurch wurde die Wahrnehmbarkeit von zugesetztem Furaneol in unterschiedlichen Konzentrationen, abgefragt. An sechs Sensorikplätzen gab es je eine Probe mit einer Furaneolkonzentration im vermuteten Wahrnehmungsschwellenbereich. Die Anzahl der korrekten Antworten ist für beide Weinarten in Abb. 14 gezeigt. Der Unterschied zwischen dem Grundwein und den mit Furaneol versetzten Proben wurde von den Probanden bei den zwei geringsten Konzentrationen (1,0 und 0,5 ppm) geruchlich nicht signifikant wahrgenommen ($\alpha = 0,001$). Der statistisch gesicherte, olfaktorische Wahrnehmungsschwellenbereich in den Weinen 'Heunisch Weiss' und 'Pinot Noir' lag unter 2,5 ppm.

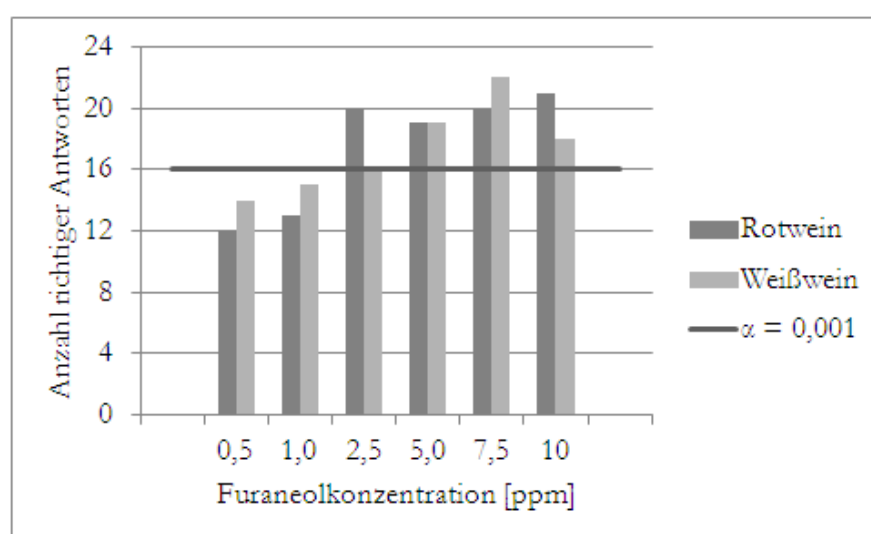


Abb. 14: Häufigkeit der korrekten Benennung des mit Furaneol versetzten Weins an den sechs Stationen im Rahmen des Triangeltests. Signifikanzgrenze $\alpha = 0,001$ beträgt 16 richtige Antworten bei 24 Prüfern.

3.4. „Fehlaromen“ in Nachkommen von *Vitis riparia* und *Vitis cinerea*

Mit der Arthybride 'Börner' (*Vitis riparia* x *Vitis cinerea*) im Stammbaum wurden „Fehlaromen“ in den Halbgeschwisterpopulationen 'Pinot Blanc' x ((*Schiava Grossa* x 'Riesling') x 'Börner') erwartet. Da sowohl 'Börner' als auch die drei Pollendonoren für die Pseudorückkreuzungen männlichen Blütingeschlechts sind, wurden zunächst ausgewählte Sortimentssorten mit einer Abstammung von *Vitis riparia* und / oder *Vitis cinerea* organoleptisch und gaschromatographisch (GC-O-MS-Analyse) untersucht. Es sollte geklärt werden, ob es 1) in diesem genetischen Hintergrund den „Foxton“ gibt und 2) ob weitere / andere „Fehlaromen“ detektiert werden können.

Alle untersuchten Moste und Weine der `Börner`-Kreuzungsnachkommen wurden bei Direktverkostung von den geschulten Testern bezüglich der beiden negativen Aromen „Erdbeer-“ und „Mottenkugelton“ mit der organoleptischen Intensitätsnote 0 (= nicht wahrnehmbar) beurteilt (Daten nicht gezeigt). In den Mosten und Weinen der `Börner`-Kreuzungsnachkommen konnte nach gaschromatographischer Auftrennung Methylantranilat olfaktorisch am ODP nachgewiesen werden (Tab. 9, S. 34). Der Nachweis erfolgt über den Geruchseindruck „Mottenkugelton“ und die Zuordnung anhand der Retentionszeit. Der analytische Nachweis einer sehr niedrigen Methylantranilatkonzentration (0,1 µg/L) über das Massenspektrometer konnte für einen Genotypen erfolgen. Bei den übrigen `Börner`-Kreuzungsnachkommen war der Methylantranilatgehalt unterhalb der Nachweisgrenze des Massenspektrometers (0,1 µg/L, Tab. 9). Dies war auch teilweise bei Weinen von Sorten der Kulturart *Vitis vinifera* der Fall. Der „Mottenkugelton“ war bei Gehalten von 0,6 µg/L und höher von organoleptischer Relevanz in der Direktverkostung, also im Most von `Captivator` und dem Wein von `Isabella`. Solche Gehalte wurden in dieser Untersuchung nur in *Vitis labrusca*-Nachkommen mit einer nahen Verwandtschaft zu dieser Wildart detektiert. Im Wein der als Referenz genutzten Rebsorte `Regent` war kein Methylantranilat nachweisbar, weder analytisch noch olfaktorisch über den ODP.

In der durchgeführten GC-O-MS-Analyse wurde das Methylantranilat von den Testern vorwiegend als „rauchig“, „süß“ und „muffig“ beschrieben (Abb. 15). Furaneol wurde meist mit „verbrannter Zucker“ und „Karamell“ assoziiert (Abb. 16, S. 35).

Tab. 9: Durch GC-O-MS-Analyse ermittelte Methylantranilatwerte. N. d. = nicht detektierbar. Detektionsgrenze = 0,1 µg/L. Proben mit organoleptisch wahrgenommenem „Mottenkugeltön“ sind dunkelgrau unterlegt. * = Wahrnehmung des „Mottenkugeltöns“ ausschließlich über den ODP.

Sorte	Probe	Abstammung	Methylantranilat [µg/L]
‘Pinot Blanc’	Most	<i>Vitis vinifera</i>	N. d.
Gf.2008-082-543 (‘Pinot Blanc’ x Gf.1998-042-0055)	Most	<i>Vitis vinifera</i> <i>Vitis riparia</i> <i>Vitis cinerea</i>	N. d.*
Gf.2008-082-552 (‘Pinot Blanc’ x Gf.1998-042-0055)			N. d.*
Gf.2008-083-139 (‘Pinot Blanc’ x Gf.1998-042-0109)			N. d.*
Gf.2008-083-601 (‘Pinot Blanc’ x Gf.1998-042-0109)			0,1*
Gf.1998-42 Mischprobe (Gf.V3125 x ‘Börner’)			N. d.*
‘Captivator’			Most
‘Pinot Noir’	Rotwein	<i>Vitis vinifera</i>	N. d.
‘Bacchus’	Weißwein		N. d.*
‘Morio Muskat’			N. d.*
‘Sauvignon Blanc’			N. d.
‘Riesling’			N. d.
‘Pinot Blanc’			N. d.
Gf.2008-083-547 (‘Pinot Blanc’ x Gf.1998-042-0109)		Weißwein	<i>Vitis vinifera</i> <i>Vitis riparia</i> <i>Vitis cinerea</i>
Gf.1998-42 Mischprobe (Gf.V3125 x ‘Börner’)	Rotwein		N. d.*
‘Regent’	Rotwein	<i>Vitis vinifera</i> , <i>Vitis cinerea</i> , <i>Vitis rupestris</i> , <i>Vitis riparia</i> , <i>Vitis berlandieri</i> , <i>Vitis lincecumii</i> , <i>Vitis aestivalis</i> , <i>Vitis labrusca</i>	N. d.
‘Isabella’	Weißwein	<i>Vitis vinifera</i> <i>Vitis labrusca</i>	0,6

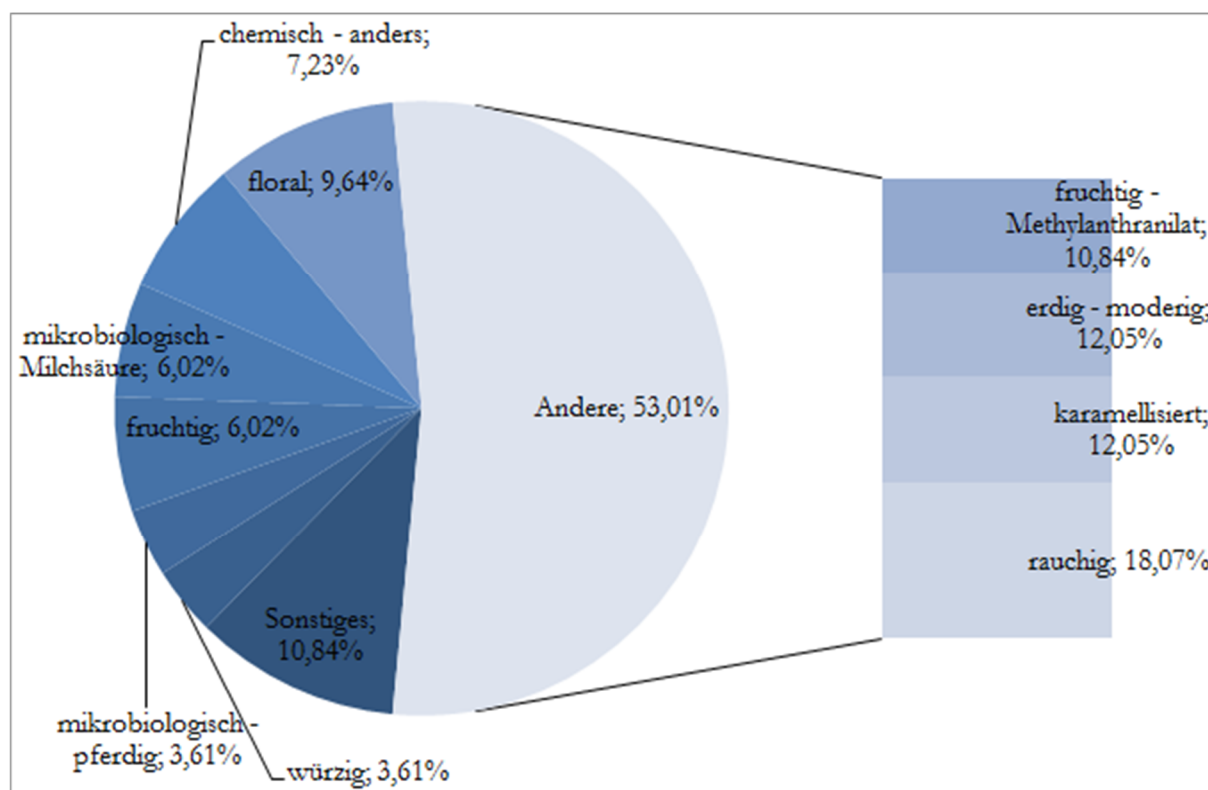


Abb. 15: Attribute, mit denen das Methylanthranilat in den GC-O-MS-Analysen verschiedener Moste und Weine beschrieben wurde.

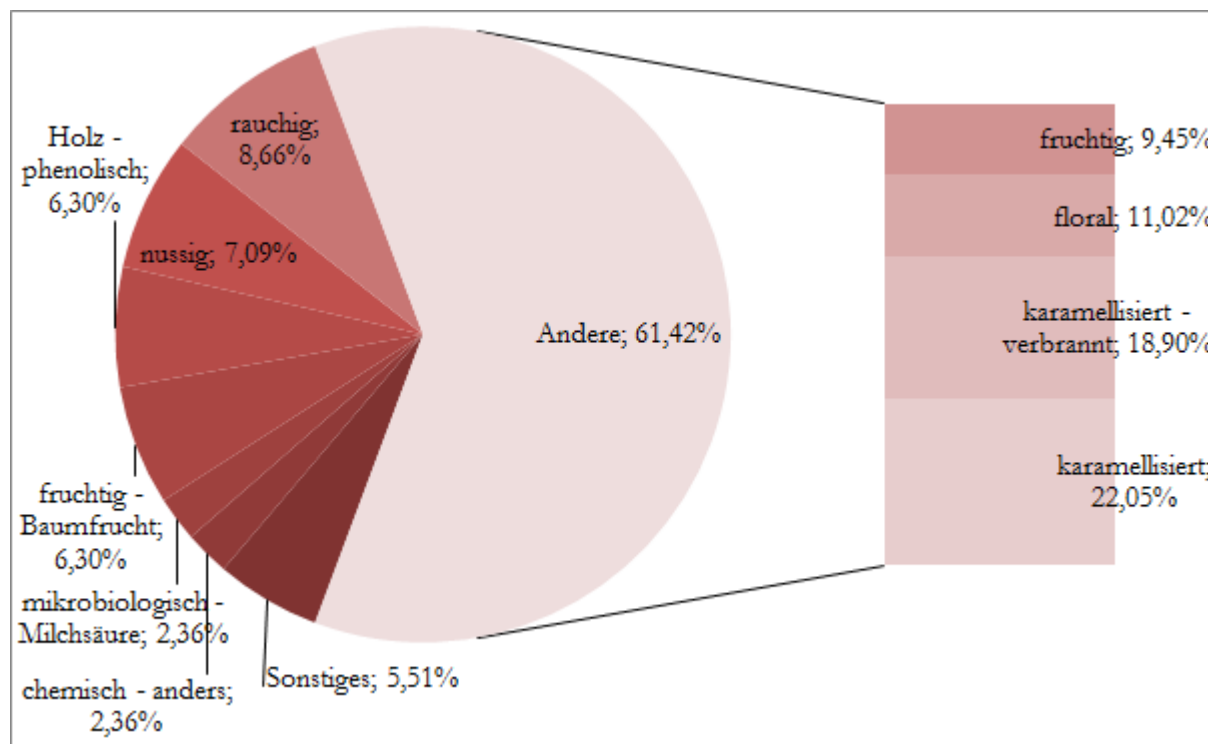


Abb. 16: Attribute, mit denen das Furaneol in den GC-O-MS-Analysen verschiedener Moste und Weine beschrieben wurde.

Um einen generellen Hinweis auf „Foxton“-Aromen in den Wildarten *Vitis riparia* und *Vitis cinerea* zu erlangen, wurden Untersuchungen im Sortiment des JKI-ZR durchgeführt. Die Beeren von rund 200 ausgewählten Akzessionen sind organoleptisch bewertet worden (Tab. 20 und Tab. 21 im Anhang). Untersucht wurden u. a. 34 Akzessionen mit *Vitis riparia*-Hintergrund, 18 Akzessionen mit *Vitis cinerea*-Hintergrund und fünf Akzessionen mit beiden Wildarten im Stammbaum (Tab. 4 - Tab. 3, S. 15). Von diesen Akzessionen waren meistens komplexe Stammbäume mit mehreren beteiligten Wildarten überliefert. Zwei Akzessionen waren als reine Wildarten, nämlich *Vitis riparia* GM183 und RIPARIA RA-66- 3. Das Traubenmaterial vom Genotyp RIPARIA RA-66- 3 reichte nur für die organoleptische Beurteilung ausreichend. Das Traubenmaterial vom Genotyp *Vitis riparia* GM183 reichte für die organoleptische Beurteilung und eine Furaneolanalyse aus.

Bei den *Vitis riparia*-Nachkommen wurden der „Erdbeer-“ und der „Mottenkugelton“ mit 1 (durchschnittlicher Median) bewertet. Beide „Fehlaromen“ lagen also im Bereich der Wahrnehmungsschwelle. Die Varianz zwischen den Jahren und den Prüfern untereinander betrug jeweils 1. In den *Vitis cinerea*-Nachkommen war der Median für den „Mottenkugelton“ durchschnittlich 0 und der des „Erdbeertons“ 1. Sie wurden also nicht bzw. kaum wahrgenommen. Die Varianz zwischen den Jahren und den Prüfern untereinander betrug ebenfalls jeweils 1.

Der Furaneolgehalt im Most der untersuchten Hybriden, die u. a. *Vitis riparia* im Stammbaum aufwiesen, betrug 18 bis 64 346 µg/L. Darunter wurde bei 63 % dieser Hybriden kein Furaneol detektiert. Bei 23 % lag der Furaneolgehalt unterhalb der ermittelten Wahrnehmungsschwelle in Wein (< 2 500 µg/L, 3.3, S. 31) und bei 14 % war er höher. Im Most der Akzession *Vitis riparia* GM183 wurde ein Furaneolgehalt von 18 µg/L gemessen. Der Methylantranilatgehalt dieser *Vitis riparia*-Hybriden betrug 0,1 bis 104,8 µg/L. Darunter wurde bei 5 % kein Methylantranilat detektiert. Bei 65 % lag der Methylantranilatgehalt unterhalb der geschätzten Wahrnehmungsschwelle in Wein (< 0,6 µg/L, Tab. 9, S. 34) und bei 30 % war er höher.

Der Furaneolgehalt im Most der untersuchten Hybriden, die u. a. *Vitis cinerea* im Stammbaum aufwiesen, betrug 24 bis 16 398 µg/L. Darunter wurde bei 67 % dieser Hybriden kein Furaneol detektiert. Bei 25 % lag der Furaneolgehalt unterhalb der ermittelten Wahrnehmungsschwelle in Wein (< 2 500 µg/L, 3.3, S. 31) und bei 8 % war er höher. Der Methylantranilatgehalt dieser *Vitis cinerea*-Hybriden betrug durchschnittlich 0,1 bis 20,6 µg/L. Darunter wurde bei allen untersuchten *Vitis cinerea*-Hybriden Methylantranilat detektiert. Bei 65 % lag der Methylantranilatgehalt unterhalb der geschätzten Wahrnehmungsschwelle in Wein (< 0,6 µg/L, Tab. 9) und bei 35 % war er höher.

Neben einer Bewertung des „Erdbeer-“ und des „Mottenkugeltons“ wurden die organoleptisch untersuchten Sortimentssorten (Tab. 2 bis Tab. 3 auf S. 14 und 15) auf weitere eventuell vorhandene „Fehlaromen“ untersucht. Es wurden vielfach vegetative Aromen beschrieben (Tab. 10).

Am häufigsten waren vegetativ-„grüne“ Noten festgestellt worden. Als eindeutiges „Fremdaroma“ wurde der Lösungsmittelton („UHU-Ton“) identifiziert, der in „chemisch - stechend“ transliteriert wurde (Vgl. Abb. 8, S. 24). Das Aroma der Akzession „*Vitis riparia* GM183“ wurde mit „extrem grüner Paprika“ und „Kartoffelkeimnote“ assoziiert; dasjenige von RIPARIA RA-66- 3 wurde als „stahlig“ beschrieben und mit „sauren Johannisbeeren“ assoziiert.

Tab. 10: Organoleptik der Beeren ausgewählter Nachkommen von *Vitis riparia* und *Vitis cinerea* in den Jahren 2014 und 2015.

Überkategorie	Aromakategorie	Nennungen [%]
Vegetativ	„grün“	16,4
	Frisch	6,0
Chemisch	Chemisch - stechend	5,7
Holz	Holz	3,7

Die Aromen in der (‘Schiava Grossa’ x ‘Riesling’) x ‘Börner’-Population zeigten keine phänotypische Variation. In den ‘Börner’-Rückkreuzungspopulationen waren sie dagegen weitaus diverser. Ausgewählte ‘Börner’-Kreuzungsnachkommen sollten mittels GC-O-MS-Analyse genauer analysiert werden. Für eine Gegenüberstellung der Aromaprofile wurde der *Vitis vinifera*-Elternteil (‘Pinot Blanc’) der drei Rückkreuzungsgenerationen und eine Mischprobe der traubentragenden Geschwister der männlichen Eltern genotypen (Abb. 6, S. 12) in einer GC-O-MS-Analyse eingesetzt (Abb. 17, S. Abb. 17). Die Wildartnachkommen (rot) hatten deutlich intensivere vegetative Aromen und etwas intensivere mikrobiologische Aromen. Die ‘Gf.V3125’ x ‘Börner’-Nachkommen waren im Vergleich zu ‘Pinot Blanc’ (blau) würziger, aber weniger fruchtig (Abb. 17). Lediglich die Intensitätsbewertung der vegetativen Aromen waren signifikant unterschiedlich in den ‘Gf.V3125’ x ‘Börner’-Nachkommen und *Vitis vinifera* ‘Pinot Blanc’ ($\chi^2(2) = 10,0$, $\alpha = 0,05$).

Die vegetativen Noten wurden v. a. durch Substanzen aus der Klasse der Methoxypyrazine (MPs) verursacht. In diesen Untersuchungen wurden sie ausschließlich anhand der Retentionszeiten identifiziert, da die massenselektive Detektion aufwändig ist (Schmarr *et al.*, 2010). Bei der Substanz, die bei Minute 33,10 bis 33,20 gerochen wurde, handelt es sich wahrscheinlich um 3-Isopropyl-2-Methoxypyrazin (IPMP). Es wurde auch im Wein und in zwei der vier GC-O-MS-analysierten Moste der Rückkreuzungspopulation wahrgenommen. Bei der Retentionszeit 38,45 bis 38,80 könnte es sich um das dominanteste MP, 3-Isobutyl-2-Methoxypyrazin (IBMP) handeln. Es wurde in der ‘Gf.V3125’ x ‘Börner’-Mischprobe wahrgenommen, allerdings nicht in den untersuchten Rückkreuzungsnachkommen. Ansonsten wurden in den untersuchten Kreuzungsnachkommen keine weiteren „Fehlaromen“ festgestellt.

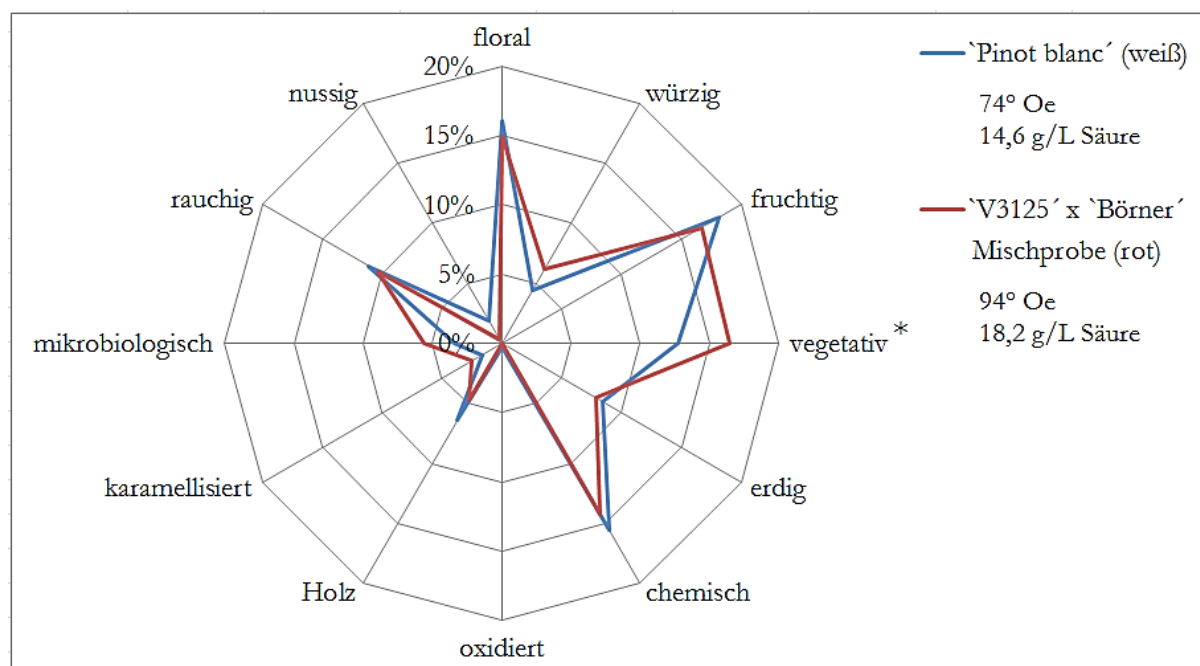


Abb. 17: Aromabeschreibung im Netzdiagramm anhand der GC-O-MS-Analyse der Moste von 'Pinot Blanc' und einer Mischprobe von F₁-Nachkommen der 'Gf.V3125' x 'Börner'-Population. Angegeben sind die bewerteten Intensitäten der Aromakategorien.

Da vegetative Aromen häufig mit Unreife in Verbindung gebracht werden, wurden die Reifeparameter der untersuchten Kreuzungsnachkommen herangezogen. In Tab. 11 (S. 38) sind die Mostgewichte und Gesamtsäuren gezeigt. Die *Vitis riparia*- & *Vitis cinerea*-Nachkommen hatten das Mindestmostgewicht von 70° Oe problemlos erreicht, obwohl es zuweilen recht hohe Säuregehalte gab (Tab. 11).

Tab. 11: Mostgewichte MG (Mittelwerte MW), Säuregehalte GS (Mittel- und Maximalwerte Max) und pH-Werte der Populationen mit *Vitis riparia*- und *Vitis cinerea*-Hintergrund 2013 bis 2015.

Population	Erntejahr	Anzahl Genotypen	MW MG [°Oe]	MW GS [g/L]	Max GS [g/L]	MW pH-Wert
('Schiava Grossa' x 'Riesling') x 'Börner'	2014	7	90 ± 10	27,4 ± 3,0	32,4	3,0
	2015	1*	94	18,2	-	3,4
'Pinot Blanc' x ('Schiava Grossa' x 'Riesling') x 'Börner'	2013	22	81 ± 8	17,7 ± 3,7	25,6	3,0
	2014	153	90 ± 11	13,5 ± 5,0	28,0	3,0
	2015	144	91 ± 9	16,8 ± 4,4	28,6	2,9

*gepoolte Probe aus 48 Genotypen

3.5. Der „Foxton“ in der Population `Blaufränkisch´ x `Catawba´

`Catawba´ weist den für *Vitis labrusca*-Hybriden typischen „Foxton“ auf. Die Loci für die Furaneol- und Methylantranilatbildung sollten in der Nachkommenschaft von `Blaufränkisch´ und `Catawba´ via QTL-Analyse identifiziert werden. Eine Segregation in dieser Population wurde organoleptisch eindeutig festgestellt, wobei der „Erdbeerton“ in mehr Individuen wahrgenommen wurde als der „Mottenkugelton“ (Abb. 18). 2015 wurde der „Foxton“ in deutlich mehr Individuen der Population wahrgenommen als 2014. In einigen Fällen wurden beide „Fehltöne“ im selben Individuum wahrgenommen.

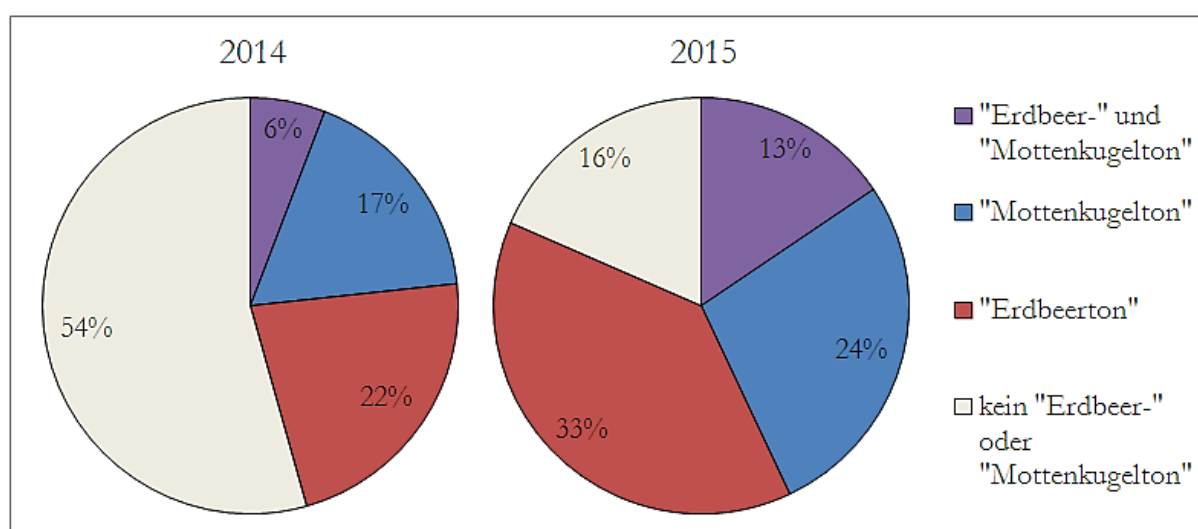


Abb. 18: Organoleptik an den Beeren der Nachkommen von `Blaufränkisch´ x `Catawba´ 2014 und 2015.

In den ersten Versuchsjahren 2013 und 2014 erreichten manche Kreuzungsnachkommen von `Blaufränkisch´ und `Catawba´ witterungsbedingt nicht den angestrebten Reifegrad von 70 °Oe (Abb. 19).

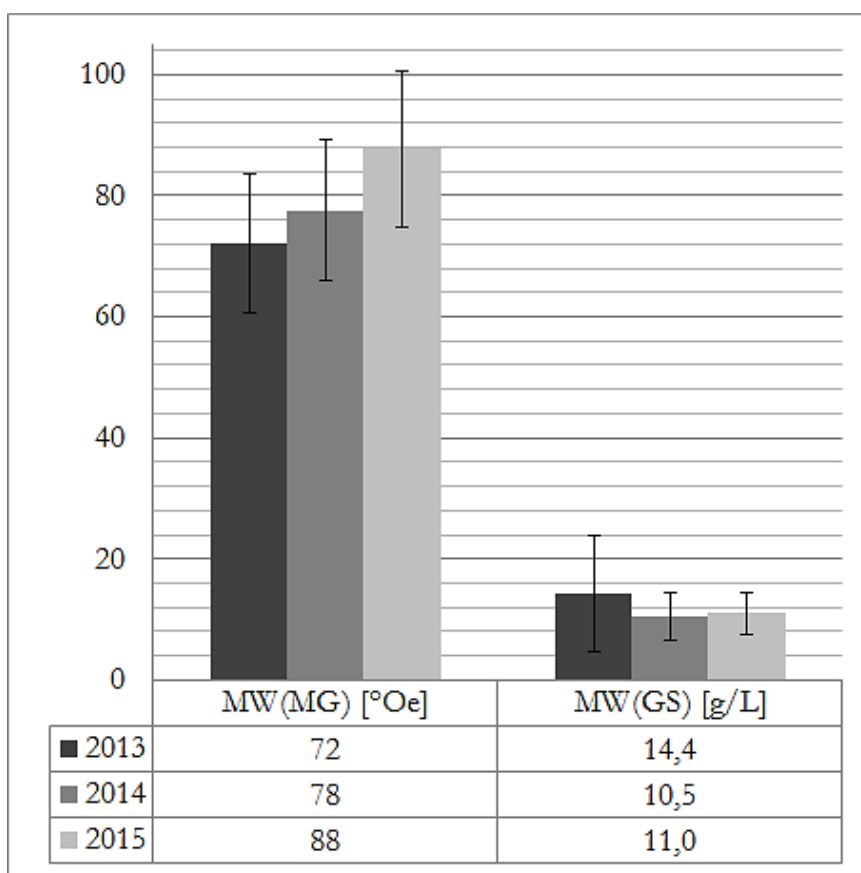


Abb. 19: Mittelwerte der Mostgewichte MG und der Gesamtsäuren GS von 95 (2013), 102 (2014) und 102 (2015) Individuen der F₁ 'Blaufränkisch' x 'Catawba'.

Die Furaneolgehalte in den Mosten von 33 % (2014) und 8 % (2015) der Individuen waren oberhalb der Wahrnehmungsschwelle von Furaneol in Wasser (10 µg/L). Die festgestellten Maximalgehalte betragen 398 µg/L (2014) und 908 µg/L (2015) (Abb. 20, S. 41), sie lagen also alle deutlich unterhalb der im Triangeltest ermittelten Wahrnehmungsschwelle von Furaneol in Wein (2,5 mg/L, s. 3.3 auf S. 31). Die durchschnittliche Konzentration lag bei 19 µg/L (2014) bzw. 16 µg/L (2015).

Die Methylantranilatanalysen wurden mittels GC-MS durchgeführt. Der Median der Methylantranilatwerte über alle Jahre lag bei 0,7 µg/L. Bei dieser Konzentration ist der Geruch organoleptisch wahrnehmbar (Tab. 9 S. 34). Ein Teil der Genotypen bildet geringe Mengen an Methylantranilat (Abb. 21, S. 41). Einige Individuen der Population wiesen dagegen sehr hohe Gehalte über 100 µg/L auf. Weder die Furaneol- noch die Methylantranilatgehalte ließen eine Normalverteilung erkennen (Abb. 20 und Abb. 21).

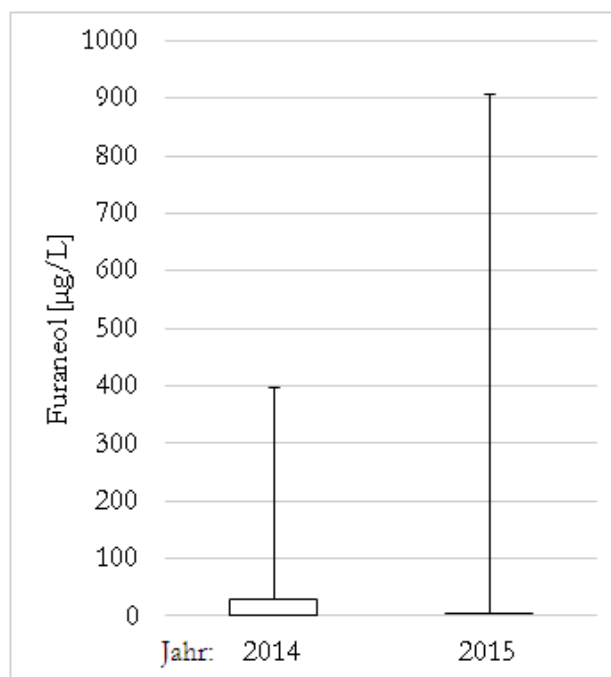


Abb. 20: Furanolgehalte in der Nachkommenschaft von 'Blaufränkisch' x 'Catawba' in den Jahren 2014 und 2015.

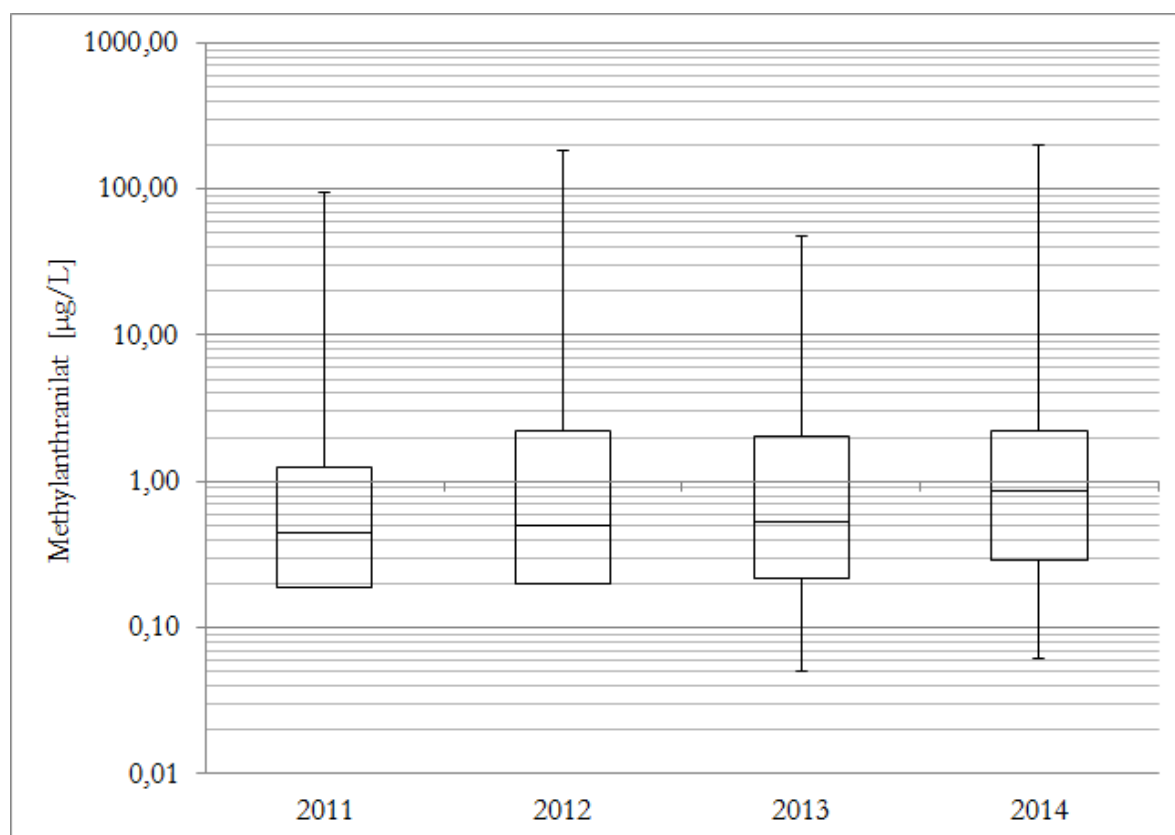


Abb. 21: Methylanthranilatgehalte in der Nachkommenschaft von 'Blaufränkisch' und 'Catawba' in den Jahren 2011 bis 2014.

3.6. QTL-Analysen in der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba'

Die Hauptuntersuchungen in der Kreuzungspopulation 'Blaufränkisch' x 'Catawba' zielten auf die Aromastoffe Furaneol und Methylantranilat (3.6.1 und 3.6.2). Darüber hinaus wurde das *Vitis labrusca*-spezifische Beerenmerkmal „slip skin“ in QTL-Analysen untersucht (3.6.3). Mit den Bonituren der Reifeparameter fielen weitere Daten an, die zur QTL-Analyse verwendet werden konnten (3.6.4).

3.6.1. Furaneol

Die QTL-Analyse für Furaneol basierte auf Daten der beiden Erhebungsjahre 2014 und 2015. Dabei wurden die analytischen Werte zum einen qualitativ (Furaneol detektiert: ja oder nein) und zum anderen quantitativ verwendet. Mit dem Datensatz 2015 wurden erstmalig QTLs für das Merkmal „Furaneol“ in der untersuchten Population identifiziert (Tab. 12, S. 42). Der QTL mit dem höchsten LOD-Wert befand sich auf KG 11, und erklärte bis zu 24 % der genetischen Varianz in der Population (Abb. 22, S. 43). Der QTL auf KG 11 trat ebenfalls in der Verrechnung der quantitativen Daten 2015 auf und besaß die gleiche Position wie bei der qualitativen Verrechnung (Tab. 12). Der Marker VVMD25 korrelierte mit einer Kruskal-Wallis-Signifikanz von 0,0001.

Tab. 12: QTL-Analyse der Furaneolgehalte in der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba'.

Bonitursystem	Datensatz	Kopplungsgruppe	LOD _{max}	KG-spezifische Signifikanzgrenze	erklärte Varianz [%]
Qualitativ: detektiert / nicht vorhanden	2014	kein QTL	-	-	-
	2015	11	7,7	2,5	24
		9	5,1	2,7	17
		18	3,6	2,8	12
Quantitativ: Furaneol [µg/L]	2014	kein QTL	-	-	-
	2015	11	3,4	2,2	12
		13	2,4	2,2	8
		14	2,2	2,1	8

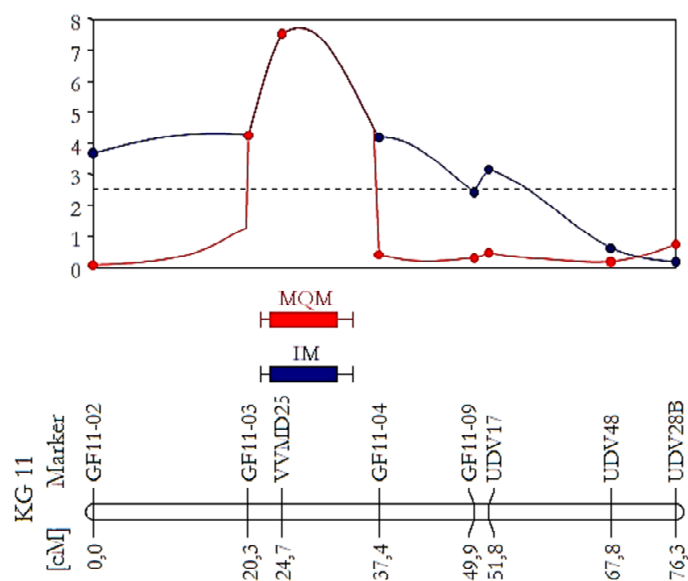


Abb. 22: Locus der Furaneolausprägung 2015 auf KG 11 der integrierten genetischen Karte. X-Achse: Position [cM]. Y-Achse: LOD-Wert. Gestrichelte Linie = KG-spezifische Signifikanzgrenze. MQM-Analyse: VVMD25 als Kofaktor. Konfidenzintervall: Balken = 1-LOD; Whisker = 2-LOD.

3.6.2. Methylantranilat

Da auch zuweilen in der Kulturart *Vitis vinifera* Methylantranilat in Spuren vorkommt, und Methylantranilat erst ab Gehalten von 0,5 µg/L organoleptisch relevant ist (Tab. 9, S. 34), wurden die Daten folgendermaßen klassifiziert: Ja / Nein-Klassifizierung höherer Konzentrationen als die Grenzkonzentration von 0,5 µg/L (ja = höhere Konzentration; nein = niedrigere Konzentration). Die QTL-Analyse mit dreijährigen Daten ergab einen über die Jahre stabilen Haupt-QTL auf KG 4 (Tab. 13, S. 44). Der höchste LOD-Wert betrug 14,0 mit einer Kategorisierung der Daten mit dem Gesamtmedian (= 0,7 µg/L) als Grenzkonzentration (Tab. 13 und Abb. 23 auf S. 45). In den verschiedenen Jahren erklärte er zwischen 17 und 43 % der genetischen Varianz (Tab. 13). Die Marker mit der besten Korrelation waren GF04-05, GF04-07, VRZAG21, VMC2E10, GF04-19, GF04-15, GF04-16 und GF04-12 (Kruskal-Wallis-Signifikanz 0,0001). Der Marker VMC2E10 segregierte nach dem Muster <efxeg> und befindet sich in einer zentralen Position im Locus.

Laut des *Vitis vinifera*-Referenzgenoms PN40024 befindet sich in diesem QTL-Bereich auf KG 4 ein positionelles Kandidatengen (GSVIVT01018916001, Genoscope-Annotation). Es weist eine Ähnlichkeit zum Anthranilsäure-Methyltransferasegen *aamt1* aus Mais auf (Alignment in Abb. 51 und Abb. 52 im Anhang).

Darüber hinaus gibt es im QTL-Bereich weitere 11 potentielle Kandidatengene mit der gleichen spezifischen Transferasedomäne (methyltransf_7 domaine), wie sie AAMT1 besitzt (Abb. 53).

Tab. 13: QTL-Analyse der Methylantranilatgehalte in der Population 'Blaifränkisch' x 'Catawba'.

Bonitursystem	Datensatz	Kopplungs- gruppe	LODmax	KG-spezifische Signifikanz- grenze	erklärte Varianz [%]	
Most > 0,5 µg/L (Ja oder Nein)	2011	4	4,1	3,1	28	
	2012	4	12,2	2,8	43	
		10	3,3	2,9	14	
		17	2,8	2,6	12	
	2013	4	6,9	3,0	38	
		6	3,4	3,0	21	
	2014	4	3,5	3,0	17	
		18	3,4	3,0	16	
	2011-14	4	3,5	2,8	17	
		18	3,4	3,1	16	
	Most Area > Median 2011- 14 (0,7 µg/L) (Ja oder Nein)	2011	4	4,4	3,1	31
		2012	4	11,3	3,0	41
17			3,0	2,4	13	
2013		4	6,2	3,0	34	
		9	3,2	2,8	19	
		6	3,0	2,9	18	
2014		4	6,2	3,1	28	
		7	3,7	3,0	17	
		6	3,5	3,0	17	
		14	3,2	3,0	15	
2011-14		4	14,0	3,0	42	
		7	3,4	2,9	12	

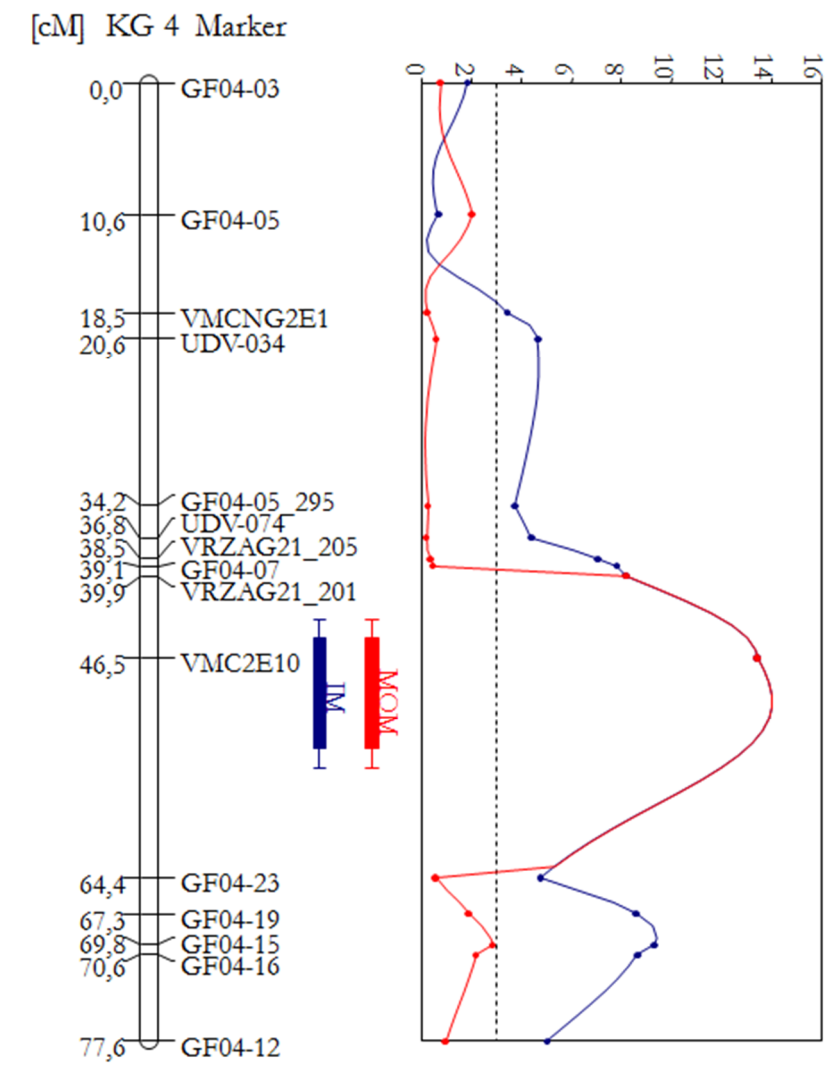


Abb. 23: Locus der Methylantranilatausprägung auf KG 4 der integrierten genetischen Karte. Daten 2011-14 kategorisiert bezüglich der Grenzkonzentration $0,7 \mu\text{g/L}$ (= Gesamtmedian). X-Achse: Position [cM]. Y-Achse: LOD-Wert. Gestrichelte Linie: LG-spezifische Signifikanzgrenze. MQM-Analyse: VMC2E10 als Kofaktor. Konfidenzintervall: Balken = 1-LOD; Whisker = 2-LOD.

Eine anschließende Feinkartierung der QTL-Region mit zusätzlichen Markern (Tab. 23 im Anhang) war erfolglos, da die analysierten SSR-Marker kein PCR-Produkt ergaben oder ein monomorphes, nicht informatives Vererbungsmuster aufwiesen (Abb. 24).

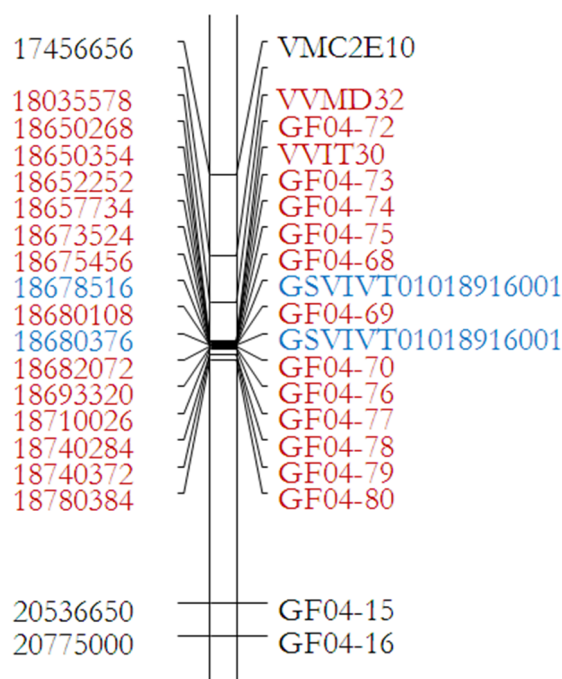


Abb. 24: Getestete Marker (rot) auf Chromosom 4 um das positionelle Kandidatengen herum (blau) zur Verfeinerung der QTL-Region auf der physikalischen Karte. Positionen in [bp]. Die Marker erwiesen sich als nicht informativ.

3.6.3. „Slip skin“

Die Population `Blaifränkisch´ x `Catawba´ segregierte ebenfalls für die Ausprägung von „slip skin“. Bonitiert wurde das Vorhandensein (= 1) oder die Abwesenheit (= 0) von „slip skin“ in den Jahren 2014 und 2015. Das Verhältnis von Abwesenheit zu Vorhandensein betrug 1 : 2,5. Auch bei 230 Genotypen der Rebsortensammlung des Instituts JKI-ZR wurde das Merkmal „slip skin“ bewertet. Die Daten sind im Anhang (Tab. 24) dargestellt. 18 % der untersuchten Sortimentssorten wiesen keinen „slip skin“ Phänotypen auf. Bei 6 % war das Vorhandensein oder die Abwesenheit von „slip skin“ nicht eindeutig ausgeprägt und bei 76 % der Wildarthrybriden war „slip skin“ vorhanden.

In der Population `Blaifränkisch´ x `Catawba´ wurde in zwei Jahren (2014 und 2015) ein Haupt-QTL auf KG 1 identifiziert, der 2014 und bei der Kombination beider Jahre rund 30 % der genetischen Varianz in der Population erklärte (Tab. 14 und Abb. 25 auf S. 47). Der höchste LOD-Wert resultierte aus den Mittelwerten beider Datensätze ($\text{LOD}_{\max} = 10,9$). Die Marker mit der höchsten Korrelation waren GF01-03, GF01-022, und GF01-23 (Kruskal-Wallis-Signifikanz 0,0001). Ein zweiter QTL trat in beiden Jahren auf KG 13 auf. Dieser konnte bis zu 15 % der Varianz erklären.

Tab. 14: Die QTL-Analyse des Beerenhautmerkmals „slip skin“ (vorhanden: ja oder nein) in der Population `Blaufränkisch` x `Catawba`.

Datensatz	KG	LOD _{max}	KG-spezifische Signifikanzgrenze	erklärte Varianz [%]
2014	1	8,1	2,8	31
	5	7,4	3,2	29
	12	4,0	2,8	17
	13	3,5	2,9	15
2015	1	9,3	2,8	29
	13	2,9	2,8	10
	8	2,8	2,7	10
2014 und 2015 (MW)	1	10,9	2,8	31
	5	5,3	3,2	17
	13	3,4	2,8	11
	12	3,0	2,7	10

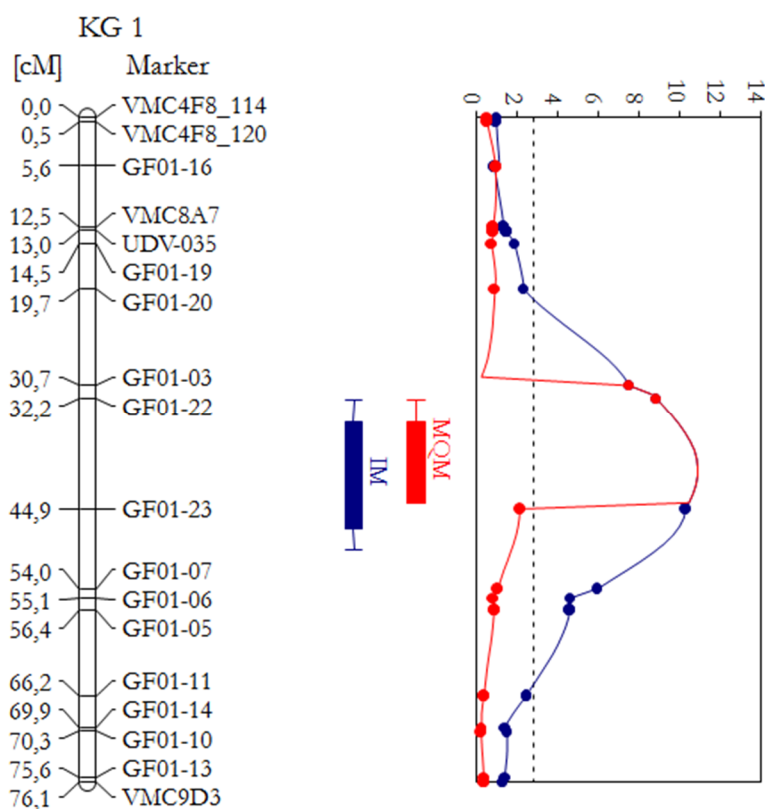


Abb. 25: Locus für „slip skin“ auf KG 1 der integrierten genetischen Karte mit den Daten 2014 und 2015. X-Achse: Position [cM]. Y-Achse: LOD-Wert. Gestrichelte Linie = KG-spezifische Signifikanzgrenze. MQM-Analyse: GF01-22 als Kofaktor. Konfidenzintervall: Balken = 1-LOD; Whisker = 2-LOD.

3.6.4. Phänologische Merkmale

Wie bereits beschrieben (3.2), spielt die Beerenreife eine bedeutende Rolle für die Furaneolbildung (3.2, S. 29). Daher wurden sowohl der Beginn der Beerenreife (= *Véraison*), als auch die beeinflussenden phänologischen Parameter (Zeitpunkt der Blüte, Dauer von der Blüte bis zur *Véraison*) mit in die Untersuchungen einbezogen. Mit dem verhältnismäßig früh reifenden 'Blaifränkisch' und der sehr spät reifenden 'Catawba' als Eltern segregierte die Population für das Merkmal „*Véraison*“ (Abb. 26, S. 48). Die Boniturdaten wurden zum einen deskriptiv (Abb. 45 bis Abb. 49 im Anhang) und zum anderen mit dem Shapiro-Wilk-Test auf Normalverteilung getestet (Signifikanzniveau $\alpha = 0,05$).

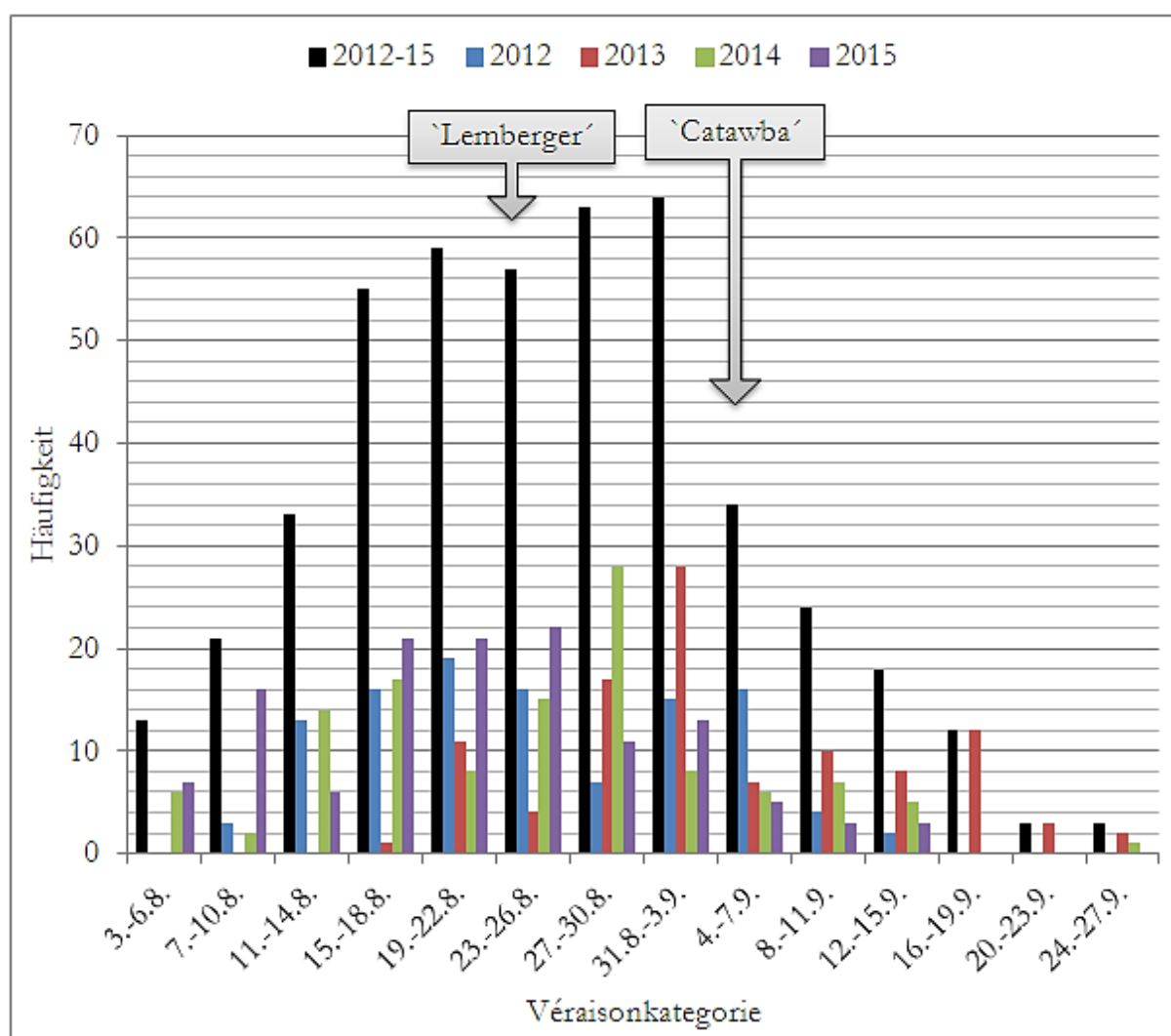


Abb. 26: Häufigkeit der *Véraison*kategorien in vier Versuchsjahren in der Population 'Blaifränkisch' x 'Catawba' und ihren Eltern. Die Bonituren erfolgten in viertägigen Intervallen.

Die Datensätze aus den Jahren 2014 ($p = 0,15$, $R^2 = 0,983$), 2015 ($p = 0,07$, $R^2 = 0,981$) und die Mittelwerte 2012 bis 2015 ($p = 0,12$, $R^2 = 0,985$) erwiesen sich als normalverteilt (Abb. 47 bis Abb. 49). Die Datensätze 2012 ($p = 0,001$, $R^2 = 0,957$) und 2013 ($p = 0,004$, $R^2 = 0,962$) dagegen nicht (Abb. 45 und Abb. 46). Der Zeitraum „Vollblüte bis Véraison“ korrelierte stark mit der Véraison (Pearson-Korrelation $R^2 = 0,907$) (Abb. 50 im Anhang).

Für die Anzahl der Tage von der Vollblüte bis zur Véraison wurde in zwei Jahren ein QTL auf KG 6 mit hohen LOD-Werten ermittelt, der deutlich über 50 % der genetischen Varianz in der Population erklärte (Tab. 15, S. 49). Die Marker mit der höchsten Korrelation waren GF06-04, UDV-085, VMC2F10 GF06-08 und GF06-11 (Kruskal-Wallis-Signifikanz 0,0001).

Tab. 15: QTL-Analyse des Zeitraumes „Vollblüte bis Véraison“ [Tage] in der Population ‘Blaufränkisch’ x ‘Catawba’.

Datensatz	KG	LOD _{max}	KG-spezifische Signifikanzgrenze	erklärte Varianz [%]
2014	6	19,8	2,8	54
2015	6	23,1	2,6	57
	11	2,9	2,7	10

Die Véraison wurde über die untersuchten Jahre in einem Zeitraum vom 1. August bis zum 27. September, also in einem Zeitraum von 58 Tagen, erhoben. In allen vier Jahren resultierte ein QTL auf KG 6 (Tab. 16 und Abb. 27 auf S. 50). Er erklärte rund 50 % der genetischen Varianz in der Population Die Marker mit der höchsten Korrelation waren UDV-085, VMC2F10, GF06-08 und GF06-11 (Kruskal-Wallis-Signifikanz 0,0001).

Tab. 16: QTL-Analyse der Véraison in der Population ‘Blaufränkisch’ x ‘Catawba’.

Datensatz	KG	LOD _{max}	KG-spezifische Signifikanzgrenze	erklärte Varianz [%]
2012	6	13,9	2,9	44
	7	3,0	2,9	12
2013	6	16,7	2,8	53
2014	6	20,1	2,9	54
	4	3,1	2,9	11
2015	6	21,2	2,9	53
	4	3,1	2,8	11
2012-15 MW	6	25,2	2,9	56

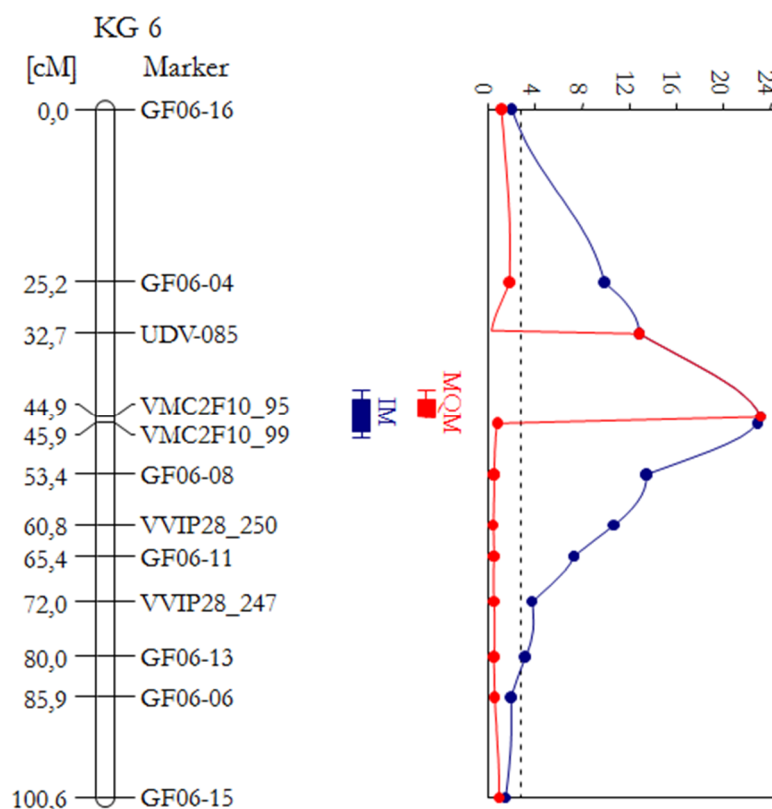


Abb. 27: Locus für die Véraison 2012 bis 2015 (Mittelwert) auf KG 6 der integrierten genetischen Karte. X-Achse: Position [cM]. Y-Achse: LOD-Wert. Gestrichelte Linie = KG-spezifische Signifikanzgrenze. MQM-Analyse: VMC2F10 als Kofaktor. Konfidenzintervall: Balken = 1-LOD; Whisker = 2-LOD.

3.7. Abstammung von 'Catawba' und markergestützte Selektion

In Hinblick auf eine später mögliche Hintergrundselektion in der 'Catawba'-Nachkommenschaft wurden SSRs zur Verifizierung der Verwandtschaft von 'Sémillon' mit 'Catawba' analysiert. 'Concord' gilt als Nachkomme von 'Catawba' (Tukey, 1966) und wurde mit in die Analysen einbezogen. Gewählt wurden Marker aus der genetischen Karte der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba', für die bereits eine Heterozygotie der Allele in 'Catawba' bekannt war. Von 300 getesteten Markern wurde in 60 Fällen kein Produkt amplifiziert. 74 von 300 Markern waren für das Verwandtschaftsverhältnis nicht informativ. Über die Information aus 166 SSRs konnte die Verwandtschaft eindeutig geklärt werden: 'Sémillon' ist der *Vitis vinifera*-Vorfahre und 'Concord' ein direkter Nachkomme von 'Catawba' (Tab. 17, S. 51, vollständige Liste im Anhang Tab. 25). Beide teilten die Hälfte ihrer Allele mit 'Catawba' und haben damit eine Verwandtschaft ersten Grades zueinander. In Tab. 17 sind diejenigen Marker gezeigt, die eine Vererbung von 'Sémillon'-Allelen über 'Catawba' an 'Concord' aufzeigten.

Tab. 17: Teilmenge der genomweiten SSR-Daten zeigten das folgende Abstammungsverhältnis: `Sémillon` → `Catawba` → `Concord`. Gleiche Allele sind dunkel hinterlegt. Unterschiedliche Allele in `Catawba` und `Concord` sind kursiv. Physikalische Position (phys. Pos.) gemäß der *Vitis vinifera*-Referenz PN40024.

Phys. Pos.	Chr	Marker	`Sémillon` [bp]		`Catawba` [bp]		`Concord` [bp]	
6.993.244	1	GF01-03	140		140	<i>150</i>	140	<i>154</i>
22.844.000	1	VMC9D3	199	205	205	<i>217</i>	205	<i>221</i>
198.168	2	GF02-11	276		276	<i>281</i>	276	<i>283</i>
4.738.797	2	GF02-01	275	289	<i>273</i>	<i>275</i>	<i>268</i>	<i>275</i>
10.802.141	2	GF02-17	327		327	<i>333</i>	327	<i>331</i>
9.542.014	3	VCHR03A	201	210	<i>174</i>	210	210	
12.155.000	4	GF04-07	391	393	<i>369</i>	391	<i>373</i>	391
13.648.595	4	VRZAG21	200	206	<i>202</i>	206	206	
20.775.000	4	GF04-16	316		<i>286</i>	316	<i>280</i>	316
10.481.379	6	GF06-08	140	162	<i>150</i>	162	<i>140</i>	162
293.438	8	VMC2F12	194	0	<i>232</i>	0	<i>217</i>	0
19.120.834	11	UDV-028	140	146	140	<i>150</i>	140	<i>146</i>
22.124.303	14	VMC6C10	110	138	<i>122</i>	138	<i>126</i>	138
7.955.163	16	GF16-31	226	230	<i>220</i>	230	<i>228</i>	230
18.695.719	16	GF16-28	416		<i>410</i>	416	416	
19.104.060	16	GF16-25	320		<i>315</i>	320	<i>312</i>	320
9.183.716	17	VCHR17A	184		<i>156</i>	184	<i>164</i>	184
4.520.661	18	SCU10	205	211	205	<i>211</i>	205	<i>214</i>
10.120.948	18	VMC8F4.2	94	108	94	<i>106</i>	94	<i>102</i>
23.389.846	18	VVIn16	149		149	<i>155</i>	<i>147</i>	149
24.891.420	18	UDV-730	195		195	<i>211</i>	195	
25.199.000	18	GF18-01	275		275	<i>281</i>	275	<i>279</i>
29.123.353	18	UDV-108	240	242	240	<i>256</i>	<i>235</i>	240

Die Aufklärung der Tatsache, dass `Catawba` eine Arthybride ist, hervorgegangen aus der *Vitis vinifera*-Sorte `Sémillon` und einer Wildartakzession, ermöglicht in der Rückkreuzung `Blaufränkisch` x `Catawba` neben der Selektion auf *Vitis vinifera*-Allele im QTL-Locus die Anwendung einer Hintergrundselektion auf Genotypen mit einem zusätzlich hohen *Vitis vinifera*-Anteil. An insgesamt 82 SSR-Loci konnte in der Kreuzungsnachkommenschaft bestimmt werden, ob das von `Catawba` vererbte Allel auf *Vitis vinifera* `Sémillon` oder auf die Wildart zurückgeht. In Abb. 28 (S. 52) ist ein beispielhafter Genotyp (Gf.2006-049-0026) gezeigt. Im väterlichen Chromosomensatz von `Catawba` besaß dieses Individuum auf Chr 2, 5 und 19 ausschließlich `Sémillon`-Allele (grün). Chr 3, 4, 6, 8, 14 und 16 besaßen dagegen ausschließlich die väterlichen Wildartallele (rot). Das Chr 4, auf dem ein QTL für Methylantranilat identifiziert wurde (3.6.2), trug vollständig die Wildartallele. Dies stimmte mit dem Befund überein, dass der Genotyp einen hohen Methylantranilatgehalt (MW von 2011 bis 2014: 5,3 µg/L) aufwies (Abb. 28). Bei den übrigen Chromosomen vom Genotyp Gf.2006-049-0026 wurde je eine Rekombination, und im Fall von Chr 7 zwei Rekombinationen, festgestellt.

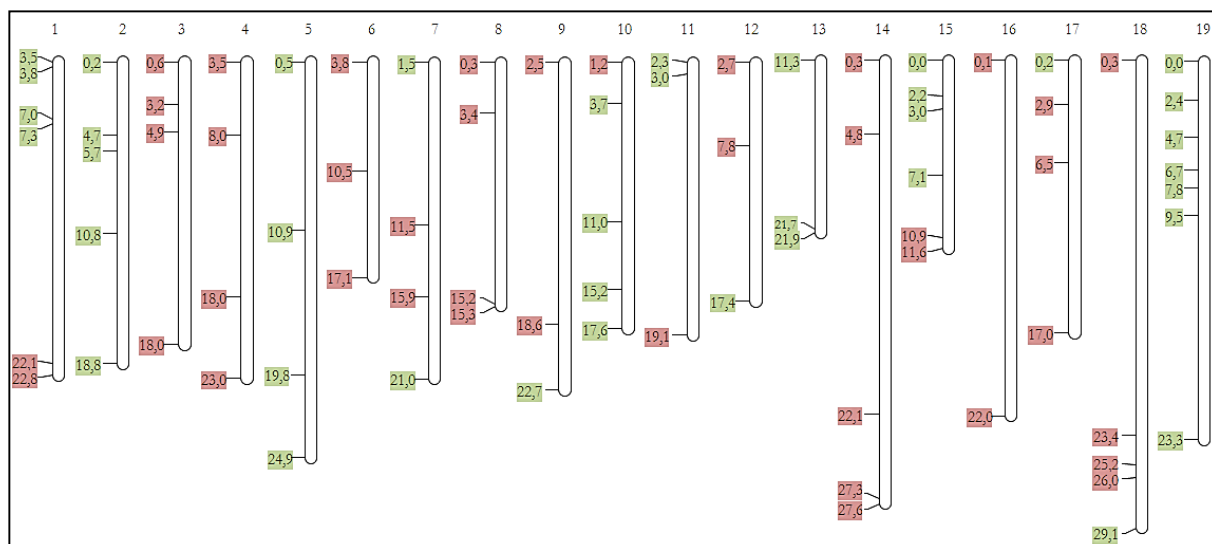


Abb. 28: Markergestützte Hintergrundselektion beim 'Blaifränkisch' und 'Catawba'- Nachkommen Gf.2006-049-0026 (ausschließlich der von 'Catawba' vererbte Teil). *Vitis vinifera*-Allele: grün. Wildartallele: rot. Chr-Nummern oben. Kästen: physikalische Position der verwendeten SSR-Marker entsprechend des *Vitis vinifera*-Referenzgenoms PN40024 [Mb].

In Abb. 29 (S. 52) ist ein Genotyp (Gf.2006-049-0254) gezeigt, bei dem Chr 4, 8 und 12 ausschließlich 'Sémillon'-Allele und Chr 5 und 7 ausschließlich Wildartallele besaßen. Dieser Genotyp erbt das gesamte Chr 4 von 'Sémillon'. Dies ist in Übereinstimmung mit dem Befund, dass dieser Genotyp frei vom „Mottenkugelton“ ist.

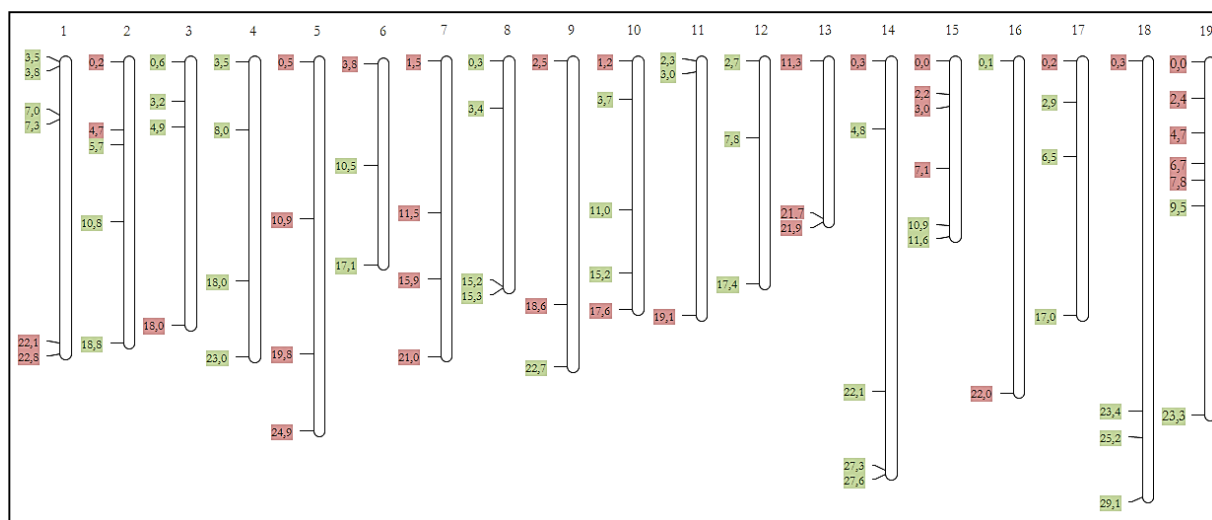


Abb. 29: Markergestützte Hintergrundselektion beim 'Blaifränkisch' und 'Catawba'- Nachkommen Gf.2006-049-0254 (ausschließlich der von 'Catawba' vererbte Teil). *Vitis vinifera*-Allele: grün. Wildartallele: rot. Chr-Nummern oben. Kästen: physikalische Position der verwendeten SSR-Marker entsprechend des *Vitis vinifera*-Referenzgenoms PN40024 [Mb].

Der zweite, in Abb. 28 und Abb. 29 nicht dargestellte Chromosomensatz, geht auf ‚Blaufränkisch‘ zurück und ist somit rein *Vitis vinifera*. Unter Berücksichtigung dieser Tatsache betrug der erwartete durchschnittliche *Vitis vinifera*-Genomanteil in dieser (Rückkreuzungs-)Population 75,0 %. Der errechnete Anteil lag für die untersuchte Population bei 73,5 % und kam damit dem Erwartungswert sehr nahe (Abb. 30). Als Annäherung erfolgte die Errechnung über den prozentualen Anteil der *Vitis vinifera*-Allele ohne Berücksichtigung der Tatsache, dass die SSR-Marker nicht im gleichmäßigen Abstand über die Chromosomen verteilt sind. In der Betrachtung aller Nachkommen betrug der Mindest-*Vitis vinifera*-Anteil 63,2 % und der Maximalanteil 83,8 % (Abb. 30). Bei allen Kreuzungsnachkommen lag die durchschnittliche Anzahl an Rekombinationen bei 0,8 pro Chromosom.

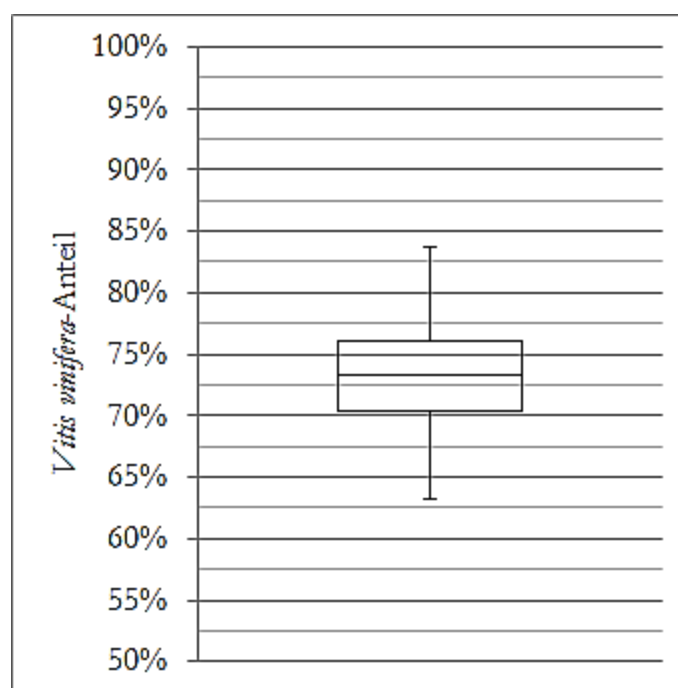


Abb. 30: Der errechnete *Vitis vinifera*-Anteil in der Population ‚Blaufränkisch‘ x ‚Catawba‘.

3.8. Der „Foxton“ in anderen Wildarthybriden

Die „Foxton“-Aromen wurden in rund 200 ausgewählten Wildarthybriden des JKI-ZR untersucht. Die Beeren wurden organoleptisch hinsichtlich der Intensität des „Erdbeer-“ und „Mottenkugeltens“ bewertet (Teilergebnisse in Tab. 19 im Anhang). Mehr als die Hälfte der getesteten Akzessionen besaßen den „Erdbeerton“ und / oder den „Mottenkugeltens“ in einer mindestens schwach ausgeprägten Form (> Intensitätsnote 1) (Abb. 31, S. 54).

Der „Erdbeerton“ wurde in fast der Hälfte der Fälle als sehr schwach bewertet (Intensitätsnote 1, Wahrnehmungsschwelle) (Abb. 32 auf S. 54, links). Bei ¼ der getesteten Akzessionen war der „Erdbeerton“ schwach (Intensitätsnote 2). Bei etwas mehr als der Hälfte wurde der „Mottenkugelton“ mit einer sehr geringen Intensität bewertet (Abb. 32, rechts). Bei 14 % der getesteten Akzessionen war der „Mottenkugelton“ allerdings stark ausgeprägt.

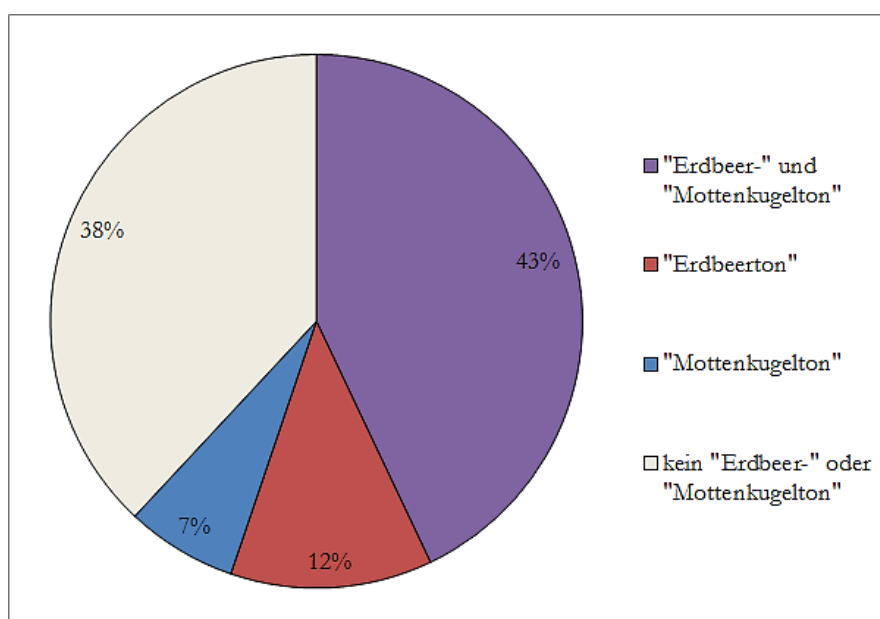


Abb. 31: Organoleptische Wahrnehmung des „Erdbeer-“ und / oder „Mottenkugeltons“ in Beeren von rund 200 ausgewählten Wildarthybriden (Intensität > Wahrnehmungsschwellenbereich).

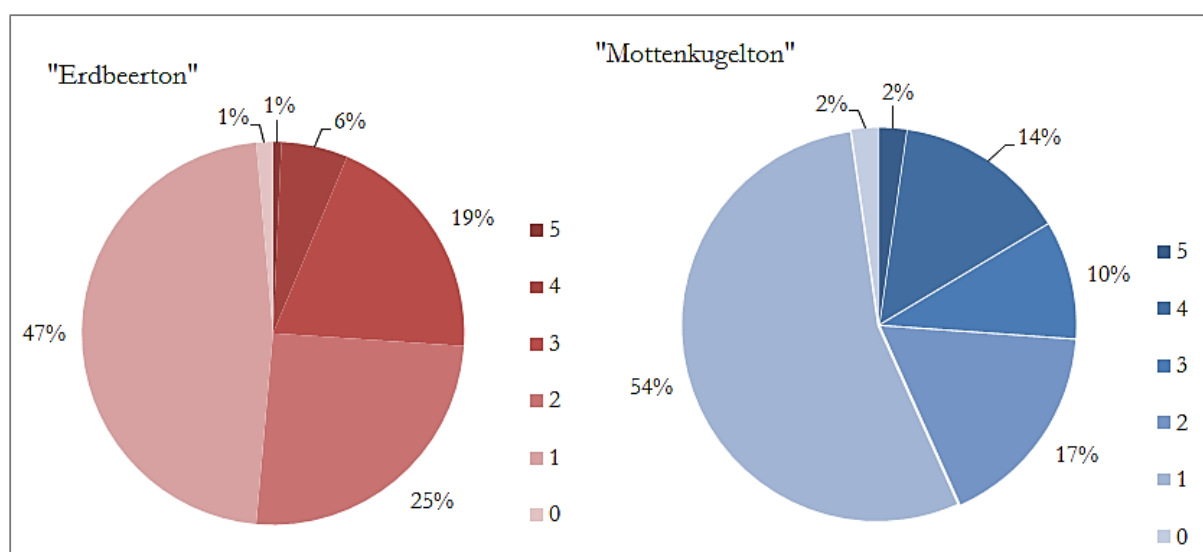


Abb. 32: Organoleptisch bewertete Intensität des „Erdbeer-“ und „Mottenkugeltons“ in Beeren von rund 200 ausgewählten Wildarthybriden. 0 = nicht wahrnehmbar, 1 = Wahrnehmungsschwelle, 2 = schwach, 3 = moderat, 4 = stark, 5 = extrem stark.

Das Aroma der Beeren von 'Catawba' und dem direkten Nachkommen 'Concord' wurde 2015 als anonyme Proben unter 220 Sortimentssorten von sechs Prüfern bewertet. In 'Catawba' dominierte ein mittlerer „Erdbeerton“ (Median 3 ± 1) über einen schwachen „Mottenkugelson“ (Median 1 ± 2). In 'Concord' ist der „Mottenkugelson“ dagegen sehr stark (Median 4 ± 1) und der „Erdbeerton“ eher schwach (Median 2 ± 2) ausgeprägt.

In Tab. 18 ist der analytische Sortenvergleich für Furaneol und Methylantranilat in den Jahren 2012 bis 2015 dargestellt. Der Furaneolgehalt in 'Concord' war 2014 und 2015 deutlich höher als in 'Catawba'. Deutliche Unterschiede gab es auch bezüglich der Konzentrationen von Methylantranilat. In allen Jahren überstieg der Gehalt von 'Concord' den von 'Catawba' um mehr als das 10-Fache (Tab. 18).

Tab. 18: Furaneol- und Methylantranilatgehalte in 'Catawba' und 'Concord'. Furaneolanalyse: GC = gaschromatographisch, M1 = LC-MS ohne Ascorbinsäurezugabe, M2 = LC-MS mit Ascorbinsäurezugabe.

Jahr	Furaneol [µg/L]		Methylantranilat [µg/L] ^{GC}		Mostgewicht [° Oe]	
	'Catawba'	'Concord'	'Catawba'	'Concord'	'Catawba'	'Concord'
2012	270 ^{GC}	104 ^{GC}	10	838	93	70
2013	0 ^{M1}	0 ^{M1}	2	276	67	63
2014	18 ^{M2}	3 070 ^{M2}	30	330	69	68
2015	37 ^{M2}	4 428 ^{M2}	8	306	79	72

Aus den SSR-Markerdaten der direkt miteinander verwandten Sorten 'Sémillon', 'Catawba' und 'Concord' (Tab. 25 im Anhang) kann man ableiten, dass der in der 'Catawba'-Nachkommenschaft identifizierte Methylantranilat-QTL auf KG 4 (3.6.2, S. 43) nicht an 'Concord' vererbt wurde (Abb. 33, S. 56). Es ist daher davon auszugehen, dass das Bildungsvermögen von Methylantranilat in 'Concord' überwiegend vom zweiten Elternteil, mutmaßlich einer *Vitis labrusca* Akzession, vererbt wurde.

Wie die *in silico*-Analyse des AMAT-Enzyms aus 'Concord' zeigte (Wang & Luca, 2005), befinden sich im *Vitis vinifera*-Referenzgenom *amat*-ähnliche Sequenzen auf Chr 2 (90 % Homologie) und Chr 9 (95 % Homologie) (Abb. 34, S. 57). Es resultierten also drei Kandidatengene für die Methylantranilatbildung: Das positionelle Kandidatengene in der QTL-Region auf Chr 4 und die beiden strukturellen Kandidatengene mit Homologie zum Schlüsselenzym *amat* in 'Concord' (Abb. 35, S. 57).

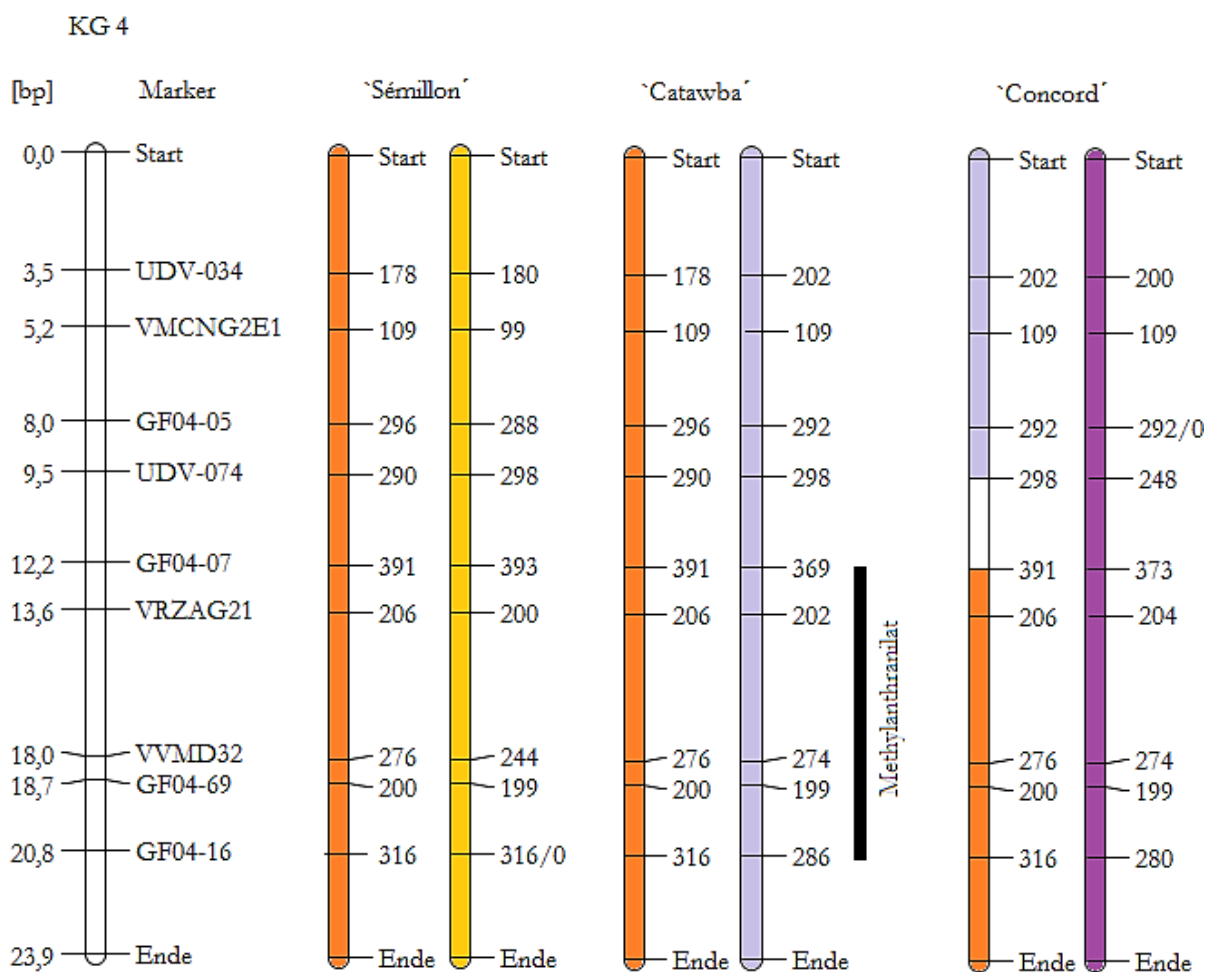


Abb. 33: Zuordnung der Genombereiche von 'Concord' im Bereich des QTLs für Methylantranilat aus 'Catawba'. *Vitis vinifera* Bereiche: orange. Wildartbereiche: hell- oder dunkelviolet. Schwarzer Balken: QTL-Bereich. Links: Physikalische Position der SSR-Marker entsprechend des *Vitis vinifera*-Referenzgenoms PN40024 [Mb] und Marknamen. Produktlängen [bp]. * = homozygot oder Nullallel.

CLUSTAL O (1.2.2) multiple sequence alignment

```

AMAT  MASPSPLVFSVNRCPQIVRPANPTPREVKQLSDIDDQEGRRFQIPVIMFYRNNPLMEG
Chr2  MASSWSPLVFSVKRCAPEFVRPTNPTPREVKQLSDIDDQEGRLRFQIPVIMFYRNNPLMKG
Chr9  MASSSSPLVFSVNRCDPQIVRPANPTPREVKQLSDIDDQEGRLRFQIPVIMFYRNNPLMDG
***      *****:* *::***:*****

AMAT  KDPVKVIREALGKALVYYYPFAGRLIEGDNRKLMDVCTGEGVLFIEADADTTLENLGDAI
Chr2  KDPVKVIREALGKALVYYYPFAGRLIEGDNRKLMDVCTGEGVLFIEADADTTLENLGDAI
Chr9  KDPVKVIREALGKALIYYYPFAGRLIEGDNRKLMDVCTGEGVLFIEADADTTLENLGDAI
*****:*****

AMAT  QPMCPCFEELLYDVPGSTTILGSPLILIQVTRLRCGGFIFALRLNHTMSDAAGLIQFLDT
Chr2  QPMCPCFEELLYDVPGSGGILGSPLILIQVTRLRCGGFIFALRLNHTMSDALGLIQFLNA
Chr9  QPMCPCFEELLYDVPGSTRIILGSPLILIQVTRLRCGGFIFALRLNHTLSDAAGLIQFLNT
*****      *****:*** *****:

AMAT  IGEMAQGLSVPSSLPIWQRELLNARNPPRITRIHHEYEKVTNTKGTLMAMDENSLVHRSF
Chr2  ISEMAQGLSVPSSLPIWERELLNARNPPRITRIHHEYEEVTNNKGTLMAMDENNLVHRSF
Chr9  IGEMAQGLSVPSSLPIWQRELLNARNPPQITRIHHEYEKVTNTKGTLMAMDENNLVHRSF
*.******:*****:*****:***.******.*****

AMAT  FFGREEIRALRNRLPASLGACSTFEVLMACVWRCRTIAFAVDPDEVVRISCIINMRGKHG
Chr2  FFGPKEIRALRNRLPASLGACSTFEVLTAYVWRCRTIAFAVDPDEVVRISCLINMRGKRG
Chr9  FFGREEIRALRNRLPASLGACSTFEVLMACVWRCRTIAFAVDPDEVVGISCIINMRGKHG
*** :***** * ***** ***:*****:

AMAT  FELPPGYYGNAFVTPASITKAGMLCKNPLEFAIRLVKKAKAEMSQEYIKSVADLMVIKGR
Chr2  FDLPPGYYGNAFVYPASITKAGMLCKNPLEYAIRLLKKAKAEMSQEYIKSVADLMVIKGR
Chr9  LELPPGYYGNAFVTPASITKAGMLCKNPLEFAIRLVKKAKAEMSQEYIKSVADLMVIKGR
:.******:*****:*****:*****

AMAT  PLFTQPGNFTVSDVTRAGLGEVDFGWGKPVYGGVARACPIISFRMLFRNSKGEEGSVIPI
Chr2  PSFTQPGNYFVSDVTRAGFGEVDFGWGKPVYGGGLARALSIISFCTFRNSKGEEGNVIPI
Chr9  PLFTQPGNYIVSDVTRAGIGEVDGWGKPVYGGVAKASPIISFRMFRNSKGEEGNVIPI
* *****: *****:***:*****:*** ***** *****.****

```

Abb. 34: Proteinsequenzalignment (BlastP) des Schlüsselenzyms der Methylantranilatsynthese AMAT in der Wildarthyriden 'Concord' (gi|56694504|gb|AAW22989.1| anthraniloyl-CoA: methanol anthraniloyl transferase [*Vitis labrusca*]) und der beiden homologen Gene auf Chr2 (uncharacterized protein VIT_09s0018g01490) und Chr9 (uncharacterized protein VIT_02s0033g01060) von *Vitis vinifera* PN40024.

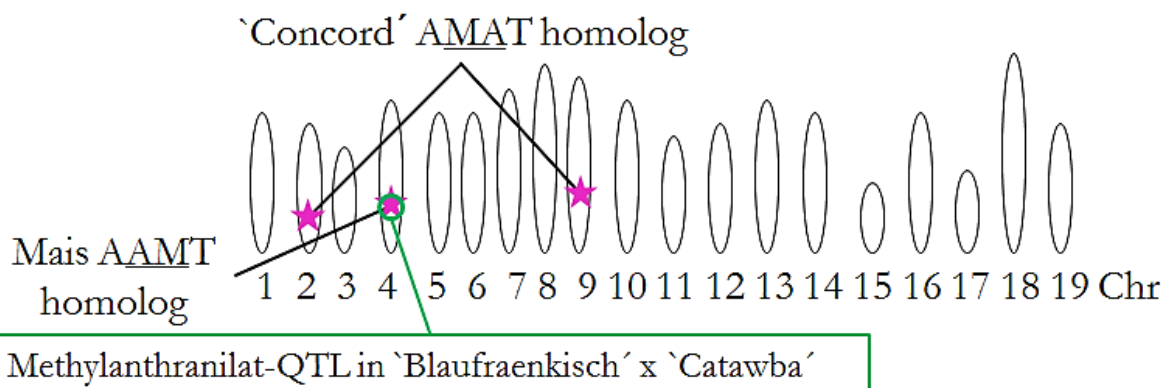


Abb. 35: Schema der 19 Chromosomen in der Weinrebe. Das BLASTp der AMAT-Sequenz von 'Concord' auf PN40024 (12x) resultierte in homologen Sequenzen auf Chr 2 und 9 (pink). In der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba' wurde ein Methylantranilat-QTL auf Chr 4 identifiziert (grün).

4. Diskussion

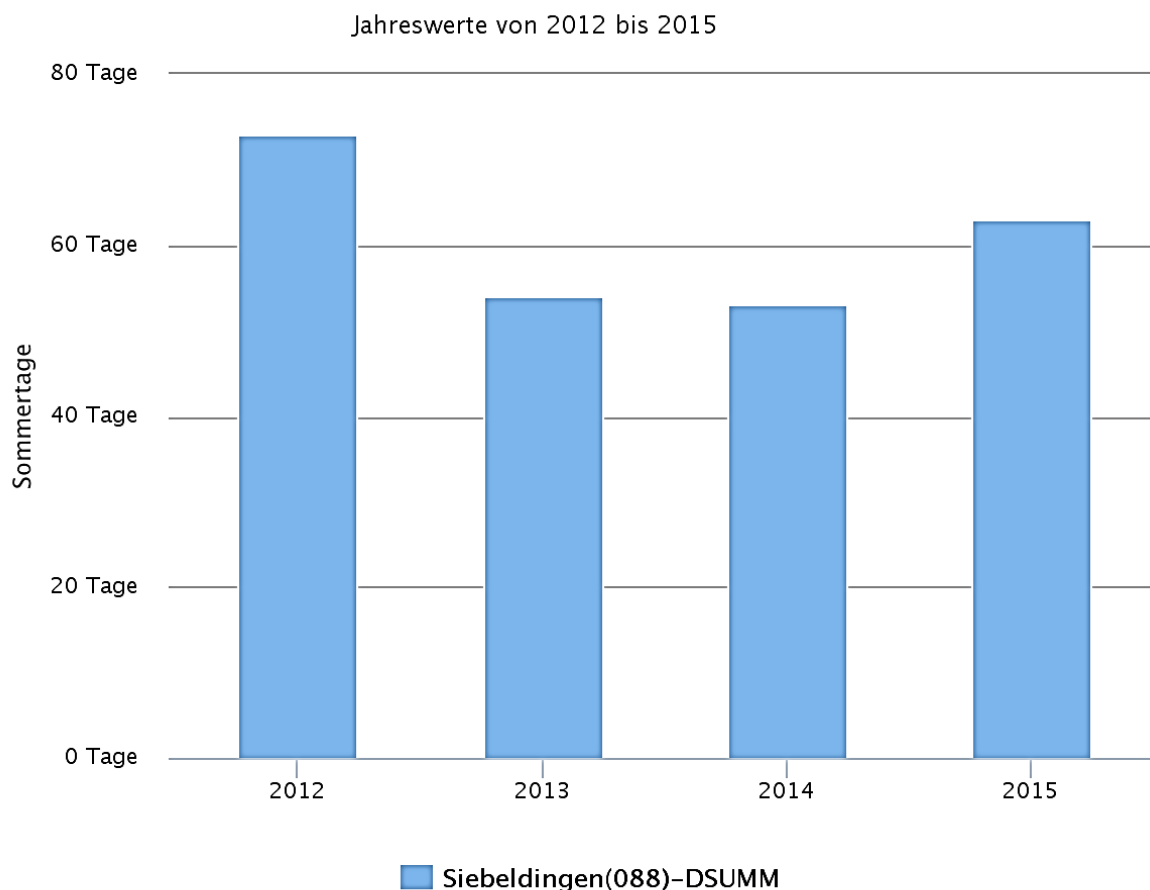
Nordamerikanische Wildarten, wie *Vitis riparia*, *Vitis cinerea* und *Vitis labrusca*, spielen in der Rebenzüchtung eine wichtige Rolle als Resistenzdonoren. Ihre Nutzung ist jedoch vielfach gekoppelt mit der gleichzeitigen Vererbung unerwünschter Qualitätseigenschaften durch die Wildreben, v. a. was die „Aromaqualität“ betrifft. Die vorliegende Arbeit befasste sich demgemäß vorwiegend mit den „Fehlaromen“ in Nachkommen der oben genannten Wildarten, betrachtet aber auch einige andere Merkmale, die Qualitätsfaktoren im weiteren Sinne darstellen („slip skin“) oder diese beeinflussen (Reifeverhalten). Zum einen sollte das Potential für die Vererbung von „Fehlaromen“ durch *Vitis riparia*- und *Vitis cinerea*-Hybriden untersucht werden. Zum anderen sollten die konkreten, negativen Aromastoffe Furaneol („Erdbeerton“) und Methylantranilat („Mottenkugelton“) in *Vitis labrusca*-Hybriden genetisch betrachtet werden. Diesbezüglich sollten Genomregionen durch QTL-Analysen eingegrenzt werden, die für ihre Bildung maßgeblich sind und damit eine Ableitung korrelierender genetischer Marker für die Rebenzüchtung ermöglichen.

4.1. Methodenentwicklung und Nebenversuche zu Furaneol

Die frühere Methode zur Analyse des Furaneols von Rapp *et al.* (1980) basierte auf einer Extraktion mit dem mittlerweile verbotenen FCKW Freon. Zunächst konnte eine Probenverarbeitung erfolgreich etabliert werden, bei der das Furaneol in den Mostproben durch einen Ascorbinsäurezusatz stabilisiert wird (s. 3.1). Im Gegensatz zur Weinmatrix ist nicht-glykosidisch gebundenes Furaneol in der Mostmatrix instabil (Sanz *et al.*, 1994; Schwab, 2013; Zabetakis *et al.*, 1999) und degradiert erfahrungsgemäß innerhalb weniger Stunden (Abb. 9). Durch die Zugabe des Antioxidans Ascorbinsäure zu den frisch gepressten Mostproben lässt sich das freie Furaneol zeitweise stabilisieren, sodass eine zuverlässige Quantifizierung im Most möglich wird (Abb. 10 - Abb. 11). Damit ließ sich auch der Furaneolgehalt in Genotypen erfassen, bei denen der Traubenertrag zu gering war, um einen Weinausbau vornehmen zu können. Die Furaneolanalyse musste daher vorwiegend anhand des Mosts erfolgen und konnte nur in einigen Fällen am entsprechenden Wein durchgeführt werden. Insgesamt 13 Substanzen wurden auf ihre mögliche Eignung als internen Standard in der Analyse getestet (Tab. 22). Das Furaneolderivat Mesifuran wurde als die am besten geeignete Substanz festgestellt. Diese Substanz ist ungiftig, führt zu keinen Verschleppungen im Gerät und hat weder eine zu unterschiedliche Retentionszeit gegenüber Furaneol, noch wird es durch Furaneol oder andere Substanzen überlagert. Da es jedoch in manchen Wildarthybriden auch nativ vorkommt, wurde eine Doppelanalyse, einmal mit zugesetztem Mesifuranstandard und einmal ohne Zusatz, durchgeführt.

Neben technischen Schwierigkeiten des Aromastoffnachweises beeinflusst die Witterung die Aromastoffausprägung. `Catawba` und ein Teil der Nachkommen reiften unter den lokalen Witterungsbedingungen sehr spät (Abb. 19 und Abb. 26). Dies beeinträchtigte die Aromastoffausprägung (3.2) und die Wahrnehmung der Aromen aufgrund des hohen Säuregehalts. Anscheinend wurde 2014 dadurch die Wahrnehmungsschwelle teilweise in der jeweiligen Matrix nicht erreicht. Die Vegetationsperiode 2015 wies dagegen eine überdurchschnittlich warme Witterung mit einer langen Trockenphase und Reifeperiode auf. Die „Fehlaromen“ wurden dadurch deutlich häufiger wahrgenommen (Abb. 18).

Die Abhängigkeit und Korrelation des Furaneolgehalts von den Umweltbedingungen und folglich von der Beerenreife (Abb. 18, Abb. 19, Abb. 20, Tab. 18), sollte durch eine künstliche „Umwelt“ experimentell bestätigt werden. Eine deutliche Reifebeschleunigung konnte durch das Einpacken der Pflanzen in lichtdurchlässige Folie zur Zeit des Austriebs erzielt werden (Abb. 13). Das erwies sich als sehr effektiv, sodass die Beschleunigung der Fruchtentwicklung zur *Véraison* etwa zwei Wochen im Vergleich zu den Kontrollpflanzen betrug. Die erhobenen Mostgewichte und Säuregehalte bestätigten diese Beobachtung. Nach der gleichzeitigen Lese zeigten sich deutlich höhere Furaneolgehalte und ein von den Testpersonen als deutlich intensiver wahrgenommener Erdbeereindruck in den reifebeschleunigten Varianten. Bei den zehn untersuchten Akzessionen konnte die Abhängigkeit des Furaneolgehalts von der Beerenreife bestätigt werden (Tab. 8). Im Gegensatz zur Studie von Kobayashi *et al.* (2013) erfolgte hier eine gezielte Reifebeschleunigung und es konnte eine deutliche umweltbedingte Beeinflussung des Furaneolgehalts gezeigt werden. Unter Berücksichtigung dieses Sachverhaltes können die vergleichenden analytischen Untersuchungen von `Catawba` und `Concord` (Tab. 18) folgendermaßen interpretiert werden: Bei vergleichbarer Reife, wie das 2014 und 2015 der Fall war, erreichte `Concord` einen deutlich höheren Furaneolgehalt als `Catawba`. Demgegenüber sind die ähnlichen Furaneolgehalte beider Sorten im Jahr 2012 vermutlich auf den deutlichen Reifevorsprung von `Catawba` im Vergleich zu `Concord` zurückzuführen. Der Reifevorsprung von `Catawba` resultierte wohl aus den günstigen Witterungsbedingungen und der damit verbundenen längeren Vegetationsperiode im Jahr 2012 (Abb. 36). Darüber hinaus bleibt allerdings festzustellen, dass die Aromastoffgehalte in verschiedenen Jahren zuweilen recht unterschiedlich sind (Tab. 18). Diese Unterschiede lassen sich zum einen durch unterschiedliche methodische Ansätze (3.1) und zum anderen durch die unterschiedlichen Reifeverläufe erklären (3.2).



Quelle: Agrarmeteorologie Rheinland-Pfalz

Abb. 36: Die Anzahl der Sommertage ($T_{\max} \geq 25 \text{ °C}$) in den Jahren 2012 bis 2015 in Siebeldingen am Standort 49.22° Nord, 8.05° Ost (Agrarmeteorologie, RLP).

Tatsächlich erreichte 'Catawba' 2012 auch das höchste Mostgewicht (93 °Oe) in den vier Jahren in denen der Furaneolgehalt gemessen wurde, was für eine fortgeschrittene Reife spricht. Folglich ist der „Erdbeerton“ bei mittel- bis spätreifenden Genotypen unter den gegebenen Klimabedingungen in Deutschland weniger stark ausgeprägt oder ggf. sogar gar nicht wahrnehmbar; im Gegensatz zu weinbautreibenden Ländern mit höheren Temperaturen und höherer Sonneneinstrahlung. Wie die Ergebnisse zur Reifebeschleunigung auch demonstrierten, hängt die organoleptische Wahrnehmung der „Erdbeerton“-Intensität nicht nur vom Furaneolgehalt ab, der durch die Genetik und die Umwelteinflüsse determiniert wird. Die wahrgenommene „Erdbeerton“-Intensität hängt auch von der sortentypischen Inhaltsstoffmatrix ab. So wurden die reifebeschleunigten Sorten 'Hopkins', 'Portland' und 'Russkii Konkord' mit der Boniturnote 4 (= starke Intensität) bewertet, ihre Furaneolgehalte waren jedoch recht unterschiedlich ($3\,270$, $5\,985$ bzw. 897 µg/L) (Tab. 8).

Unabhängig von der experimentellen Reifebeschleunigung wurden in der Sorte 'Concord' zwar höhere Furaneolgehalte als in 'Catawba' gemessen (Tab. 18), jedoch wurde die Wahrnehmung des „Erdbeertons“ in 'Catawba' als deutlich intensiver beschrieben. Anscheinend wurde die Wahrnehmung des „Erdbeertons“ in 'Concord' vom sehr intensiven „Mottenkugelton“ überlagert oder modifiziert. Mit der getesteten Methode zur Reifebeschleunigung lassen sich unterschiedliche Mikroklimata erzeugen. Es konnte festgestellt werden, dass der Grad der Reifebeschleunigung sortenabhängig ist (Tab. 8). Dies führt dazu, dass die Beschleunigung der Beerenreife zwischen den Sorten nur schwer direkt miteinander vergleichbar ist. Man benötigt deshalb eine Referenzpflanze der gleichen Sorte, die idealerweise, wie in diesem Fall, direkt benachbart gepflanzt ist. Die Beeren innerhalb einer Traube reifen unterschiedlich schnell (Coombe, 1992) und die Bildung von Sekundärmetaboliten erfolgt autonom in den einzelnen Beeren (Robinson & Davies, 2000). Darum wäre die Wiederholung des Versuchs zur Reifebeschleunigung in größerem Maßstab für die statistische Absicherung der Ergebnisse sinnvoll. Generell ist die Methodik sicherlich auch für Versuchsanstellungen hinsichtlich der Auswirkungen des zu erwartenden Klimawandels mit erhöhten Temperaturen und längeren Reifeperioden im Weinbau von Interesse (Mozell & Thach, 2014; Orduna, 2010). Auch in Hinblick auf die Züchtung kann dieses Verfahren zukünftig eingesetzt werden.

Zur Feststellung der Wahrnehmungsschwelle des Furaneols in Wein wurde der Triangeltest als sensorische Prüfmethode verwendet. Die ermittelte Wahrnehmungsschwelle lag sowohl für den Weißwein als auch für den Rotwein zwischen 1 und 2.5 ppm bei einer Signifikanzgrenze von 0,001 (Abb. 14). Erst ab einer Konzentration von $> 1,0$ ppm wurde ein Unterschied zum Grundwein (ohne Furaneolzugabe) mit einer statistischen Sicherheit von 99,99 % signifikant wahrgenommen. Im Weißwein konnte das Furaneol trotz gleicher Wahrnehmungsschwelle von einigen Testern bereits bei einer geringeren Konzentration identifiziert werden. Dies ist wohl auf die komplexe Matrix und auf andere flüchtige Stoffe im Rotwein zurückzuführen. Guth (1997) ermittelte für Furaneol eine Grenzkonzentration von 0,5 ppm in einem Wasser-Ethanol-Gemisch (89:11, v/v) bei retronasaler Wahrnehmung. In einer komplexen Weinmatrix ist ein entsprechend höherer Grenzwert zu erwarten. In einer Untersuchung von Rapp und Mandery (1986) sind Weine von drei weißen Sorten ('Pollux', 'Castor' und 'Riesling') aus vier Jahren analysiert worden. Mit der von Rapp und Mandery (1986) verwendeten Extraktionsmethode und der GC-Analyse lag die analytische Detektionsgrenze mit 2 ppb deutlich unterhalb des ermittelten Wahrnehmungsbereichs, welcher zwischen 30 und 40 ppb angegebene wurde (Abb. 37). Es gibt allerdings keine näheren Angaben dazu, wie die Wahrnehmungsschwelle durch Rapp und Mandery (1986) ermittelt wurde. Möglicherweise wurde hier die Wahrnehmungsschwelle von Furaneol in Wasser angegeben, die wesentlich geringer als in der Weinmatrix ausfällt (Rapp & Engel, 1995).

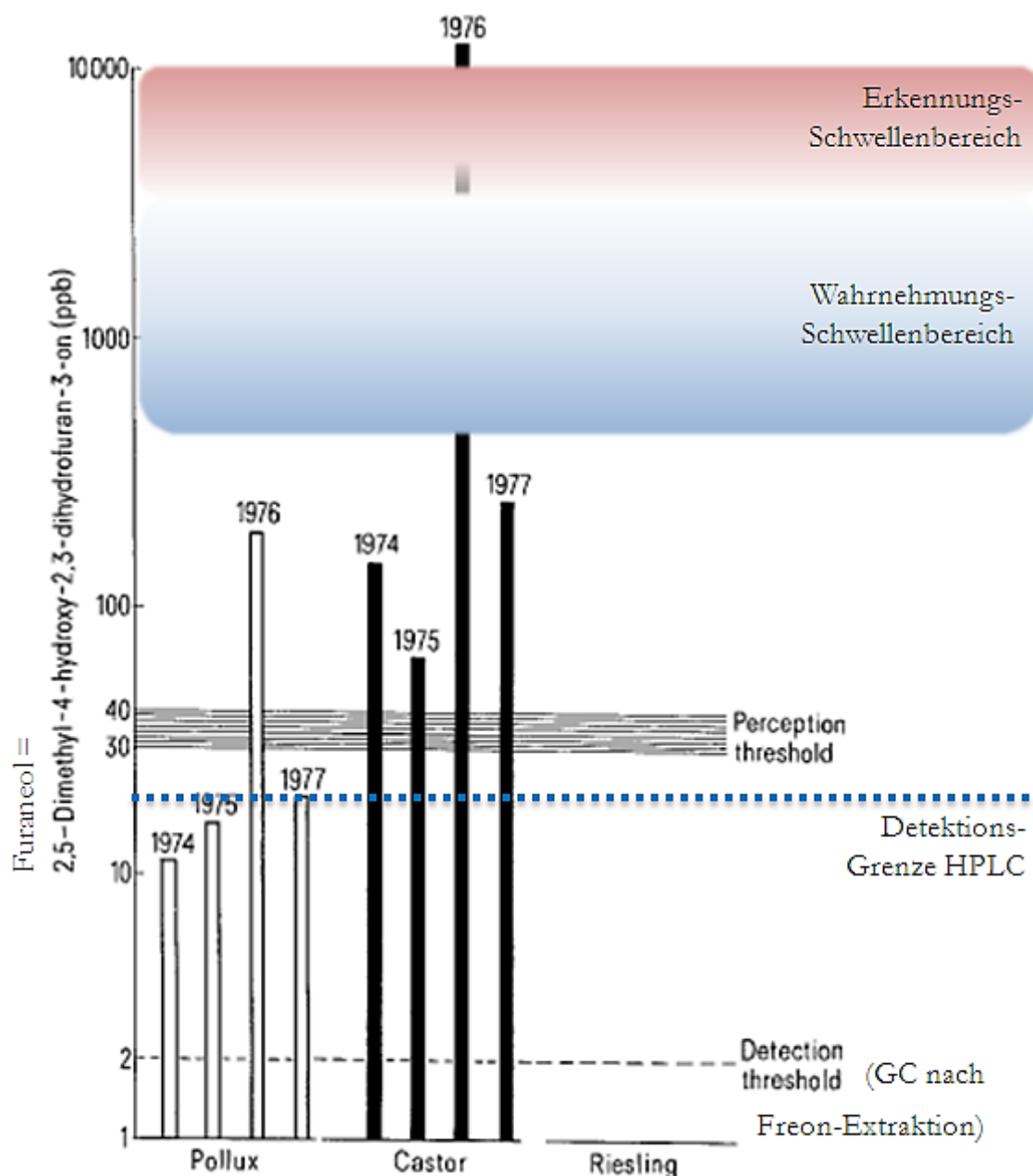


Abb. 37: Ergebnisse der Studie von Rapp und Mandery (1986) im Vergleich mit eigenen Untersuchungen (Abbildung von Rapp und Mandery modifiziert). Darstellung nach Braun *et al.* (2016).

Vermutlich sind die Unterschiede zwischen den von Rapp *et al.* (1986) und den in diesen Untersuchungen (Abb. 37) ermittelten Erkennungsschwellen in erster Linie auf die sortenspezifischen Matrixunterschiede der Grundweine zurückzuführen. Der Einfluss der sortenspezifischen Matrix zeigte sich übrigens auch bei der organoleptischen Testung von reifen Beeren bei verschiedenen Sorten aus der Rebsortensammlung des Instituts (Tab. 8). Den „Erdbeerton“ stellten Rapp und Mandery (1986) im `Castor`-Wein in allen vier untersuchten Jahrgängen organoleptisch fest, im `Pollux`-Wein allerdings nur 1976.

1976 waren die mittlere Tagestemperatur und die tägliche Sonnenscheindauer in der Reifeperiode besonders hoch (JKI Wetterdatenarchiv) und führten damit wohl zu reiferen Trauben und einer stärkeren Furaneolakkumulation im 'Pollux'-Wein. Da der Furaneolgehalt nachweislich mit der Beerenreife steigt (3.2), konnte der „Erdbeerton“ in dem 'Pollux'-Wein vermutlich 1976 erstmals wahrgenommen werden (Abb. 37; Braun *et al.* (2016)). Bei den Vorversuchen des Triangeltests wurde der „Erdbeerton“ im Weißwein auch organoleptisch bewertet. Daraus resultierte die Höhe der Erkennungsschwelle als „Erdbeerton“ ab etwa 10 ppm und höher (Abb. 37). Auch wenn diese Daten nicht statistisch untermauert sind, wird der Unterschied zwischen Wahrnehmungs- und Erkennungsschwelle deutlich. Die Schwellenwerte können zwar in Weinen unterschiedlicher Sorten und Ausbaumarten variieren, aber der Triangeltest dient als Anhaltspunkt zur Einschätzung der Rolle des Furaneols in Wein.

4.2. Aromastoffe in *Vitis riparia* und *Vitis cinerea*

In den *Vitis riparia*- und *Vitis cinerea*-Hybriden sollte zunächst geklärt werden, ob der „Foxton“ auftritt und arttypisch ist. Die vielfältigen organoleptischen und analytischen Untersuchungen ausgewählter Most- und Weinproben von Rebsorten mit entsprechender Abstammung und die Untersuchung der 'Börner'-Kreuzungsnachkommenschaften zeigten jedoch, dass der „Foxton“ sowohl für *Vitis riparia*, als auch für *Vitis cinerea* nicht arttypisch ist (Tab. 9, Tab. 10 und Abb. 17 in 3.4, sowie Tab. 19 im Anhang). In den untersuchten Mosten und Weinen der Kreuzungsnachkommen von 'Börner' (*Vitis riparia* x *Vitis cinerea*) wurden der „Erdbeer-“ und „Mottenkugelton“ organoleptisch nicht wahrgenommen. Furaneol und Methylantranilat wurden zwar olfaktorisch nach der gaschromatographischen Auftrennung in der GC-O-Analyse von den Testpersonen wahrgenommen, allerdings spielten sie in der vorhandenen geringen Konzentration keine Rolle im Gesamtaroma. Auch in anderen untersuchten Akzessionen mit *Vitis riparia* und *Vitis cinerea* im Stammbaum spielten der „Erdbeer-“ und „Mottenkugelton“ faktisch keine Rolle. Dementsprechend wurden die beiden „Fehlaromen“ in diesen Akzessionen von den Testern durchschnittlich mit 1 (= Wahrnehmungsschwelle) oder 0 (= nicht wahrnehmbar) bewertet. Die höheren Furaneol- und Methylantranilatgehalte in wenigen dieser untersuchten *Vitis riparia*- und *Vitis cinerea*-Hybriden sind vermutlich auf andere Wildarten, u. a. *Vitis labrusca*, zurückzuführen, die in den teilweise komplexen Stammbäumen dieser Akzessionen vertreten sind (Vgl. Tab. 20 und 21 im Anhang). Hinsichtlich des Furaneolgehalts von *Vitis riparia* und *Vitis cinerea*-Wildartakzessionen und deren Hybriden gibt es bisher wenige Studien. Lediglich Rapp *et al.* (1980) untersuchten *Vitis riparia*-Akzessionen, konnten dabei allerdings kein Furaneol detektieren. Rapp *et al.* (1980) detektierten Furaneol lediglich in *Vitis labrusca*-Nachkommen.

Ausgewählte Mostproben der organoleptisch charakterisierten Genotypen wurden auch mittels GC-O-MS-Analyse untersucht. Mit Hilfe dieser Methode kann die Geruchswahrnehmung am ODP (= „Schnüffeldetektor“) eindeutig über die Retentionszeit und die Detektion über den Massenspektrometer der ursächlichen Substanz zugeordnet werden. Methylantranilat wurde hierbei zwar oftmals, auch in den *Vitis vinifera*-Referenzsorten, wahrgenommen, allerdings waren die gemessenen Gehalte sehr gering ($< 0,6 \mu\text{g/L}$) oder lagen unterhalb der massenspektrometrischen Nachweisgrenze ($< 0,1 \mu\text{g/L}$) (Tab. 9). Diese geringen Mengen sind wohl im Gesamtaroma durch andere Aromen maskiert, sodass das Methylantranilat in diesen Fällen organoleptisch keine Rolle spielte. In der mit der Olfaktometrie gekoppelten GC-O-MS-Analyse waren die Aromabeschreibungen des Methylantranilats recht komplex und die Assoziationen divers, obwohl der Wiedererkennungswert hoch war (Abb. 15). The Good Scents Company (TGSC) beschreibt die Reinsubstanz mit „fruchtig“, „floral“, „muffig-moderig“ und „Orangenblütenöl“. Die Beschreibungen, die aus der GC-O-MS-Analyse resultierten, waren ähnlich. Zusätzlich wurde Methylantranilat als „rauchig“ und „würzig“ beschrieben (Abb. 15). Methylantranilat erinnerte häufig an Honig, was mit „karamellisiert“ transliteriert wurde. Furaneol wird in der Literatur mit „verbranntem Zucker“ und „Karamell“ beschrieben (Pickenhagen *et al.*, 1981; The Good Scents Company, TGSC). Das stimmte mit den durchgeführten GC-O-MS-Analysen überein (Abb. 16). In den GC-O-MS-Analysen wurde das Furaneol zudem mit „fruchtig“ und „floral“ beschrieben, was vermutlich zur starken Assoziation mit Erdbeeren führt, in denen Furaneol einen Leitaromastoff darstellt (Clarke & Jokie, 2004; Ubeda *et al.*, 2012; Zabetakis & Holden, 1997). Die unterschiedlichen Geruchswahrnehmungen lassen sich auf die unterschiedlichen Konzentrationen und verschiedenen Empfindlichkeiten der Testpersonen für diesen Stoff zurückführen, da der Wahrnehmungseindruck konzentrationsabhängig ist (Pickenhagen *et al.*, 1981).

Nachdem der „Foxtton“ als typisches „Fehlaroma“ in den Arten *Vitis riparia* und *Vitis cinerea* ausgeschlossen werden konnte, wurden diese beiden Arten und deren Abkömmlinge auf mögliche weitere „Fehlaromen“ untersucht. Als Untersuchungsmaterial wurden die Beeren von ausgewählten Hybriden und von ‘Gf.V3125’ x ‘Börner’ (*Vitis riparia* x *Vitis cinerea*)-Kreuzungsnachkommen gewählt und stichprobenartig untersucht. Bei den untersuchten Genotypen war sichergestellt worden, dass sie zum Lesezeitpunkt ihre physiologische Reife erreicht hatten (Tab. 11). Die organoleptischen Untersuchungen der Beeren resultierten in der häufigen Beschreibung dominanter vegetativ-„grüner“ Noten, die mit Gemüse, wie Paprika, Erbsen oder Spargel assoziiert wurden (Tab. 10). Vegetative Aromen führten Rapp und Mandery (1986) entweder auf ein unreifes Lesegut oder den Hybridcharakter zurück. Auch in dem hier untersuchten Material konnten die vegetativen Aromen mit Unreife in Verbindung gebracht werden, selbst wenn das Lesegut die physiologische Reife erreichte (Tab. 10, Abb. 17 und Tab. 11 in 3.4).

Einige vegetativ-„grüne“ Töne sind jedoch als sortencharakteristisch zu bewerten (z. B. in `Cabernet Sauvignon` und `Sauvignon Blanc`) und in den entsprechenden Weinen erwünscht. Sie sind somit zum Teil durchaus auch als positiv zu bewerten und stellen vielfach eine wichtige Komponente für die Typizität einer Sorte dar (Augustyn *et al.*, 1982; Kotseridis *et al.*, 1998; Schmarr *et al.*, 2010). Mansfield und Vickers (2009) beschrieben ebenfalls „grüne“ Noten im *Vitis riparia*-Hybriden `Frontenac`. Der „UHU-Ton“ (auch „Lösemittelton“), vor allem hervorgerufen durch Essigsäureethylester bzw. Ethylacetat, wurde in manchen untersuchten Sorten mit *Vitis cinerea*- und *Vitis riparia*-Abstammung, aber nicht in den untersuchten `Börner`-Nachkommen beschrieben (Tab. 10). Zur Identifizierung weiterer unerwünschter Aromastoffe wurden Analysen mittels GC-O-MS-Analyse durchgeführt. Die Aromagramme von *Vitis vinifera* `Pinot Blanc` und den traubentragenden, direkten `Börner`-Nachkommen unterschieden sich, abgesehen von den deutlich intensiveren vegetativen Aromen in den Wildartnachkommen, nur geringfügig (Abb. 17). In den fruchtig-floralen Noten waren die `Börner`-Nachkommen der Kulturart *Vitis vinifera* sehr ähnlich (Abb. 17). Auch Sun *et al.* (2011) konnten mittels GC-O-Analyse keine olfaktorischen Unterschiede in den fruchtig-floralen Noten zwischen *Vitis vinifera* (`Cabernet Franc` und `Blaufränkisch`) und den Wildarten *Vitis riparia* (9 Akzessionen) und *Vitis cinerea* (10 Akzessionen) feststellen. Allerdings untersuchten Sun *et al.* (2011) die Weine dieser Akzessionen. Im Vergleich zum Most sind erfahrungsgemäß generell größere Unterschiede im Aromaprofil der Weine zu erwarten, da die im Most glykosidisch gebundenen, geruchsinaktiven Aromastoffe während der Vinifikation freigesetzt werden (Bayonove *et al.*, 1984; Günata *et al.*, 1986; Williams *et al.*, 1991; Winterhalter & Schreier, 1994; Zoecklein *et al.*, 1997).

Die GC-O-MS-Analyse der `Börner` (*Vitis riparia* x *Vitis cinerea*)-Nachkommen resultierte in der Identifizierung von Substanzen aus der Stoffgruppe der Methoxy-pyrazine als hauptverantwortliche Aromastoffe für die in der Sensorik wahrgenommenen vegetativen Aromen. Die Wahrnehmungsschwelle der meisten Methoxy-pyrazine ist extrem gering und liegt bei 1 - 16 ng/L (Guillaumie *et al.*, 2013). Ghaste *et al.* (2015) und Sun *et al.* (2011) wiesen Methoxy-pyrazine in den reinen Wildarten *Vitis riparia* und *Vitis cinerea* nach. In *Vitis riparia*- und *Vitis cinerea* kommen sie in deutlich höheren Konzentrationen vor, als in der Kulturart *Vitis vinifera* (Sun *et al.*, 2011). Die Bewertung der Methoxy-pyrazine als negativ oder positiv ist äußerst subjektiv und stark konzentrationsabhängig (Parr *et al.*, 2007). Methoxy-pyrazine führen bei den *Vitis vinifera*-Sorten `Merlot`, `Cabernet Sauvignon` und `Sauvignon Blanc` zu ihren sortentypischen Aromausprägungen (Augustyn *et al.*, 1982; Kotseridis *et al.*, 1998; Schmarr *et al.*, 2010). In höheren Konzentrationen als in diesen Weinen üblich, sind sie allgemein unerwünscht (Guillaumie *et al.*, 2013). Sie werden nicht nur in den Früchten, sondern auch in den Blättern, dem Spross und der Wurzel der Weinrebe gebildet (Dunlevy *et al.*, 2010). Die Gehalte an Methoxy-pyrazinen in den Trauben werden stark von Umweltfaktoren und der Beerenreife beeinflusst (Dunlevy *et al.*, 2010; Guillaumie *et al.*, 2013; Sala *et al.*, 2005; Sun *et al.*, 2011).

Etwa ab der *Véraison* (= Beginn der Beerenreife) nimmt der Methoxypyrazingehalt mit zunehmendem Reifegrad stetig ab (Dunlevy *et al.*, 2013). Die Genotypen der 'V.3125' x 'Börner'-Population wurde 14 Wochen nach der Vollblüte geerntet, der 'Pinot blanc' 11 Wochen nach der Vollblüte. Trotz des fortgeschrittenen Reifestadiums der 'Börner'-Population wurden die vegetativen Noten bei ihr deutlich intensiver wahrgenommen, als bei der *Vitis vinifera* Vergleichssorte 'Pinot Blanc' (Abb. 17). In der Weinrebe gibt es drei dominierende Hauptmethoxypyrazine, von denen IBMP (2-Methoxy-3-isobutylpyrazin) i. d. R. in den höchsten Konzentrationen vorkommt (Dunlevy *et al.*, 2010). Zwei Arbeitsgruppen beschäftigten sich bereits umfassend mit der IBMP-Synthese in segregierenden Populationen: Dunlevy *et al.* (2013) und Guillaumie *et al.* (2013). Dunlevy *et al.* (2013) kartierten das Gen für das Schlüsselenzym *VvOMT3* auf Chr 3. Alle von Dunlevy *et al.* (2013) untersuchten Kreuzungsnachkommen wiesen IBMP in unterschiedlichen Konzentrationen auf. Deswegen wurde von Dunlevy *et al.* (2013) *VvOMT3* als qualitatives, heterozygot dominantes Merkmal beschrieben, das transkriptionell reguliert wird. In der Studie von Guillaumie *et al.* (2013) wurde die Population 'Cabernet Sauvignon' x *Vitis riparia* 'Gloire De Montpellier' auf ihre IBMP-Gehalte in den Blättern untersucht. Ein QTL auf Chr 3 bestätigte *VvOMT3*. *Vitis riparia* 'Gloire De Montpellier' besitzt laut den Autoren einen geringen IBMP-Gehalt in den Blättern. Da 'Gloire De Montpellier' männlich ist (DGR, Deutsche Genbank Reben), ist anzunehmen, dass die von Guillaumie *et al.* (2013) untersuchte Population im Blütengeschlecht segregierte und etwa die Hälfte der Nachkommenschaft auch männliche Infloreszenzen und damit keine Trauben aufwies. In der Literatur finden sich keine Angaben über die Korrelation der IBMP-Gehalte von Blättern und Beeren.

4.3. QTL-Analysen in der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba'

Der zweite Schwerpunkt lag auf der Untersuchung des „Foxtons“ in der Kreuzungsnachkommenschaft von 'Blaufränkisch' und 'Catawba'. Der *Vitis labrusca*-typische „Foxton“ ist auf die beiden Leitaromastoffe Furaneol („Erdbeerton“) und Methylantranilat („Mottenkugeltön“) zurückzuführen (Power & Chesnut, 1921; Rapp *et al.*, 1980; Stevens *et al.*, 1965; Wang & Luca, 2005). Die Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba' segregierte für die „Foxton“-Aromen (Abb. 18) und zeigte eine entsprechende Varianz in den Furaneol- und Methylantranilatgehalten (Abb. 20, Abb. 21). Alle Kreuzungsnachkommen wiesen gaschromatographisch detektierbare Konzentrationen an Methylantranilat auf (Abb. 21). Eine ähnliche Beobachtung machten Fisher *et al.* (1990) in zwei 'Concord'-Kreuzungsnachkommenschaften. In allen von ihnen untersuchten 'Concord'-Nachkommen wurde Methylantranilat detektiert, auch wenn der „Foxton“ nicht immer organoleptisch erfasst werden konnte.

4.3.1. Furaneol

Der ermittelte Furaneol-QTL mit dem höchsten LOD-Werten wurde auf KG 11 identifiziert (Tab. 12, Abb. 22). Dass die qualitativen Furaneol-Daten aus 2015 erstmals QTLs ergaben, ist wohl zum einen auf die Optimierung der Analysemethode (3.1) und zum anderen auf die günstigeren Witterungsbedingungen mit einer langen Reifeperiode und die damit verbundene, allgemein höhere Furaneolakkumulation in dieser Saison zurückzuführen (3.2 und 3.5). Die günstigen Witterungsbedingungen 2015 dürften auch die Erklärung dafür sein, dass der „Erdbeerton“ in der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba' in diesem Jahr bei 18 % mehr Individuen organoleptisch wahrgenommen wurde (Abb. 18). Zur abschließenden Validierung der Ergebnisse wären weitere Versuchsreihen wünschenswert. Dazu sollten die Analysen an Genotypen im gleichen Reifezustand erfolgen.

4.3.2. Methylantranilat

Ab der Methylantranilatkonzentration von 0,5 µg/L wird der „Mottenkugelson“ im Most wahrnehmbar (Tab. 9). Zur QTL-Analyse der Methylantranilat-Daten aus der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba' wurden diese bei einer Grenzkonzentration von 0,5 µg/L oder bezüglich des Gesamtmedians (= 0,7 µg/L) in zwei Kategorien eingeteilt. Für die Methylantranilatgehalte aus vier Jahren (2011 bis 2014) wurde in der 'Catawba'-Nachkommenschaft damit ein Haupt-QTL auf KG 4 identifiziert (Tab. 13, Abb. 23). Dieser hatte einen maximalen LOD-Wert von 14,0 und erklärte bis zu 43 % der genetischen Varianz (Tab. 13). Diese QTL-Region ist nicht besonders gut mit molekularen Markern abgedeckt (Abb. 23). Versuche, eine höhere Auflösung der genetischen Karte in dieser Region zu erzielen, waren erfolglos (Abb. 24). Für diesen Bereich publizierte oder anhand der Referenzgenomsequenz, insbesondere für den Bereich der Kandidatengene, neu entwickelte SSR-Marker konnten in dieser Kreuzungspopulation nicht kartiert werden. Die getesteten Marker (Tab. 23 im Anhang) wurden auf ihre Eignung zur genetischen Kartierung hin untersucht. Dabei zeigte sich, dass entweder keine Produkte amplifiziert wurden oder die erhaltenen Fragmentlängen nicht informativ, also monomorph, waren. Möglicherweise ist der von der Wildart vererbte Teil stark abweichend von der *Vitis vinifera*-Referenzsequenz (PN40024), auf der basierend die Marker entwickelt wurden. Unabhängig davon kann KG 4 von *Vitis labrusca* als ein „Qualitätschromosom“ angesehen werden, das in der Züchtung möglichst frühzeitig vollständig oder teilweise eliminiert werden sollte.

4.3.3. Weitere Merkmale

In der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba' wurden zusätzlich QTL-Analysen für andere Eigenschaften durchgeführt, wie für das *Vitis labrusca*-typische Beerenmerkmal „slip skin“ (3.6.3) und verschiedene Reifeparameter (3.6.4).

Für „slip skin“ wurden die Daten in zwei Jahren erhoben und der identifizierte QTL auf KG 1 war dabei reproduzierbar (Tab. 14, Abb. 25). Nach aktuellem Kenntnisstand ist dies der erste QTL, der für dieses Merkmal ermittelt wurde. Im Versuch mit den reifebeschleunigten Sortimentssorten (3.2 und Tab. 24 im Anhang) zeigte sich, dass die Eigenschaft „slip skin“ nicht reifeabhängig ist. 14 der untersuchten Akzessionen des Sortiments JKI-ZR weisen in diesem Merkmal einen intermediären Phänotyp auf, bei dem durch die Prüfer keine überwiegend einheitliche Zuordnung zum Vorhandensein oder zur Abwesenheit von „slip skin“ getroffen werden konnte (Tab. 24 im Anhang). „Slip skin“ kann in Rückkreuzungsprogrammen im Hinblick auf eine frühzeitige Eliminierung dieses Merkmals aus dem Zuchtmaterial von hohem Interesse sein.

Die Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba' segregierte auch in den beiden Merkmalen „Zeitraum Vollblüte bis Véraison“ und „Véraison“ (Abb. 26, Abb. 45 bis Abb. 49 im Anhang). Diese beiden Merkmale korrelierten miteinander (Abb. 50 im Anhang). Die erhobenen Véraisondaten aus den Jahren 2014 und 2015, sowie die Mittelwerte 2012 bis 2015 waren normalverteilt, 2013 und 2014 dagegen nicht (Abb. 45 - Abb. 48 im Anhang). Das ist wohl darauf zurückzuführen, dass die Auflösung bei der Bonitur mit jedem Jahr erhöht werden konnte. Sowohl für das Zeitintervall zwischen Vollblüte und Véraison, sowie für den Zeitpunkt der Véraison resultierte die QTL-Analysen in einem QTL auf KG 6 (Tab. 15, Tab. 16, Abb. 27). Bemerkenswert dabei ist, dass in der Literatur für mehrere Reifeparameter bereits ein QTL auf dieser Kopplungsgruppe bei Material mit abweichendem genetischem Hintergrund identifiziert wurde: Costantini *et al.* (2008) führten die QTL-Analysen in einer *Vitis vinifera*-Nachkommenschaft durch und erhielten für mehrere Reifeparameter QTLs auf KG 6. Fischer *et al.* (2004) beschrieben einen Véraison-QTL auf KG 6 in 'Regent'. Im Vergleich dazu resultierten die Untersuchungen der gleichen Reifeparameter (Véraison und Zeitraum „Vollblüte bis Véraison“) von Zyprian *et al.* (2006) in einem Haupt-QTL auf KG 16 („QTL Ver1“) und einem Neben-QTL auf KG 18. Zyprian *et al.* (2006) führten hierbei ihre Untersuchungen an der Population GF.GA-47-42 ('Bacchus' x 'Seyval') x 'Villard Blanc' mit mehreren verschiedenen Wildarten im Stammbaum durch. Wie andere Autoren feststellten, wird der Reifeprozess überwiegend auf transkriptioneller und translationaler Ebene reguliert (Robinson & Davies, 2000; Sweetman *et al.*, 2012; Zenoni *et al.*, 2010). Der identifizierte QTL erklärte mindestens 44 % der genetischen Varianz (Tab. 15 und Tab. 16).

4.4. Abstammung von 'Catawba' und 'Concord'

Die Abstammung der historisch bedeutsamen Sorten 'Catawba' und 'Concord' wurde mit Markeranalysen geklärt (Tab. 17, Tab. 25 im Anhang). Die Erfolgsrate von 55 % beim Test der SSR-Marker entsprach derjenigen, die bei genetischen Kartierungsarbeiten mit diesem Markertyp üblich ist (Riaz *et al.*, 2006). Die anfänglich unklare Mutter-Kind-Beziehung von 'Catawba' und 'Concord' konnte schließlich zweifelsfrei dahingehend aufgeklärt werden, dass 'Catawba' ein Elternteil von 'Concord' ist (Abb. 38). Dies lässt sich wie folgt ableiten:

1. 'Sémillon' ist eine alte, französische Sorte, die erstmals 1736 erwähnt wurde. 'Catawba' ist seit 1801 (Munson, 1909) und 'Concord' seit 1843 (Tukey, 1966) bekannt. Damit ist es unwahrscheinlich, dass 'Sémillon' ein Nachkomme von 'Catawba' oder 'Concord' ist (Robinson *et al.*, 2012). 'Sémillon' wurde vermutlich, wie viele anderen *Vitis vinifera*-Sorten, zu Beginn des amerikanischen Weinbaus nach Nordamerika eingeführt (Pinney, 2007).
2. In den umfangreichen SSR-Markeranalysen wies 'Catawba' 23 Allele auf, die weder von 'Sémillon', noch von 'Concord' vererbt werden konnten (Tab. 17), also kommt 'Concord' nicht als ergänzender Elternteil von 'Catawba' in Frage.
3. Molekulare Untersuchungen des Beerenfarblocus ergaben, dass 'Catawba' ein Allel für die rote Beerenfarbe trägt, das weder von 'Sémillon' (zwei rezessive Allele für weiße Beerenfarbe), noch von 'Concord' (ein Allel für schwarze und ein Allel für weiße Beerenfarbe) vererbt wurde (Huber *et al.*, 2016).
4. Die Hälfte der 'Sémillon'-Allele wurden an 'Catawba' und 21 % an 'Concord' vererbt (Tab. 25 im Anhang). Die genomweiten Polymorphismusdaten von Sawler *et al.* (2013) kommen zu einem ähnlichen Ergebnis, nämlich einem *Vitis vinifera*-Anteil von 51 % in 'Catawba' und von 31 % in 'Concord'.
5. 'Sémillon', 'Catawba' und 'Concord' sind hermaphroditen Blütengeschlechts mit je einem Allel für Zwitterigkeit (H) und einem für Weiblichkeit (F). 'Sémillon' trägt das Fk-Kulturallel, 'Catawba' und 'Concord' jedoch das "wilde weibliche Allel" Fw. Die Vererbung des Fw-Allels an 'Concord' lässt sich über die Markerdaten auf Chr 2 der drei Sorten nachvollziehen (Tab. 25 im Anhang): 'Concord' erbt an dieser Stelle den 'Sémillon'-Teil von 'Catawba', also das H-Allel. Falls es sich bei den unbekanntem Vorfahren um reine Wildarten handelt, wären diese weiblichen Blütengeschlechts, da *Vitis* Wildarten für gewöhnlich diözisch sind (Negrul, 1937; Tukey, 1966) und das männliche Blütengeschlechtsallel dominant über das Weibliche ist (Carbonneau, 1983; Marguerit *et al.*, 2009).

Alles in allem lässt sich ableiten, dass 'Catawba' und 'Concord' von verschiedenen, jedoch genetisch ähnlichen und reinen Wildarten abstammen (Abb. 38). Beide Vorfahren bleiben unbekannt, da es sich bei den Nachkommen um zufällige Kreuzungsprodukte handelt, die selektiert wurden.

Das Ergebnis der Verwandtschaftsanalyse ist im Allgemeinen eine wertvolle ergänzende Information zur Beschreibung und Charakterisierung von rebgenetischen Ressourcen. Im Speziellen ist es aber auch von züchterischer Relevanz, weil dadurch bei der Nutzung von 'Catawba' und 'Concord' in Zuchtprogrammen eine gezielte Hintergrundselektion möglich ist.

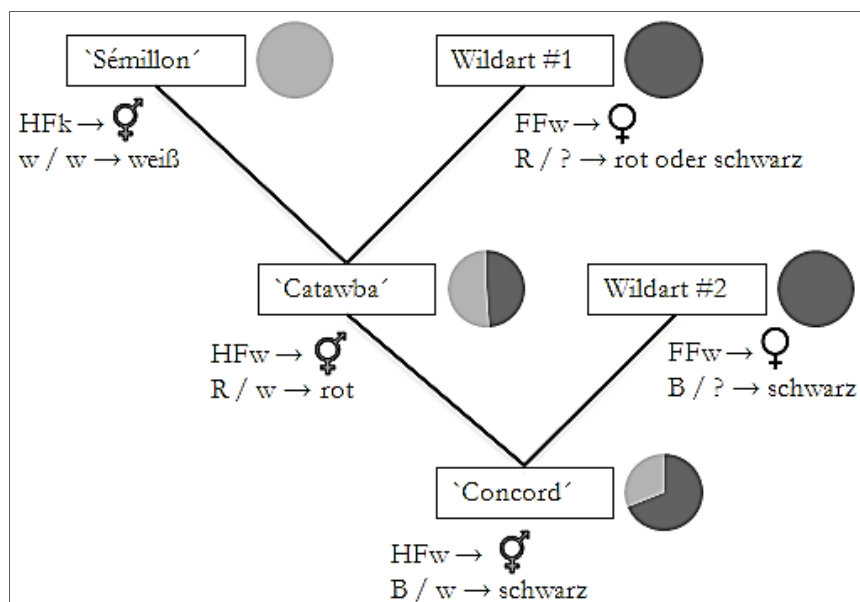


Abb. 38: Der Stammbaum von 'Catawba' und 'Concord' mit weiteren Angaben zum Beerenfarb- und Blütengeschlechtslocus, sowie dem Wildart- (dunkelgrau) und *Vitis vinifera*-Genomanteil (hellgrau). Blütengeschlechtsallele: H = hermaphrodit, Fk = weibliches Kulturallel, Fw = „wildes“ weibliches Allel. Infloreszenzen: ♀ = weiblich, ♀ = hermaphrodit; Beerenfarballele: B = schwarz, R = rot, w = weiß. Darstellung nach Huber *et al.* (2016).

Mithilfe der Markerdaten der Verwandtschaftsanalyse lassen sich die *Vitis vinifera*- und Wildartallele in der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba' kartieren (Abb. 30), wie in Abb. 28 und Abb. 29 beispielhaft gezeigt. Dies kann mehreren Zwecken dienen:

- 1) Die Negativselektion von Allelen, die für unerwünschte Eigenschaften kodieren über merkmalskorrelierende Marker, z. B. Pflanzen, die mit hoher Methylantranilatakkumulation identifiziert und aus dem Zuchtmaterial entfernt werden (3.6).
- 2) Die Positivselektion von Allelen, die mit erwünschten Eigenschaften assoziiert sind, z. B. einer verzögerten Beerenreife für eine Anpassung an den Klimawandel (3.6).
- 3) Die markergestützte Hintergrundselektion mit genomweiten, merkmalsunabhängigen SSR-Daten. Dabei ist eine gezielte Auswahl von Genotypen mit allen gewünschten Eigenschaften und dem höchsten *Vitis vinifera*-Anteil für die nächste (Rück-)Kreuzungsrunde möglich (3.7).

4.5. Die Genetik der Methylantranilatproduktion

In der 'Catawba'-Nachkommenschaft wurde für Methylantranilat ein Haupt-QTL auf KG 4 identifiziert (Tab. 13, Abb. 23). Laut *Vitis vinifera*-Referenzgenom PN40024 befindet sich in diesem Bereich ein potentiell Kandidatengen mit einer Ähnlichkeit zu *aamt1*, einer Anthranilsäure-Methyltransferase, sowie 11 Annotationen, die eine homologe, konservierte Methyltransferasedomäne, wie die von AAMT1 aufweisen (Abb. 51, Abb. 52 und Abb. 53 im Anhang). *Aamt1* kodiert das Schlüsselenzym im Methylantranilatsyntheseweg in Mais (Abb. 4 in der Einleitung). In dem direkten 'Catawba'-Nachfahren 'Concord' (Abb. 38) wird dagegen das Enzym AMAT (Anthraniloyl-CoA:methanol acyltransferase) als verantwortlich für die Methylantranilatsynthese beschrieben (Wang & Luca, 2005). Im Vergleich zu 'Catawba' hat sein Nachkomme 'Concord' einen mindestens 10-fach höheren Methylantranilatgehalt und weist meist einen deutlich intensiveren „Mottenkugelson“ auf (Tab. 18). Für die festgestellten organoleptischen und analytischen Jahresunterschiede sind wohl überwiegend der Reifegrad und lokale Wetterbedingungen verantwortlich. Der Abgleich der AMAT-Proteinsequenz aus 'Concord' mit dem *Vitis vinifera*-Referenzgenom PN40024 zeigte homologe Sequenzen auf Chr 2 und Chr 9 der Kulturart (Abb. 34 und Abb. 35). Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass die Synthesewege in den beiden direkt verwandten Genotypen unterschiedlich ausgeprägt sein könnten. Da der „Mottenkugelson“ in 'Concord' viel stärker auftritt, könnte der maisähnliche Syntheseweg in 'Concord' eine additive oder eventuell auch eine untergeordnete Rolle spielen. Reynolds (1980) postulierte, dass es zwei alternative Synthesewege und Genorte für Methylantranilat gibt und Fisher *et al.* (1990) konnten diese Hypothese nicht ausschließen. Fisher *et al.* (1990) postulierten einen einzigen heterozygoten Locus für die Methylantranilatproduktion. Diese Ableitung von Fisher *et al.* (1990) basierte auf der beobachteten Segregation in zwei Populationen, die aus der Selbstung von 'Concord'-Nachkommen (V.72181 und V.72182) resultierten (Abb. 39).

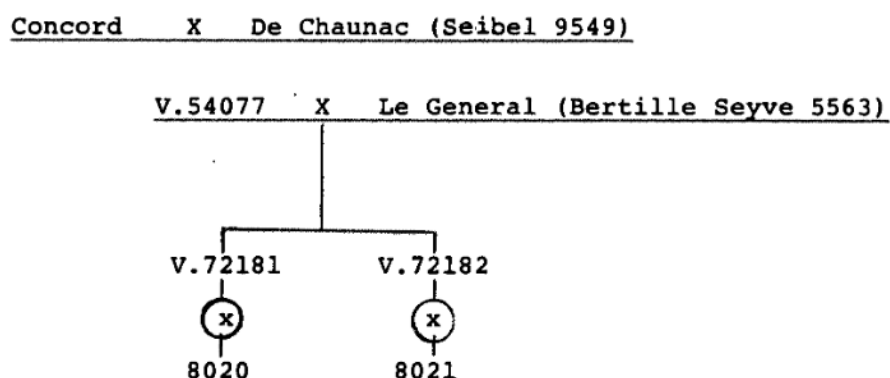


Abb. 39: Stammbaum der beiden Nachkommenschaften 8020 und 8021, die von Fisher *et al.* (1990) bezüglich ihrer Methylantranilatproduktion untersucht wurden (aus Fisher *et al.* (1990)).

Dagegen hatten Reynolds *et al.* (1982) an anderem Zuchtmaterial drei dominante und komplementäre Gene prognostiziert. Die Identifikation eines Methylantranilatlocus und die neu gewonnenen Erkenntnisse bilden die Grundlage um zukünftig *Vitis labrusca* als wertvolle genetische Ressource effizient in das Zuchtprogramm zu integrieren und „Fehlaromen“ frühzeitig eliminieren zu können.

5. Ausblick

Die 'Börner'-Rückkreuzungsnachkommen besaßen, erfreulicherweise für die Züchtung, keine mit dem „Foxton“ assoziierten, bedeutenden „Fehlaromen“ (3.4). Die enthaltenen Methoxy-pyrazine liegen als eine von wenigen Aromastoffgruppen nicht als geruchsinaktive Glykosidverbindungen in den Trauben und damit im Most vor (Guillaumie *et al.*, 2013). Ihre Bildung könnte in der 'Börner'-Rückkreuzungspopulation untersucht werden, und zwar nicht nur die von IBMP, sondern auch diejenige der beiden anderen Hauptmethoxy-pyrazine IPMP (2-Isopropyl-2-methoxy-pyrazin) und SBMP (2-Sec-butyl-2-methoxy-pyrazin) (Guillaumie *et al.*, 2013).

Der auf KG 11 identifizierte Furaneol-QTL (3.6.1) muss in weiteren Jahren verifiziert werden. Dabei sollten die Beeren in einem gleichen oder zumindest ähnlichen Reifestadium analysiert werden, da die Reifeabhängigkeit des Gehalts nachgewiesen werden konnte (3.2.). Hierzu könnte eine Dichtesortierung angebracht und mit überschaubarem Aufwand in die Probennahme integriert werden. Man könnte auch andere Beereninhaltsstoffen als interne Standards für den Reifegrad verwenden. Pedneault *et al.* (2013) schlagen vor, das Verhältnis der Aromastoffe *Cis*-3-hexenol (Sun *et al.* (2011): „Blätteralkohol“) zu *Trans*-2-hexanal als Reifeindex zu nutzen. González-San José *et al.* (1991) empfehlen die Gehalte von Phenolen hierfür heranzuziehen. Nach ihren Untersuchungen wäre dieser Ansatz wesentlich genauer, jedoch methodisch aufwändiger, als die geläufige Bestimmung der Reife über das Mostgewicht und den Säuregehalt.

Für eine verlässliche Anwendung in der Züchtung (Collard & Mackill, 2008) wäre es wünschenswert, den Methylantranilat-QTL (3.6.2) weiter einzugrenzen. Neue Marker auf KG 4 sollten basierend auf noch zu erstellenden Sequenzdaten von 'Catawba' oder der Wildart *Vitis labrusca* konzipiert werden. Um für die Methylantranilatbildung die positionelle Kandidatengen auf Chr 4 und / oder die strukturellen Kandidatengene auf Chr 2 oder Chr 9 (3.8) zu validieren, könnten deren Expression in 'Catawba' oder *Vitis labrusca* mittels Transkriptionsanalysen untersucht werden. Eine Sequenzierung von transkriptionellen und regulatorischen Bereichen könnte Unterschiede zwischen Sorten und Allelen aufzeigen.

Bezüglich „slip skin“ sollte für ein weiteres Jahr Daten in der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba' erhoben werden, um den entsprechenden QTL auf KG 1 erneut zu validieren (3.6.3). Wurden die QTLs für Furaneol, Methylantranilat und „slip skin“ ausreichend gesichert, können korrelierende Marker an Sortimentssorten in Assoziationsstudien für ihre breite Anwendbarkeit validiert werden, für die bereits umfassende phänotypische Daten vorhanden sind (Tab. 19 und Tab. 24 im Anhang).

Es gibt viele ampelographische Indizien für die Abstammung der beiden historisch bedeutsamen Sorten `Catawba` und `Concord` von der Wildart *Vitis labrusca* (Robinson *et al.*, 2012; Schreier & Paroschy, 1981). Allerdings erfolgte noch kein Nachweis auf molekulargenetischer Ebene. Der Nachweis der Abstammung von dieser Wildart wäre eine wertvolle Information für die rebgenetischen Ressourcen, auch wenn es wahrscheinlich unmöglich ist, die exakten Genotypen ausfindig zu machen. Wie sich 2016 herausstellte, stammt `Blaufränkisch` von der europäischen Wildart *Vitis vinifera* subsp. *sylvestris* ab (pers. Mitteilung, Dr. Erika Maul, JKI-ZR). Entsprechend könnte man in der Population `Blaufränkisch` x `Catawba` nach weiteren Qualitätseigenschaften suchen, die möglicherweise von *Vitis vinifera* subsp. *sylvestris* vererbt worden sein könnten.

Der Triangeltest erwies sich als sehr nützlich, um die Wahrnehmungsschwelle von Aromen im Wein zu ermitteln (3.3). Man könnte die Prüfung für das Furaneol noch in anderen Weinen durchführen, da die Wahrnehmungsschwelle sorten- und ausbauabhängig ist (z. B. bukettierte Weine oder im Barriquefass gereifte Weine). Der Triangeltest könnte auch mit anderen negativen oder auch positiven Aromastoffen durchgeführt werden. Der „Foxton“ wird oft mit „Erdbeer-“ und „Mottenkugelton“ assoziiert, obwohl die ursächlichen Aromastoffe auch unabhängig voneinander auftreten können. Folglich könnte die Überlagerung von Furaneol durch Methylantranilat, wie es bei `Concord` der Fall ist (Tab. 18, S. 55), über den Triangeltest untersucht werden.

Die Aromen durchlaufen erhebliche Änderungen während der Vinifikation und der späterem Alterung (Polaskova *et al.*, 2008; Rapp, 1990). Um diese zu untersuchen, wäre ein standardisierter Weinausbau, eventuell in sehr kleinem Maßstab, zu etablieren. Für instrumentelle Analysen ist eine Mikrovinifikation ausreichend, für eine statistisch auswertbare, sensorische Untersuchung jedoch nicht (Liccioli *et al.*, 2010). In der Vergangenheit gab es bereits Ansätze, die gezielte enzymatische Freisetzung zu nutzen, um den Glykosyl-Glukose-Gehalt und damit die Aromavorstufen zu quantifizieren (GG-Test) (Williams *et al.*, 1995; Zoecklein *et al.*, 1997). Dies könnte mit der „Aromenqualität“ des Mosts in Verbindung gebracht und für Selektionen genutzt werden (Abbott *et al.*, 1991; Abbott *et al.*, 1993; Iland *et al.*, 1996), wobei auch z. B. Polyphenolglykoside erfasst werden (Iland *et al.*, 1996). Wie in früheren Studien gezeigt wurde, hängt die Konzentration der Glykosyl-Glukose im Saft auch vom Reifezustand der Beeren ab (Coombe & McCarthy, 1997; Williams *et al.*, 1995; Wilson *et al.*, 1984). Ein wichtiger Schritt in der Zukunft wird es sein, die Ergebnisse zur Aromenqualität des Mosts auf den Wein zu transferieren.

6. Literaturverzeichnis

- Abbott, N. A., Coombe, B. G., Sefton, M. A., & Williams, P. J. (1990). *The secondary metabolites of Shiraz grapes as an index of table wine quality*. Paper presented at the 7th Australian Wine Industry Technical Conference, Adelaide, South Australia.
- Abbott, N. A., Coombe, B. G., & Williams, P. J. (1991). The Contribution of Hydrolyzed Flavor Precursors to Quality Differences in Shiraz Juice and Wines: An Investigation by Sensory Descriptive Analysis. *American Journal of Enology and Viticulture*, 42(3), 167-174.
- Abbott, N. A., Williams, P. J., & Coombe, B. G. (1993). *Measure of potential wine quality by analysis of grape glycosides*. Paper presented at the 8th Australian Wine Industry Technical Conference, Adelaide, South Australia.
- Agrarmeteorologie. (RLP, 27.09.2016). www.am.rlp.de.
- Akkurt, M., Welter, L. J., Maul, E., Töpfer, R., & Zyprian, E. (2007). Development of SCAR markers linked to powdery mildew (*Uncinula necator*) resistance in grapevine (*Vitis vinifera* L. and *Vitis* sp.). *Mol Breeding*, 19, 103-111. doi:10.1007/s11032-006-9047-9
- Alleweldt, G., & Hess, H. (1993). *Der Geilweilerhof und das Institut für Rebenzüchtung* (Vol. 2). Siebeldingen: Gemeinschaft der Förderer und Freunde des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof e. V.
- Arnold, C., Rossetto, M., McNally, J., & Henry, R. J. (2002). The application of SSRs characterized for grape (*Vitis vinifera*) to conservation studies in Vitaceae. *Am J Bot*, 89(1), 22-28. doi:10.3732/ajb.89.1.22
- Augustyn, O. P. H., Rapp, A., & Van Wyk, C. J. (1982). Some Volatile Aroma Components of *Vitis Vinifera* L. cv. Sauvignon blanc. *South African Journal of Enology and Viticulture*, 3(2), 53-60.
- Aznar, M., López, R., Cacho, J. F., & Ferreira, V. (2001). Identification and Quantification of Impact Odorants of Aged Red Wines from Rioja. GC–Olfactometry, Quantitative GC-MS, and Odor Evaluation of HPLC Fractions. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 49(6), 2924-2929. doi:10.1021/jf001372u
- Babo, A. W., & Rümpler, T. (1885). *Kultur und Beschreibung der amerikanischen Weintrauben*. Berlin.
- Bailly, S., Jerkovic, V., Meurée, A., Timmermans, A., & Collin, S. (2009). Fate of Key Odorants in Sauternes Wines through Aging. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 57(18), 8557-8563. doi:10.1021/jf901429d
- Battilana, J., Costantini, L., Emanuelli, F., Sevini, F., Segala, C., Moser, S., . . . Grando, M. S. (2009). The 1-deoxy-d-xylulose 5-phosphate synthase gene co-localizes with a major QTL affecting monoterpene content in grapevine. *Theoretical and Applied Genetics*, 118(4), 653-669. doi:10.1007/s00122-008-0927-8
- Bayonove, C., Günata, Y., & Cordonnier, R. (1984). Mise en évidence de l'intervention des enzymes dans le développement de l'arôme du jus de muscat avant fermentation: production des terpénols *Bull de l'OIV*, 57, 741-758.
- Belitz, H.-D., Grosch, W., & Schieberle, P. (2001). *Lehrbuch der Lebensmittelchemie* (Vol. 5). Heidelberg: Springer.

- Biologische Bundesanstalt für Land und Forstwirtschaft. (2001). Entwicklungsstadien mono- und dikotyler Pflanzen - BBCH Monografie. Retrieved from http://www.jki.bund.de/fileadmin/dam_uploads/_veroeff/bbch/BBCH-Skala_deutsch.pdf
- Borneman, A. R., Schmidt, S. A., & Pretorius, I. S. (2013). At the cutting-edge of grape and wine biotechnology. *Trends in Genetics* 29(4), 263-271.
- Börner, C. (1943). Die ersten reblausimmunen Rebenkreuzungen. *Angewandte Botanik*, 25, 126-143.
- Bowers, J. E., Dangl, G. S., & Meredith, C. P. (1999). Development and characterization of additional microsatellite DNA markers for grape. *American Journal of Enology and Viticulture*, 50(3), 243-246.
- Braun, F., Schwander, F., Eibach, R., & Töpfer, R. (2016). Etablierung des sensorischen Triangeltests zur Bestimmung der Wahrnehmungsschwelle von Aromen. *Geilweilerhof aktuell*, 44(1), angenommen.
- Busch-Stockfisch, P. D. M. (2015). Dreiecksprüfungen - Triangeltest *Sensorik kompakt: in der Produktentwicklung und Qualitätssicherung*: Behr's Verlag.
- Buttery, R. G., Takeoka, G. R., & Ling, L. C. (1995). Furanol: Odor Threshold and Importance to Tomato Aroma. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 43(6), 1638-1640. doi:10.1021/jf00054a042
- Cabezas, J. A., Cervera, M. T., Ruiz-Garcia, L., Carreño, J., & Martínez-Zapater, J. M. (2006). A genetic analysis of seed and berry weight in grapevine. *Genome*, 49(12), 1572-1585. doi:10.1139/g06-122
- Carbonneau, A. (1983). Male and female sterility in the genus *Vitis*. I: Modeling of their inheritance. *Agronomie*, 3, 635-644.
- Carmona, M. J., Chaïb, J., Martínez-Zapater, J. M., & Thomas, M. R. (2008). A molecular genetic perspective of reproductive development in grapevine. *Journal of Experimental Botany*, 59(10), 2579-2596. doi:10.1093/jxb/ern160
- Cipriani, G., Marrazzo, M., Di Gaspero, G., Pfeiffer, A., Morgante, M., & Testolin, R. (2008). A set of microsatellite markers with long core repeat optimized for grape (*Vitis* spp.) genotyping. *BMC Plant Biology*, 8(1), 1-13. doi:10.1186/1471-2229-8-127
- Clarke, R. J., & Jokie, B. (2004). *Wine Flavour Chemistry*: Blackwell Publishing Ltd.
- Cliff, M. A., Dever, M. C., & Reynolds, A. G. (1996). Descriptive Profiling of New and Commercial British Columbia Table Grape Cultivars. *American Journal of Enology and Viticulture*, 47(3), 301-308.
- Colin Slaughter, J. E. (1999). The naturally occurring furanones: Formation and function from pheromone to food. *Biological Reviews*, 74, 259-276.
- Collard, B. C. Y., & Mackill, D. J. (2008). Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 363(1491), 557-572. doi:10.1098/rstb.2007.2170
- Considine, J. A., & Knox, R. B. (1979). Development and histochemistry of the cells, cell walls, and cuticle of the dermal system of fruit of the grape, *Vitis vinifera* L. *Protoplasma*, 99(4), 347-365. doi:10.1007/bf01275807
- Coombe, B. G. (1992). Research on Development and Ripening of the Grape Berry. *American Journal of Enology and Viticulture*, 43, 101-110.
- Coombe, B. G., & McCarthy, M. G. (1997). Identification and naming of the inception of aroma development in ripening grape berries. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, 3, 18-20.

- Cordonnier, R., & Bayonove, C. (1979). Les composantes variétales et pré fermentaires de l'arôme des vins. *Rev franc Oenol*, 16, 79-90.
- Cordonnier, R., Bayonove, C. L., & Baumes, R. (1986). Données récentes sur les précurseurs d'arôme du raisin, perspectives de leur exploitation en vinification. *Revue Française d'Oenologie*, 102, 29-41.
- Costantini, L., Battilana, J., Lamaj, F., Fanizza, G., & Grando, M. S. (2008). Berry and phenology-related traits in grapevine (*Vitis vinifera* L.): From Quantitative Trait Loci to underlying genes. *BMC Plant Biology*, 8(1), 1-17. doi:10.1186/1471-2229-8-38
- Costantini, L., Moreira, F. M., Zyprians, E., Martínez-Zapater, J. M., & Grando, M. S. (2009). *Molecular Maps, QTL Mapping & Association Mapping in grapevine*. Netherlands: Springer
- Dalbò, M. A., Ye, G. N., Weeden, N. F., Steinkeller, H., Sefc, K. M., & Reisch, B. I. (2000). A gene controlling sex in grapevines placed on a molecular-based genetic map. *Genome*, 43(2), 333-340.
- DGR. (Deutsche Genbank Reben, 22.06.2016). <http://www.deutsche-genbank-reben.jki.bund.de/>.
- Di Gaspero, G., & Cattonaro, F. (2010). Application of genomics to grapevine improvement. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, 16, 122-130. doi:10.1111/j.1755-0238.2009.00072.x
- Di Gaspero, G., Cipriani, G., Marrazzo, M. T., Andreetta, D., Prado Castro, M. J., Peterlunger, E., & Testolin, R. (2005). Isolation of (AC)n-microsatellites in *Vitis Vinifera* L. and analysis of genetic background in grapevines under marker assisted selection. *Molecular Breeding*, 15(1), 11-20. doi:10.1007/s11032-004-1362-4
- DieWinzerzeitschriftNo.3. (2007). Methoxypyrazine - die grün-vegetative Aromakomponente. *Die Winzerzeitschrift*, *Die Winzerzeitschrift No. 3*, 31.
- Doligez, A., Bouquet, A., Danglot, Y., Lahogue, F., Riaz, S., Meredith, C. P., . . . This, P. (2002). Genetic mapping of grapevine (*Vitis vinifera* L.) applied to the detection of QTLs for seedlessness and berry weight. *Theoretical and Applied Genetics*, 105(5), 780-795. doi:10.1007/s00122-002-0951-z
- Duden. (2015). Deutsches Universalwörterbuch In Dudenredaktion (Ed.), *Das umfassende Bedeutungswörterbuch der deutschen Gegenwartssprache* (Vol. 8. Auflage). Mannheim: Bibliographisches Institut Mannheim
- Dunlevy, J. D., Dennis, E. G., Soole, K. L., Perkins, M. V., Davies, C., & Boss, P. K. (2013). A methyltransferase essential for the methoxypyrazine-derived flavour of wine. *Plant Journal*, 75(4), 606-617. doi:10.1111/tbj.12224
- Dunlevy, J. D., Soole, K. L., Perkins, M. V., Dennis, E. G., Keyzers, R. A., Kalua, C. M., & Boss, P. K. (2010). Two O-methyltransferases involved in the biosynthesis of methoxypyrazines: grape-derived aroma compounds important to wine flavour. *Plant Mol Biol*, 74(1-2), 77-89. doi:10.1007/s11103-010-9655-y
- Eckhart, W., & Sommer, R. (2008). *Ubudler Legende: Vom Wein der Gesetzlosen zur regionalen Köstlichkeit* (Vol. 1). Wien: Mandelbaum Verlag.
- Eibach, R., Zyprian, E. M., Welter, L. J., & Töpfer, R. (2007). The use of molecular markers for pyramiding resistance genes in grapevine breeding. *Vitis: Journal of Grapevine Research*, 46(2), 120-124.
- Einset, J., & Pratt, C. (1975). *Grapes*. West Lafayette: Purdue University Press.
- El-Nady, M. F. (2001). *Untersuchungen zum Mechanismus der Reblausresistenz der Unterlagsrebsorte 'Börner'*. (Dissertation), Johannes Gutenberg-Universität, Mainz.

- Fechter, I., Hausmann, L., Daum, M., Rosleff Sørensen, T., Viehöver, P., Weisshaar, B., & Töpfer, R. (2012). Candidate genes within a 143 kb region of the flower sex locus in *Vitis*. *Molecular Genetics and Genomics*, 287(3), 247-259. doi:10.1007/s00438-012-0674-z
- Fillion, L., & Kilcast, D. (2002). Consumer perception of crispness and crunchiness in fruits and vegetables. *Food Quality and Preference*, 13(1), 23-29. doi:http://dx.doi.org/10.1016/S0950-3293(01)00053-2
- Fischer, B. M., Salakhutdinov, I., Akkurt, M., Eibach, R., Edwards, K. J., Töpfer, R., & Zyprian, E. M. (2004). Quantitative trait locus analysis of fungal disease resistance factors on a molecular map of grapevine. *Theor Appl Genet*, 108(3), 501-515. doi:10.1007/s00122-003-1445-3
- Fisher, K. H., Fuleki, T., & Reynolds, A. G. (1990). The heritability of methyl anthranilate and total volatile esters in *Vitis* spp. hybrids. *Vitis: Journal of Grapevine Research*, 29, 132-146.
- Frisch, M., & Melchinger, A. E. (2005). Selection Theory for Marker-Assisted Backcrossing. *Genetics*, 170(2), 909-917. doi:10.1534/genetics.104.035451
- Galet, P. (2000). *Dictionnaire encyclopédique des cépages*. Paris: Hachette.
- Genovese, A., Piombino, P., Lisanti, M. T., & Moio, L. (2005). Occurrence of Furanol (4-Hydroxy-2,5-Dimethyl-3(2H)-Furanone) in Some Wines from Italian Native Grapes. *Annali di Chimica*, 95(6), 415-419. doi:10.1002/adic.200590048
- Ghaste, M., Narduzzi, L., Carlin, S., Vrhovsek, U., Shulaev, V., & Mattivi, F. (2015). Chemical composition of volatile aroma metabolites and their glycosylated precursors that can uniquely differentiate individual grape cultivars. *Food Chemistry*, 188, 309-319. doi:http://dx.doi.org/10.1016/j.foodchem.2015.04.056
- González-San José, M. L., Barren, L. J. R., Junquera, B., & Robredo, L. M. (1991). Application of principal component analysis to ripening indices for wine grapes. *Journal of Food Composition and Analysis*, 4(3), 245-255. doi:http://dx.doi.org/10.1016/0889-1575(91)90036-6
- Grape Genome Browser & Genoscope BLAST Server. Retrieved from <http://www.genoscope.cns.fr>
- Grattapaglia, D., & Sederoff, R. (1994). Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using a pseudo-testcross: mapping strategy and RAPD markers. *Genetics*, 137(4), 1121-1137.
- Guedes de Pinho, P., & Bertrand, A. (1995). Analytical Determination of Furanol (2,5-Dimethyl-4-Hydroxy-3(2H)-Furanone). Application to Differentiation of White Wines From Hybrid and Various *Vitis vinifera* Cultivars. *American Journal of Enology and Viticulture*, 46(2), 181-186.
- Guillaumie, S., Ilg, A., Réty, S., Brette, M., Trossat-Magnin, C., Decroocq, S., . . . Gomès, E. (2013). Genetic Analysis of the Biosynthesis of 2-Methoxy-3-Isobutylpyrazine, a Major Grape-Derived Aroma Compound Impacting Wine Quality. *Plant Physiology*, 162(2), 604-615. doi:10.1104/pp.113.218313
- Günata, Y. Z., Bayonove, C. L., Baumes, R. L., & Cordonnier, R. E. (1986). Stability of free and bound fractions of some aroma components of grapes cv. Muscat during the wine processing: preliminary results. *American Journal of Enology and Viticulture*, 37, 112-114.
- Guth, H. (1997). Quantitation and Sensory Studies of Character Impact Odorants of Different White Wine Varieties. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 45(8), 3027-3032. doi:10.1021/jf970280a
- Hedrick, U. P. (1908). *The Grapes of New York*. Albany, NY.

- Hedrick, U. P. (1919). *Manual of American grape-growing*. New York: The Macmillan company.
- Hedrick, U. P., & Anthony, R. D. (1915). Inheritance of certain characters of grapes. *Journal of Agriculture*, 4, 315-330.
- Herzog, E., Töpfer, R., Hausmann, L., Eibach, R., & Frisch, M. (2013). Selection strategies for marker-assisted background selection with chromosome-wise SSR multiplexes in pseudo-backcross programs for grapevine breeding *Vitis: Journal of Grapevine Research*, 52(4), 193-196.
- Hodge, J. E., Fisher, B. E., & Nelson, H. A. (1963). Dicarboxyls, reductones, and heterocyclics produced by reaction of reducin sugars with secondary amine salts. *Am Soc Brew Chem Proc* 83, 84-92.
- Hospital, F., Chevalet, C., & Mulsant, P. (1992). Using markers in gene introgression breeding programs. *Genetics*, 132(4), 1199-1210.
- Huber, F., Röckel, F., Schwander, F., Maul, E., Eibach, R., Cousins, P., & Töpfer, R. (2016). A View into American Grapevine History: *Vitis vinifera* cv. 'Sémillon' is an Ancestor of 'Catawba' and 'Concord'. *Vitis: Journal of Grapevine Research*, 55, 53-56. doi:10.5073/vitis.2016.55.53-56
- Iland, P. G., Cynkar, W., Francis, I. L., Williams, P. J., & Coombe, B. G. (1996). Optimisation of methods for the determination of tannin and red-free glycosyl glucose in black grape berries of *Vitis vinifera*. *Journal of Grape and Wine Research*, 2, 171-178.
- Jaillon, O., Aury, J. M., Noel, B., Policriti, A., Clepet, C., Casagrande, A., . . . Wincker, P. (2007). The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla. *Nature*, 449(7161), 463-467. doi:10.1038/nature06148
- Jürgen Kummer. (2015). Generator für Zufallszahlen. Retrieved from <http://rechneronline.de/zufallszahlen/>
- Kadisich, E., Müller, E., & Lipps, H.-P. (2008). *Weinbau - Der Winzer*. Stuttgart: Ulmer.
- Klug, W. S., Cummings, M. R., & Spencer, C. A. (2007). *Genetik* (Vol. 8): Pearson Studium.
- Kobayashi, H., Sasaki, K., Tanzawa, F., Matsuyama, S., Shunji, S., Takata, R., & Saito, H. (2013). Impact of harvest timing on 4-hydroxy-2,5-dimethyl-3(2H)-furanone concentration in "Muscat Bailey A" grape berries *Vitis: Journal of Grapevine Research*, 52(1), 9-11.
- Köllner, T. G., Lenk, C., Zhao, N., Seidl-Adams, I., Gershenzon, J., Chen, F., & Degenhardt, J. (2010). Herbivore-Induced SABATH Methyltransferases of Maize That Methylate Anthranilic Acid Using S-Adenosyl-L-Methionine. *Plant Physiology*, 153(4), 1795-1807. doi:10.1104/pp.110.158360
- Kotseridis, Y., Beloqui, A. A., Bertrand, A., & Doazan, J. P. (1998). An Analytical Method for Studying the Volatile Compounds of Merlot noir Clone Wines. *American Journal of Enology and Viticulture*, 49(1), 44-48.
- Kruskal, W. H., & Wallis, W. A. (1952). Use of Ranks in One-Criterion Variance Analysis. *Journal of the American Statistical Association*, 47(260), 583-621. doi:10.2307/2280779
- Lacombe, T., Boursiquot, J.-M., Laucou, V., Di Vecchi-Staraz, M., Péros, J.-P., & This, P. (2013). Large-scale parentage analysis in an extended set of grapevine cultivars (*Vitis vinifera* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 126(2), 401-414. doi:10.1007/s00122-012-1988-2
- Laing, D. G., & Jinks, A. (1996). Flavour perception mechanisms. *Trends in Food Science & Technology*, 7(12), 387-389. doi:http://dx.doi.org/10.1016/S0924-2244(96)10049-2

- Lande, R., & Thompson, R. (1990). Efficiency of Marker-Assisted Selection in the Improvement of Quantitative Traits. *Genetics*, *124*(3), 743-756.
- Laucou, V., Lacombe, T., Dechesne, F., Siret, R., Bruno, J. P., Dessup, M., . . . This, P. (2011). High throughput analysis of grape genetic diversity as a tool for germplasm collection management. *Theoretical and Applied Genetics*, *122*(6), 1233-1245. doi:10.1007/s00122-010-1527-y
- Liccioli, T., Tran, T. M. T., Cozzolino, D., Jiranek, V., Chambers, P. J., & Schmidt, S. A. (2010). Microvinification - how small can we go? *Applied Microbiology and Biotechnology*, *89*(5), 1621-1628. doi:10.1007/s00253-010-2992-6
- Lodhi, M. A., Daly, M. J., Ye, G. N., Weeden, N. F., & Reisch, B. I. (1995). A molecular marker based linkage map of *Vitis*. *Genome*, *38*, 786-794.
- Lowe, K. M., & Walker, M. A. (2006). Genetic linkage map of the interspecific grape rootstock cross Ramsey (*Vitis champinii*) × Riparia Gloire (*Vitis riparia*). *Theoretical and Applied Genetics*, *112*(8), 1582-1592. doi:10.1007/s00122-006-0264-8
- Mackay, T. F. C. (2001). Quantitative trait loci in *Drosophila*. *Nature Reviews Genetics*, *2*(1), 11-20.
- Mansfield, A. K., Schirle-Keller, J.-P., & Reineccius, G. A. (2011). Identification of Odor-Impact Compounds in Red Table Wines Produced from Frontenac Grapes. *American Journal of Enology and Viticulture*, *62*(2), 169-176.
- Mansfield, A. K., & Vickers, Z. M. (2009). Characterization of the Aroma of Red Frontenac Table Wines by Descriptive Analysis. *American Journal of Enology and Viticulture*, *60*(4), 435-441.
- Marguerit, E., Boury, C., Manicki, A., Donnart, M., Butterlin, G., Némorin, A., . . . Decroocq, S. (2009). Genetic dissection of sex determinism, inflorescence morphology and downy mildew resistance in grapevine. *Theoretical and Applied Genetics*, *118*(7), 1261-1278. doi:10.1007/s00122-009-0979-4
- Martins, W. S., Soares Lucas, D. C., de Souza Neves, K. F., & Bertioli, D. J. (2009). WebSat - A web software for microsatellite marker development. *Bioinformation*, *3*(6), 282-283.
- McGovern, P. E. (2000). *Origins and ancient history of wine* (P. E. McGovern Ed. Vol. 3). Philadelphia: Gordon and Breach Publishers.
- McMahon, H., Zoecklein, B. W., Fugelsang, K., & Jasinski, Y. (1999). Quantification of glycosidase activities in selected yeasts and lactic acid bacteria. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology*, *23*(3), 198-203. doi:10.1038/sj.jim.2900720
- Merdinoglu, D., Butterlin, G., Bevilacqua, L., Chiquet, V., Adam-Blondon, A. F., & Decroocq, S. (2005). Development and characterization of a large set of microsatellite markers in grapevine (*Vitis vinifera* L.) suitable for multiplex PCR. *Mol Breeding*, *15*. doi:10.1007/s11032-004-7651-0
- Mestres, M., Busto, O., & Guasch, J. (2000). Analysis of organic sulfur compounds in wine aroma. *Journal of Chromatography A*, *881*(1-2), 569-581. doi:http://dx.doi.org/10.1016/S0021-9673(00)00220-X
- Molnar, S., Galbacs, Z., Halász, g., Hoffmann, S., Kiss, E., Kozma, P., . . . Heszky, L. (2007). Marker assisted selection (MAS) for powdery mildew resistance in grapevine hybrid family. *Vitis: Journal of Grapevine Research*, *46*(4), 212-213.
- Mozell, M. R., & Thach, L. (2014). The impact of climate change on the global wine industry: Challenges & solutions. *Wine Economics and Policy*, *3*(2), 81-89. doi:http://dx.doi.org/10.1016/j.wep.2014.08.001

- Munson, T. V. (1909). *Foundations of American Grape Culture* New York: Orange Judd company.
- Narduzzi, L., Stanstrup, J., & Mattivi, F. (2015). Comparing wild American grapes versus *Vitis vinifera*: a metabolomics study of grape composition. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, *63*(30), 6823-6834. doi:10.1021/acs.jafc.5b01999
- Negrul, A. M. (1937). *Variabilität und Vererbung des Geschlechts bei der Rebe* (Vol. 10). Berlin.
- Noble, A. C., Arnold, R. A., Buechsenstein, J., Leach, E. J., Schmidt, J. O., & Stern, P. M. (1987). Modification of a Standardized System of Wine Arome Terminology. *American Journal of Enology and Viticulture*, *38*(2), 143-146.
- Orduna, R. M. d. (2010). Climate change associated effects on grape and wine quality and production. *Food Research International*, *43*, 1844-1855.
- Park, S. K., Morrison, J. C., Adams, D. O., & Noble, A. C. (1991). Distribution of free and glycosidically bound monoterpenes in the skin and mesocarp of Muscat of Alexandria grapes during development. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, *39*, 514-518.
- Parr, W. V., Green, J. A., White, K. G., & Sherlock, R. R. (2007). The distinctive flavour of New Zealand Sauvignon blanc: Sensory characterisation by wine professionals. *Food Quality and Preference*, *18*, 849-961.
- Pedneault, K., Dorais, M., & Angers, P. (2013). Flavor of Cold-Hardy Grapes: Impact of Berry Maturity and Environmental Conditions. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, *61*(44), 10418-10438. doi:10.1021/jf402473u
- Pérez, A. G., Olías, R., Sanz, C., & Olías, J. M. (1996). Furanones in Strawberries: Evolution during Ripening and Postharvest Shelf Life. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, *44*(11), 3620-3624. doi:10.1021/jf960099m
- Pickenhagen, W., Velluz, A., Passerat, J. P., & Ohlo, G. (1981). Estimation of 2,5-dimethyl-4-hydroxy-3(2H)-furanone (furanol) in cultivated and wild strawberries, pineapples and mangoes. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, *32* 1132-1134.
- Pinney, T. (2007). *A History of Wine in America, Volume 1 - From the Beginnings to Prohibition* (1 ed. Vol. 1). Berkeley: University of California Press.
- Polaskova, P., Herszage, J., & Ebeler, S. E. (2008). Wine flavor: chemistry in a glass. *Chemical Society Reviews*, *37*(11), 2478-2489. doi:10.1039/B714455P
- Pouget, R. (1990). Histoire de la lutte contre le *phylloxera* de la vigne en France. *OIV*.
- Power, F. B., & Chesnut, V. K. (1921). The occurrence of methyl anthranilate in grape juice. *Journal of the American Chemical Society*, *43*(1741), 1006-1007.
- R Core Team. (2013). R: A language and environment for statistical computing. R *Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria*(<http://www.R-project.org/>).
- Rapp, A. (1990). Natural flavours of wine: correlation between instrumental analysis and sensory perception. *Fresenius Journal of Analytical Chemistry*, *337*, 777-785.
- Rapp, A., & Engel, L. (1995). Nachweis and Bestimmung von "Furanol" (2,5-Dimethyl-4-hydroxy-3-furanon) in Weinen von *Vitis vinifera*-Sorten. *Vitis: Journal of Grapevine Research*, *34*(1), 71-72.
- Rapp, A., Knipser, W., Engel, L., Ullemeyer, H., & Heimann, W. (1980). Fremdkomponenten in Aroma von Trauben und Weinen interspezifischer Rebsorten. *Vitis: Journal of Grapevine Research*, *19*, 13-23.

- Rapp, A., & Mandery, H. (1986). Wine aroma. *Experientia*, 42(8), 873-884. doi:10.1007/BF01941764
- Rapp, A., & Ringlage, S. (1989). Vergleichende gaschromatographische Untersuchungen über die Aromasoffzusammensetzung der Weine verschiedener *Vitis-vinifera*- und pilzresistener Rebsorten. *Vitis: Journal of Grapevine Research*, 28, 21-29.
- Rex, F., Fechter, I., Hausmann, L., & Töpfer, R. (2014). QTL mapping of black rot (*Guignardia bidwellii*) resistance in the grapevine rootstock 'Börner' (*V. riparia* Gm183 x *V. cinerea* Arnold) *Theoretical and Applied Genetics*, 127, 1667-1677.
- Reynolds, A. G. (1980). *The inheritance of Methyl anthranilate and Total Volatile Esters in Vitis ssp.* (M. Sc.), University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada.
- Reynolds, A. G., Fuleki, T., & Evans, W. D. (1982). Inheritance of Methyl Anthranilate and Total Volatile Esters in *Vitis* spp. *American Journal of Enology and Viticulture*, 33, 14-19.
- Riaz, S., Krivanek, A. F., Xu, K., & Walker, M. A. (2006). Refined mapping of the Pierce's disease resistance locus, PdR1, and Sex on an extended genetic map of *Vitis rupestris* × *V. arizonica*. *Theoretical and Applied Genetics*, 113(7), 1317-1329. doi:10.1007/s00122-006-0385-0
- Ribéreau-Gayon, P. (1971). *Traité d'Ampélogie. Sciences et Techniques de la vigne*. Paris: Dunod.
- Robinson, J., Harding, J., & J., V. (2012). *Wine grapes. A complete guide to 1.368 vine varieties, including their origins and flavours*. London : Allen Lane: Penguin Books Ltd.
- Robinson, S. P., & Davies, C. (2000). Molecular biology of grape berry ripening. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, 6(2), 175-188. doi:10.1111/j.1755-0238.2000.tb00177.x
- Roessler, E. B., Warren, J., & Guymon, J. F. (1948). Significance in Triangular Taste Tests. *Journal of Food Science*, 13(6), 503-505. doi:10.1111/j.1365-2621.1948.tb16650.x
- Sala, C., Busto, O., Guasch, J., & Zamora, F. (2005). Contents of 3-alkyl-2-methoxypyrazines in musts and wines from *Vitis vinifera* variety Cabernet Sauvignon: influence of irrigation and plantation density. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 85(7), 1131-1136. doi:10.1002/jsfa.2068
- Sanz, C., Pérez, A. G., & Richardson, D. G. (1994). Simultaneous HPLC Determination of 2,5-Dimethyl-4-hydroxy-3 (2H)-Furanone and Related Flavor Compounds in Strawberries. *Journal of Food Science*, 59(1), 139-141. doi:10.1111/j.1365-2621.1994.tb06918.x
- Sawler, J., Reisch, B., Aradhya, M. K., Prins, B., Zhong, G.-Y., Schwaninger, H., . . . Myles, S. (2013). Genomics Assisted Ancestry Deconvolution in Grape. *PLoS ONE*, 8(11), 1-8. doi:10.1371/journal.pone.0080791
- Schäller, G. (1965). Ergebnisse der Rebenunterlagenzüchtung mit *Vitis cinerea* Arnold. *Der Züchter*, 35, 250-255.
- Schmarr, H. G., Ganss, S., Koschinski, S., Fischer, U., Riehle, C., Kinnart, J., . . . Kutyrev, M. (2010). Pitfalls encountered during quantitative determination of 3-alkyl-2-methoxypyrazines in grape must and wine using gas chromatography-mass spectrometry with stable isotope dilution analysis. Comprehensive two-dimensional gas chromatography-mass spectrometry and on-line liquid chromatography-multidimensional gas chromatography-mass spectrometry as potential loopholes. *Journal of Chromatography A*, 1217(43), 6769-6777. doi:10.1016/j.chroma.2010.06.049
- Schreier, P., & Paroschy, J. H. (1980). Volatile components of wild grapes, *Vitis riparia*, M. *Canadian Institute of Food Science and Technology Journal*, 13(3), 118-121. doi:http://dx.doi.org/10.1016/S0315-5463(80)73349-7

- Schreier, P., & Paroschy, J. H. (1981). Volatile Constituents from Concord, Niagara (*Vitis labrusca*, L.) and Elvira (*V. labrusca*, L. x *V. riparia*, M.) Grapes. *Canadian Institute of Food Science and Technology Journal*, 14(2), 112-118.
- Schuck, M. R., Biasi, L. A., Moreira, F. M., Silva, A. L. d., Riaz, S., & Walker, M. A. (2014). Use of microsatellite markers to assess the identity and genetic diversity of *Vitis labrusca* and *Vitis rotundifolia* cultivars. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 36, 301-308.
- Schuck, M. R., Moreira, F. M., Guerra, M. P., Voltolini, J. A., Grando, M. S., & da Silva, A. L. (2009). Molecular characterization of grapevine from Santa Catarina, Brazil, using microsatellite markers. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44(5), 487-495.
- Schwab, W. (2013). Natural 4-Hydroxy-2,5-dimethyl-3(2H)-furanone (Furaneol®). *Molecules*, 18(6), 6936-6951.
- Schwab, W., Davidovich-Rikanati, R., & Lewinsohn, E. (2008). Biosynthesis of plant-derived flavor compounds. *The Plant Journal*, 54(4), 712-732. doi:10.1111/j.1365-313X.2008.03446.x
- Schwander, F., Eibach, R., Fechter, I., Hausmann, L., Zyprian, E., & Töpfer, R. (2012). Rpv10: a new locus from the Asian *Vitis* gene pool for pyramiding downy mildew resistance loci in grapevine. *Theoretical and Applied Genetics*, 124(1), 163-176. doi:10.1007/s00122-011-1695-4
- Sefc, K. M., Regner, F., Turetschek, E., Glössl, J., & Steinkellner, H. (1999). Identification of microsatellite sequences in *Vitis riparia* and their applicability for genotyping of different *Vitis* species. *Genome*, 42(3), 367-373. doi:10.1139/gen-42-3-367
- Shure, K. B., & Acree, T. (1994). Changes in the Odor-Active Compounds in *Vitis labruscana* Cv. Concord during Growth and Development. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 42(2), 350-353. doi:10.1021/jf00038a022
- Siegmund, B., Bagdonaite, K., & Leitner, E. (2010). *Furaneol[®] and Mesifuran in strawberries - an analytical challenge*. Winterthur: ZHAW Züricher Hochschule für Angewandte Wissenschaften.
- Stevens, K. L., Lee, A., McFadden, W. H., & Teranishi, R. (1965). Volatiles from Grapes I. Some Volatiles from Concord Essence. *Journal of Food Science*, 30(6), 1006-1007. doi:10.1111/j.1365-2621.1965.tb01877.x
- Sun, Q., Gates, M. J., Lavin, E. H., Acree, T. E., & Sacks, G. L. (2011). Comparison of odor-active compounds in grapes and wines from *Vitis vinifera* and non-foxy American grape species. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 59(19), 10657-10664. doi:10.1021/jf2026204
- Sun, Q., Sacks, G., Lerch, S., & Vanden Heuvel, J. E. (2011). Impact of Shoot Thinning and Harvest Date on Yield Components, Fruit Composition, and Wine Quality of Marechal Foch. *American Journal of Enology and Viticulture*, 62(1), 32-41. doi:10.5344/ajev.2010.10023
- Sweetman, C., Wong, D. C., Ford, C. M., & Drew, D. P. (2012). Transcriptome analysis at four developmental stages of grape berry (*Vitis vinifera* cv. Shiraz) provides insights into regulated and coordinated gene expression. *BMC Genomics*, 13(1), 1-25. doi:10.1186/1471-2164-13-691
- Tanksley, S. D. (1993). Mapping polygenes. *Annual Review of Genetics*, 27, 205-233.
- The Good Scents Company. (IGSC, 08.05.2016). <http://www.thegoodscentscompany.com/>.
- This, P., Lacombe, T., & Thomas, M. R. (2006). Historical origins and genetic diversity of wine grapes. *Trends in Genetics*, 22(9), 511-519. doi:http://dx.doi.org/10.1016/j.tig.2006.07.008

- Thomas, M. R., & Scott, N. S. (1993). Microsatellite repeats in grapevine reveal DNA polymorphisms when analysed as sequence-tagged sites (STSs). *Theor Appl Genet*, 86.
- Töpfer, R., Hausmann, L., & Eibach, R. (2011). *Molecular Breeding*. Enfield, USA: Science Publishers.
- Töpfer, R., Hausmann, L., Harst, M., Maul, E., Zyprian, E. M., & Eibach, R. (2011). *New Horizons for Grapevine Breeding*: Global Science Books.
- Tukey, H. B. (1966). The Story of the Concord Grape. *Journal of Fruit Varieties and Horticultural Digest*, 20, 54-55.
- Ubeda, C., San-Juan, F., Concejero, B., Callejón, R. M., Troncoso, A. M., Morales, M. L., . . . Hernández-Orte, P. (2012). Glycosidically Bound Aroma Compounds and Impact Odorants of Four Strawberry Varieties. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 60(24), 6095-6102. doi:10.1021/jf301141f
- Van Ooijen, J. W. (2009). MapQTL 6, Software for the mapping of quantitative trait loci in experimental populations of diploid species. *Kyazma BV*.
- Van Ooijen, J. W., & Jansen, J. (2013). *Genetic Mapping in Experimental Populations*. Netherlands.
- Velasco, R., Zharkikh, A., Troggio, M., Cartwright, D. A., Cestaro, A., Pruss, D., . . . Viola, R. (2007). A high quality draft consensus sequence of the genome of a heterozygous grapevine variety. *PLoS ONE*, 2(12), 1-18. doi:10.1371/journal.pone.0001326
- VIVC. (*Vitis* International Variety Catalogue, 08.05.2015). <http://www.vivc.de/>.
- Voorrips, R. E. (2002). MapChart: Software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. *The Journal of Heredity*, 93(1), 77-78. doi:10.1093/jhered/93.1.77
- Wang, J., & Luca, V. D. (2005). The biosynthesis and regulation of biosynthesis of Concord grape fruit esters, including 'foxy' methylanthranilate. *The Plant Journal*, 44(4), 606-619. doi:10.1111/j.1365-313X.2005.02552.x
- Welter, L. J., Göktürk-Baydar, N., Akkurt, M., Maul, E., Eibach, R., Töpfer, R., & Zyprian, E. M. (2007). Genetic mapping and localization of quantitative trait loci affecting fungal disease resistance and leaf morphology in grapevine (*Vitis vinifera* L). *Mol Breeding*, 20, 359-374. doi:10.1007/s11032-007-9097-7
- Williams, P. J., Cynkar, W., Francis, I. L., Gray, J. D., Iland, P. G., & Coombe, B. G. (1995). Quantification of Glycosides in grapes, Juices, and Wines through a Determination of the Glycosyl Glucose. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 43, 121-128.
- Williams, P. J., Sefton, M. A., & Francis, I. I. (1991). *Glycosidic precursors of varietal grape and wine flavour*. New York: American Chemical Society.
- Wilson, B., Strauss, C. R., & Williams, P. J. (1984). Changes in free and glycosidically bound monoterpenes in developing Muscat grapes. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 32(4), 919-924. doi:10.1021/jf00124a054
- Winkler, A. J. (1974). *Development and Composition of Grapes*. Berkeley, CA: University of California Press.
- Winterhalter, P., & Schreier, P. (1994). C13-Norisoprenoid glycosides in plant tissues: An overview on their occurrence, composition and role as flavour precursors. *Flavour and Fragrance Journal*, 9(6), 281-287. doi:10.1002/ffj.2730090602

- Wüst, M. (2003). Zur Biochemie es sortentypischen Weinaromas: Wein - Qualität entscheidet sich in Nanogramm. *Chemie in unserer Zeit*, 37(1), 8-17.
- Zabetakis, I., Gramshaw, J. W., & Robinson, D. S. (1999). 2,5-Dimethyl-4-hydroxy-2H-furan-3-one and its derivatives: analysis, synthesis and biosynthesis - a review. *Food Chemistry* 65, 139-151.
- Zabetakis, I., & Holden, M. A. (1997). Strawberry Flavour: Analysis and Biosynthesis. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 74(4), 421-434. doi:10.1002/(SICI)1097-0010(199708)74:4<421::AID-JSFA817>3.0.CO;2-6
- Zenoni, S., Ferrarini, A., Giacomelli, E., Xumerle, L., Fasoli, M., Malerba, G., . . . Delledonne, M. (2010). Characterization of transcriptional complexity during berry development in *Vitis vinifera* using RNA-Seq. *Plant Physiology*, 152(4), 1787-1795. doi:10.1104/pp.109.149716
- Zhang, J., Hausmann, L., Eibach, R., Welter, L. J., Töpfer, R., & Zyprian, E. M. (2009). A framework map from grapevine V3125 (*Vitis vinifera* 'Schiava grossa' × 'Riesling') × rootstock cultivar 'Börner' (*Vitis riparia* × *Vitis cinerea*) to localize genetic determinants of phylloxera root resistance. *Theoretical and Applied Genetics*, 119(6), 1039-1051. doi:10.1007/s00122-009-1107-1
- Zoecklein, B. W., Marcy, J. E., Williams, J. M., & Jasinski, Y. (1997). Effect of Native Yeast and Selected Strains of *Saccharomyces cerevisiae* on Glycosyl Glucose, Potential Volatile Terpenes, and Selected Aglycones of White Riesling (*Vitis vinifera* L.) Wines. *Journal of Food Composition and Analysis*, 10, 55-65.
- Zyprian, E., Ochßner, I., Schwander, F., Šimon, S., Hausmann, L., Bonow-Rex, M., Moreno-Sanz, P., Grando, M.S., Wiedemann-Merdinoglu, S., Merdinoglu, D., Eibach, R., Töpfer, R. (2016). Quantitative trait loci affecting pathogen resistance and ripening of grapevines. *Molecular Genetics and Genomics*, 1-22. doi:10.1007/s00438-016-1200-5

7. Anhang

Tab. 19: Beerenorganoleptik im Sortiment mit den Intensitäten (Median und Standardabweichung STABW) von „Erdbeer-“ und „Mottenkugelton“ nach dem Bonitursystem in Tab. 7 (S. 23) von 0 (= nicht wahrnehmbar) bis 5 (= extrem starke Intensität). Erhebungsjahre: 2014 und 2015. Sechs Prüfer. Akzessionsnummer laut (DGR, Deutsche Genbank Reben)

Sortenname	Akzessionsnummer		„Erdbeerton“	„Mottenkugelton“
`Agawam´	DEU098-1980-493	Median	3	4
		STABW	1	2
`Alden´	DEU098-1980-494	Median	1	1
		STABW	1	1
`Allen's Hybrid´	DEU098-1992-050	Median	1	1
		STABW	1	1
`Aminia´	DEU098-1990-270	Median	4	3
		STABW	1	1
`Bacchus Black´	DEU098-1990-271	Median	1	2
		STABW	1	1
`Bailey Alicante A´	DEU098-1980-498	Median	1	1
		STABW	1	1
`Bailey´	DEU098-1994-034	Median	1	1
		STABW	1	2
`Batard De Sauternes´	DEU098-1980-572	Median	1	1
		STABW	1	1
`Bath´	DEU098-1980-499	Median	2	3
		STABW	1	1
`Beta´	DEU098-1987-075	Median	2	2
		STABW	1	1
`Black Eagle´	DEU098-1988-044	Median	2	2
		STABW	2	1
`Black Queen´	DEU098-1987-048	Median	1	1
		STABW	1	1
`Blue Eye´	DEU098-1992-051	Median	1	1
		STABW	1	1
`Bluestar´	DEU098-1980-501	Median	2	3
		STABW	1	1
`Brant´	DEU098-1991-093	Median	1	1
		STABW	1	1
`Brighton´	DEU098-1980-565	Median	4	3
		STABW	2	1
`Brilliant´	DEU098-1992-052	Median	3	2
		STABW	1	1
`Buffalo´	DEU098-1988-046	Median	2	3
		STABW	1	2

`Campbell Early`	DEU098-1988-181	Median	4	4
		STABW	2	2
`Canada`	DEU098-1998-007	Median	1	1
		STABW	0	1
`Canandaigua`	DEU098-1990-276	Median	2	2
		STABW	1	2
`Captivator`	DEU098-1989-238	Median	4	4
		STABW	1	1
`Carman`	DEU098-1993-166	Median	1	2
		STABW	1	2
`Catawba (4n)`	DEU098-1980-503	Median	1	5
		STABW	1	0
`Catawba Early`	DEU098-1990-281	Median	2	2
		STABW	2	1
`Centennial`	DEU098-1995-046	Median	1	1
		STABW	1	1
`Century 1`	DEU098-1980-505	Median	1	1
		STABW	1	1
`Chontay`	DEU098-1990-277	Median	2	4
		STABW	1	1
`Christmas (4n)`	DEU098-1991-032	Median	2	3
		STABW	2	1
`Cook`	DEU098-1980-513	Median	3	3
		STABW	2	1
`Couderc 1613`	DEU098-1980-575	Median	1	1
		STABW	1	1
`Dave McGregor P 14- 40`	DEU098-1993-174	Median	1	1
		STABW	1	1
`Dave McGregor P 3- 58`	DEU098-1993-173	Median	1	1
		STABW	0	0
`Delaware`	DEU098-1980-514	Median	2	3
		STABW	1	1
`Delicious`	DEU098-1990-263	Median	2	2
		STABW	1	2
`Diana`	DEU098-1980-515	Median	4	1
		STABW	1	1
`Dix`	DEU098-1990-280	Median	1	1
		STABW	1	1
`Dunkirk`	DEU098-1980-517	Median	2	3
		STABW	2	1
`Dutchess`	DEU098-1980-518	Median	1	1
		STABW	1	1
`Eaton (4n)`	DEU098-1980-512	Median	3	4
		STABW	1	1
`Echionie De`	DEU098-1995-011	Median	4	2

‘Vivie’		STABW	1	2
‘Edelweiss’	DEU098-1991-074	Median	2	4
		STABW	1	1
‘Elvicand’	DEU098-1990-282	Median	3	1
		STABW	1	1
‘Elvira’	DEU098-1980-519	Median	1	2
		STABW	1	2
‘Emerald’	DEU098-1980-520	Median	3	4
		STABW	1	1
‘Empire State’	DEU098-1990-283	Median	3	2
		STABW	1	2
‘Eona’	DEU098-1989-239	Median	3	1
		STABW	2	1
‘Eric’	DEU098-1980-684	Median	4	3
		STABW	1	1
‘Espirit’	DEU098-1993-175	Median	2	2
		STABW	2	1
‘Essex’	DEU098-1989-159	Median	1	2
		STABW	1	1
‘Etta’	DEU098-1989-160	Median	2	4
		STABW	1	2
‘Extra’	DEU098-1989-161	Median	1	1
		STABW	2	2
‘Fredonia’	DEU098-1990-460	Median	3	4
		STABW	1	1
‘Gaertner’	DEU098-1989-162	Median	4	4
		STABW	1	1
‘Geneva’	DEU098-1989-165	Median	3	5
		STABW	1	1
‘Goethe’	DEU098-1992-055	Median	3	1
		STABW	1	2
‘Gold Coin’	DEU098-2011-019	Median	1	4
		STABW	1	2
‘Gong Rong’	DEU098-2006-122	Median	1	1
		STABW	1	1
‘Harmony’	DEU098-1987-068	Median	1	1
		STABW	1	1
‘Hartford’	DEU098-1989-168	Median	3	4
		STABW	1	1
‘Helen Keller’	DEU098-1989-169	Median	3	4
		STABW	1	1
‘Herbert’	DEU098-1980-523	Median	2	2
		STABW	1	2
‘Hercules’	DEU098-1990-286	Median	4	4
		STABW	2	2

`Hidalgo´	DEU098-1992-057	Median	1	1
		STABW	1	1
`Hopkins´	DEU098-1991-040	Median	2	2
		STABW	2	1
`Horizon´	DEU098-1989-240	Median	1	1
		STABW	1	1
`Husmann´	DEU098-1989-170	Median	1	1
		STABW	1	0
`Hyuga (4n)´	DEU098-1993-122	Median	3	2
		STABW	1	1
`Illinois 172- 1´	DEU098-1990-287	Median	1	1
		STABW	1	1
`Illinois 244- 1´	DEU098-1989-242	Median	1	1
		STABW	1	0
`Iona´	DEU098-1988-048	Median	3	2
		STABW	1	1
`Island Belle´	DEU098-1989-252	Median	3	3
		STABW	1	1
`Janesville´	DEU098-1989-171	Median	2	3
		STABW	1	2
`Jasmine (4n)´	DEU098-1993-123	Median	2	1
		STABW	1	1
`Jefferson´	DEU098-1990-292	Median	3	2
		STABW	1	1
`Kay Gray´	DEU098-1990-296	Median	2	1
		STABW	2	1
`Kensington´	DEU098-1989-256	Median	1	1
		STABW	1	1
`Kokuho (4n)´	DEU098-1993-124	Median	2	2
		STABW	1	2
`Kyoho (4n)´	DEU098-1985-006	Median	1	1
		STABW	1	2
`Lady Patricia´	DEU098-1980-528	Median	3	3
		STABW	1	2
`Lady Washington´	DEU098-1989-182	Median	1	1
		STABW	1	1
`Lake Emerald´	DEU098-1989-183	Median	1	1
		STABW	1	2
`Lakemont Seedless´	DEU098-1980-529	Median	1	1
		STABW	1	1
`Liberty´	DEU098-1990-298	Median	1	1
		STABW	1	2
`Lomanto´	DEU098-1990-299	Median	1	1
		STABW	1	1
`Long John´	DEU098-1990-300	Median	2	3

		STABW	1	1
`Lyubitelskii´	DEU098-1993-143	Median	2	2
		STABW	1	2
`Mandan´	DEU098-1991-072	Median	1	1
		STABW	1	1
`Manito´	DEU098-1990-301	Median	2	1
		STABW	1	2
`Margarita´	DEU098-1993-144	Median	1	1
		STABW	1	2
`Marion´	DEU098-1990-302	Median	1	4
		STABW	1	1
`Massasoit´	DEU098-1990-304	Median	5	3
		STABW	1	1
`McDonald Blue´	DEU098-1980-535	Median	2	4
		STABW	2	1
`Merrimac´	DEU098-1989-258	Median	2	2
		STABW	2	1
`Meynieu 6´	DEU098-1980-619	Median	1	1
		STABW	1	1
`Mills´	DEU098-1985-003	Median	2	1
		STABW	2	1
`Mrs. Munson´	DEU098-1989-196	Median	2	1
		STABW	1	1
`Munson´	DEU098-2012-107	Median	1	2
		STABW	1	1
`Muscat Bailey A´	DEU098-1993-119	Median	1	1
		STABW	2	1
`Nagrada´	DEU098-1993-148	Median	4	2
		STABW	1	1
`New York Muscat´	DEU098-1990-306	Median	1	1
		STABW	2	1
`Niabell (4n)´	DEU098-1989-198	Median	3	4
		STABW	1	2
`Niagara Red´	DEU098-1990-308	Median	3	5
		STABW	1	1
`Noah´	DEU098-1980-537	Median	2	3
		STABW	1	2
`North Fork´	DEU098-1989-200	Median	2	3
		STABW	1	1
`Norwood´	DEU098-1980-538	Median	3	2
		STABW	1	2
`Olita´	DEU098-1989-204	Median	4	2
		STABW	1	2
`Ontario 1616´	DEU098-1980-657	Median	1	1
		STABW	1	1

`Orlando Seedless´	DEU098-1991-055	Median	1	1
		STABW	1	1
`Othello´	DEU098-1995-038	Median	1	1
		STABW	1	1
`Ozark prize´	DEU098-1993-162	Median	1	2
		STABW	1	2
`Pearl´	DEU098-1989-205	Median	2	3
		STABW	2	2
`Perkins´	DEU098-1990-312	Median	2	4
		STABW	1	2
`Perle Noire´	DEU098-2000-015	Median	1	1
		STABW	1	1
`Pione (4n)´	DEU098-1989-207	Median	1	1
		STABW	1	1
`Plamennyi´	DEU098-1988-094	Median	1	1
		STABW	1	1
`Portland´	DEU098-1991-097	Median	3	4
		STABW	2	1
`Price´	DEU098-1980-541	Median	5	4
		STABW	0	1
`Primus´	DEU098-1988-144	Median	1	1
		STABW	1	1
`Prinzipal´	DEU098-1993-056	Median	1	1
		STABW	1	1
`R.W. Munson´	DEU098-1989-208	Median	1	3
		STABW	1	1
`Remaily 63-33A´	DEU098-1989-259	Median	2	4
		STABW	0	1
`Ripley´	DEU098-1989-263	Median	3	2
		STABW	2	2
`Rochester´	DEU098-1989-210	Median	3	4
		STABW	1	2
`Romulus´	DEU098-1980-545	Median	1	1
		STABW	1	1
`Ronaldo´	DEU098-1989-211	Median	2	1
		STABW	1	2
`Rose Queen´	DEU098-1980-546	Median	3	1
		STABW	2	0
`Rou Ding Xiang´	DEU098-1985-005	Median	3	2
		STABW	2	1
`Russkii Konkord´	DEU098-1988-150	Median	4	1
		STABW	2	1
`Ryoho (4n)´	DEU098-1993-129	Median	1	1
		STABW	1	2
`Salem´	DEU098-1990-314	Median	3	2

		STABW	1	1
`Seibel 848´	DEU098-1992-049	Median	1	1
		STABW	2	1
`Seibel 2660´	DEU098-1990-233	Median	1	1
		STABW	1	1
`Seibel 1011´	DEU098-2003-065	Median	1	0
		STABW	1	1
`Seibel 13669´	DEU098-1990-321	Median	1	1
		STABW	1	1
`Seibel 2666´	DEU098-2003-076	Median	1	1
		STABW	1	1
`Seibel 4132´	DEU098-1990-196	Median	1	1
		STABW	1	1
`Seneca´	DEU098-1980-549	Median	2	1
		STABW	1	1
`Shakoka´	DEU098-1989-271	Median	2	2
		STABW	2	1
`Sheridan´	DEU098-1980-550	Median	4	3
		STABW	2	1
`Skookum Seedless´	DEU098-2007-022	Median	3	1
		STABW	2	1
`Sovereign Coronation´	DEU098-1980-551	Median	2	4
		STABW	1	2
`Sovereign Rose´	DEU098-1980-552	Median	3	1
		STABW	1	1
`Splendid´	DEU098-1990-065	Median	1	1
		STABW	2	1
`Stark Star´	DEU098-1990-268	Median	0	0
		STABW	1	2
`Suffolk Red´	DEU098-1980-553	Median	1	1
		STABW	2	1
`Super Hamburg´	DEU098-1988-145	Median	0	0
		STABW	2	2
`Takasago´	DEU098-1990-350	Median	2	4
		STABW	1	2
`Takasumi (4n)´	DEU098-1993-130	Median	1	1
		STABW	1	1
`Uehara Violet´	DEU098-1993-132	Median	2	1
		STABW	1	1
`Ventura´	DEU098-1980-556	Median	1	1
		STABW	1	1
`Vergennes´	DEU098-1980-557	Median	3	1
		STABW	1	2
`Violla´	DEU098-1987-057	Median	2	3
		STABW	1	1

`Vineland 49404´	DEU098-1990-172	Median	1	1
		STABW	1	1
`Vineland 53035´	DEU098-2006-073	Median	2	2
		STABW	1	1
`Vinered´	DEU098-1980-560	Median	2	1
		STABW	1	2
`Watkins´	DEU098-1980-562	Median	3	1
		STABW	2	1
`Westfield´	DEU098-1988-050	Median	1	4
		STABW	1	1
`Wetumka´	DEU098-1989-235	Median	1	1
		STABW	1	1
`Wilder´	DEU098-1990-354	Median	1	1
		STABW	1	1
`Xenia´	DEU098-1990-355	Median	1	1
		STABW	1	1
`Yates´	DEU098-1980-563	Median	3	1
		STABW	2	1
`Zilga´	DEU098-2006-120	Median	3	4
		STABW	1	1

Tab. 20: Auszug aus den Ergebnissen der organoleptischen Untersuchungen im Sortiment. Gezeigt sind die Evaluierungen der *Vitis riparia*-Nachkommen, ihre Aromenbewertung, ihre Abstammung (sofern bekannt (DGR, Deutsche Genbank Reben)) und Reifeparameter in den Jahren 2014 und 2015. 0 = nicht wahrnehmbar, 1 = Wahrnehmungsschwelle, 2 = Schwach, 3 = moderat, 4 = stark, 5 = extrem stark. MG = Mostgewicht, GS = Gesamtsäure.

Sortenname	Wildarten im Stammbaum	Erntejahr	„Mottenkugelton“	„Erdbeer-ton“	MG [°Oe]	GS [g/L]
`Bacchus Black´	<i>Vitis riparia</i>	2014	1,5	0,5	76	24,7
	<i>Vitis labrusca</i>	2015	1,0	3,0	91	19,5
`Canada´	<i>Vitis riparia</i>	2014	1,0	0,5	77	13,2
	<i>Vitis labrusca</i>	2015	0,0	0,0	74	12,0
	<i>Vitis vinifera</i>					
`Chontay´	<i>Vitis riparia</i>	2014	4,0	2,0	75	8,5
	<i>Vitis labrusca</i>	2015	2,0	2,0	89	8,2
	<i>Vitis vinifera</i>					
`Couderc 1613´	<i>Vitis riparia</i>	2014	0,0	0,0	88	14,1
	<i>Vitis longii</i>	2015	0,0	0,0	79	20,7
	<i>Vitis labrusca</i> <i>V. vinifera</i>					
`Dave McGregor P 14- 40´	<i>V. riparia</i>	2014	0,0	0,0	82	10,3
	<i>V. rupestris</i> <i>V. linccumii</i>	2015	0,0	0,0	69	10,9
	<i>V. aestivalis</i> <i>V. vinifera</i>					

`Edelweiss´	<i>V. riparia</i>	2014	4,0	1,0	82	7,0
	<i>V. labrusca</i> <i>V. vinifera</i>	2015	4,0	2,0	84	6,5
`Empire State´	<i>V. riparia</i>	2014	4,0	3,5	76	2,7
	<i>V. labrusca</i> <i>V. vinifera</i>	2015	2,0	4,0	89	6,1
`Kay Gray´	<i>V. riparia</i>	2014	0,0	0,0	91	5,0
	<i>V. labrusca</i> <i>V. vinifera</i>	2015	0,0	3,0	94	5,7
`Kensington´	<i>V. riparia</i>	2014	0,0	0,0	63	12,0
	<i>V. labrusca</i> <i>V. vinifera</i>	2015	0,0	2,0	89	11,6
`Ontario 1616´	<i>V. riparia</i>	2014	0,0	0,0	95	9,1
	<i>V. longii</i>	2015	0,0	0,0	97	17,5
`Othello´	<i>V. riparia</i>	2014	1,0	1,0	66	8,3
	<i>V. labrusca</i> <i>V. vinifera</i>	2015	0,0	0,0	57	14,6
`Remaily 63-33A´	<i>V. riparia</i>	2014	4,0	2,0	77	8,5
	<i>V. labrusca</i> <i>V. vinifera</i>	2015	4,0	2,0	83	12,5
`Shakoka´	<i>V. riparia</i>	2014	1,0	0,0	75	17,5
	<i>V. labrusca</i>	2015	2,0	3,0	89	15,0
`Vialla´	<i>V. riparia</i>	2014	2,0	3,0	78	13,1
	<i>V. labrusca</i>	2015	4,0	2,0	72	21,1

Tab. 21: Auszug aus den Ergebnissen der organoleptischen Untersuchungen im Sortiment. Gezeigt sind die Evaluierungen der *Vitis cinerea*-Nachkommen, ihre Aromenbewertung, ihre Abstammung (sofern bekannt (DGR, Deutsche Genbank Reben)) und Reifeparameter in den Jahren 2014 und 2015. 0 = nicht wahrnehmbar, 1 = Wahrnehmungsschwelle, 2 = Schwach, 3 = moderat, 4 = stark, 5 = extrem stark.

Sortenname	Wildarten im Stammbaum	Erntejahr	„Mottenkugelton“	„Erdbeer-ton“	MG [°Oe]	GS [g/L]
`Century 1´	<i>V. vinifera</i> <i>V. cinerea</i> <i>V. labrusca</i> <i>V. rupestris</i>	2014	0,0	0,0	80	6,4
	<i>V. lincecumii</i> <i>V. berlandieri</i> <i>V. aestivalis</i>	2015	0,0	0,0	65	8,8
`Illinois 172- 1´	<i>V. aestivalis</i> <i>V. cinerea</i> <i>V. berlandieri</i>	2014	0,0	0,0	81	10,9
	<i>V. lincecumii</i> <i>V. rupestris</i> <i>V. labrusca</i> <i>V. vinifera</i>	2015	0,0	0,0	85	15,9
`Mrs. Munson´	<i>V. lincecumii</i> <i>V. aestivalis</i>	2014	1,0	2,0	73	12,0
	<i>V. cinerea</i>	2015	3,0	2,0	82	9,8

`Perle Noire`	<i>V. linsecumii</i>	2014	0,0	0,0	44	10,2
	<i>V. aestivalis</i>					
	<i>V. cinerea</i>	2015	0,0	0,0	52	13,8
	<i>V. berlandieri</i>					
	<i>V. labrusca</i>					
	<i>V. vinifera</i>					
	<i>V. rupestris</i>					
`Seibel 848`	<i>V. aestivalis</i>	2014	1,0	2,0	56	11,2
	<i>V. cinerea</i>	2015	0,0	0,0	47	11,6
<i>V. rupestris</i>						
	<i>V. linsecumii</i>					
`Seibel 2660`	<i>V. aestivalis</i>	2014	2,0	0,0	61	16,6
	<i>V. cinerea</i>	2015	0,0	2,0	67	14,6
<i>V. rupestris</i>						
	<i>V. linsecumii</i>					
`Seibel 13669`	<i>V. aestivalis</i>	2014	0,0	0,0	67	14,2
	<i>V. cinerea</i>	2015	0,0	0,0	76	13,1
<i>V. berlandieri</i>						
	<i>V. linsecumii</i>					
	<i>V. rupestris</i>					
	<i>V. labrusca</i>					
	<i>V. vinifera</i>					
`Seibel 4132`	<i>V. linsecumii</i>	2014	0,0	0,0	66	15,2
	<i>V. rupestris</i>	2015	0,0	2,0	73	11,3
<i>V. aestivalis</i>						
	<i>V. cinerea</i>					

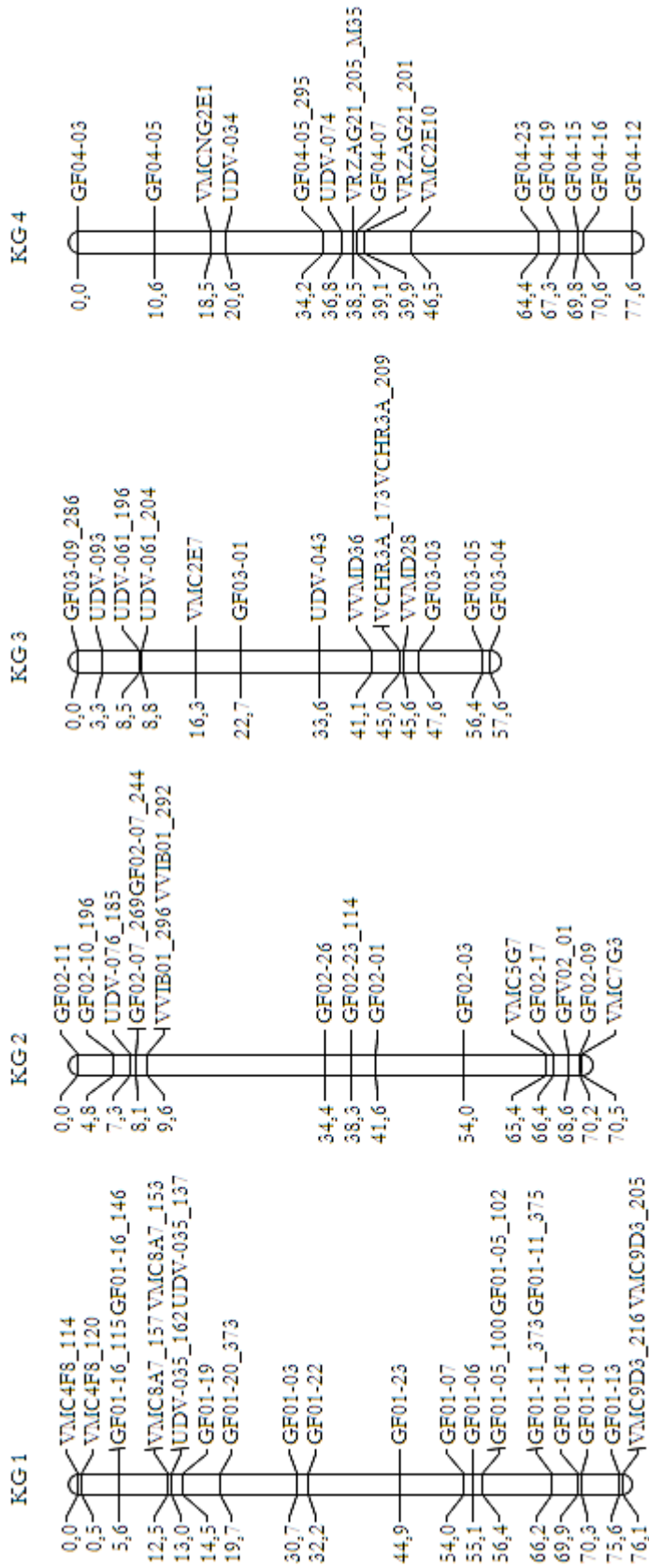


Abb. 40: Genetische Karte der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba': Kopplungsgruppe KG 1 bis 4. Markerabstand in Centimorgan. Erstellt durch Dr. Martina Bonow-Rex.

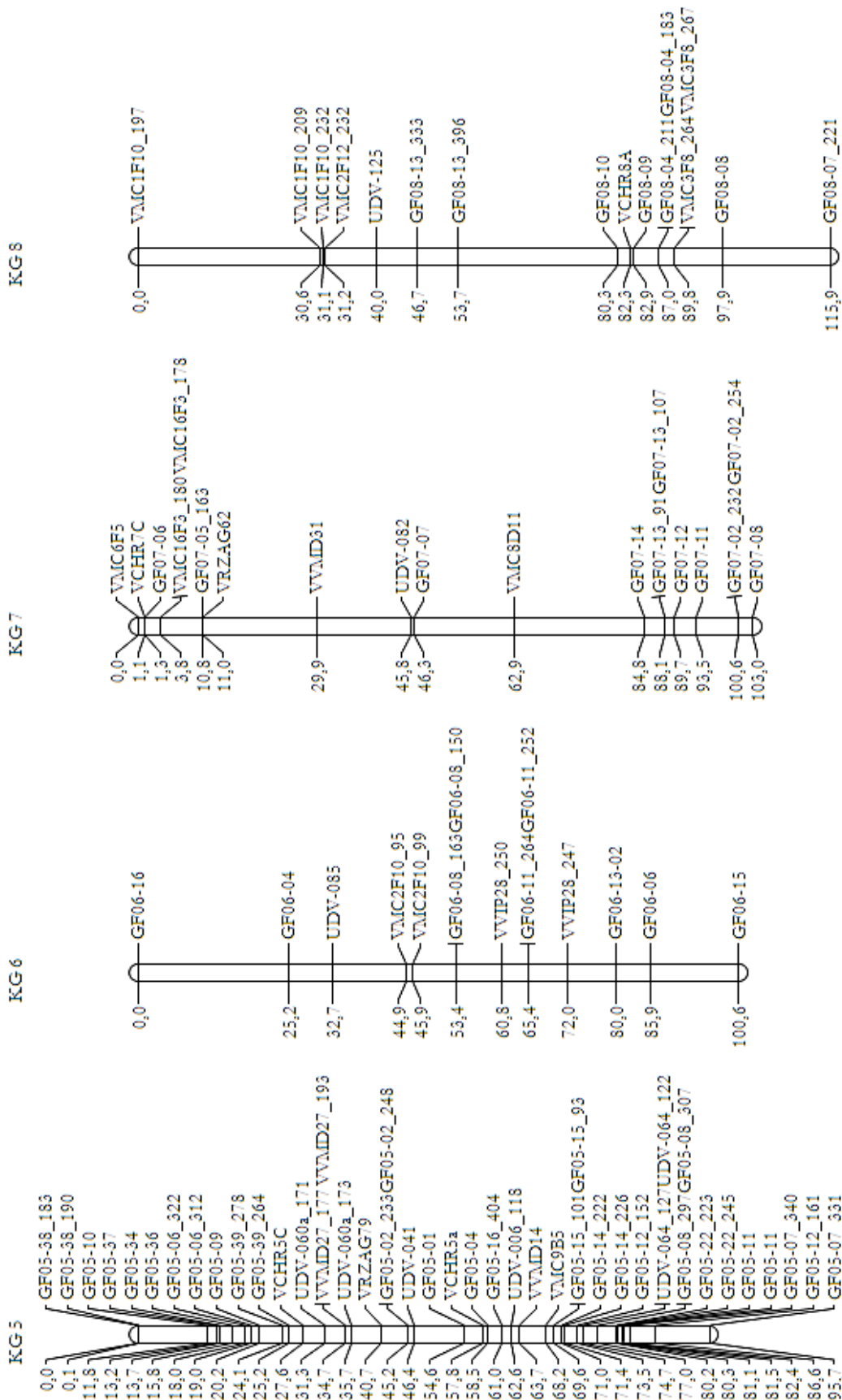


Abb. 41: Genetische Karte der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba': Kopplungsgruppe KG 5 bis 8. Markerabstand in Centimorgan. Erstellt durch Dr. Martina Bonow-Rex.

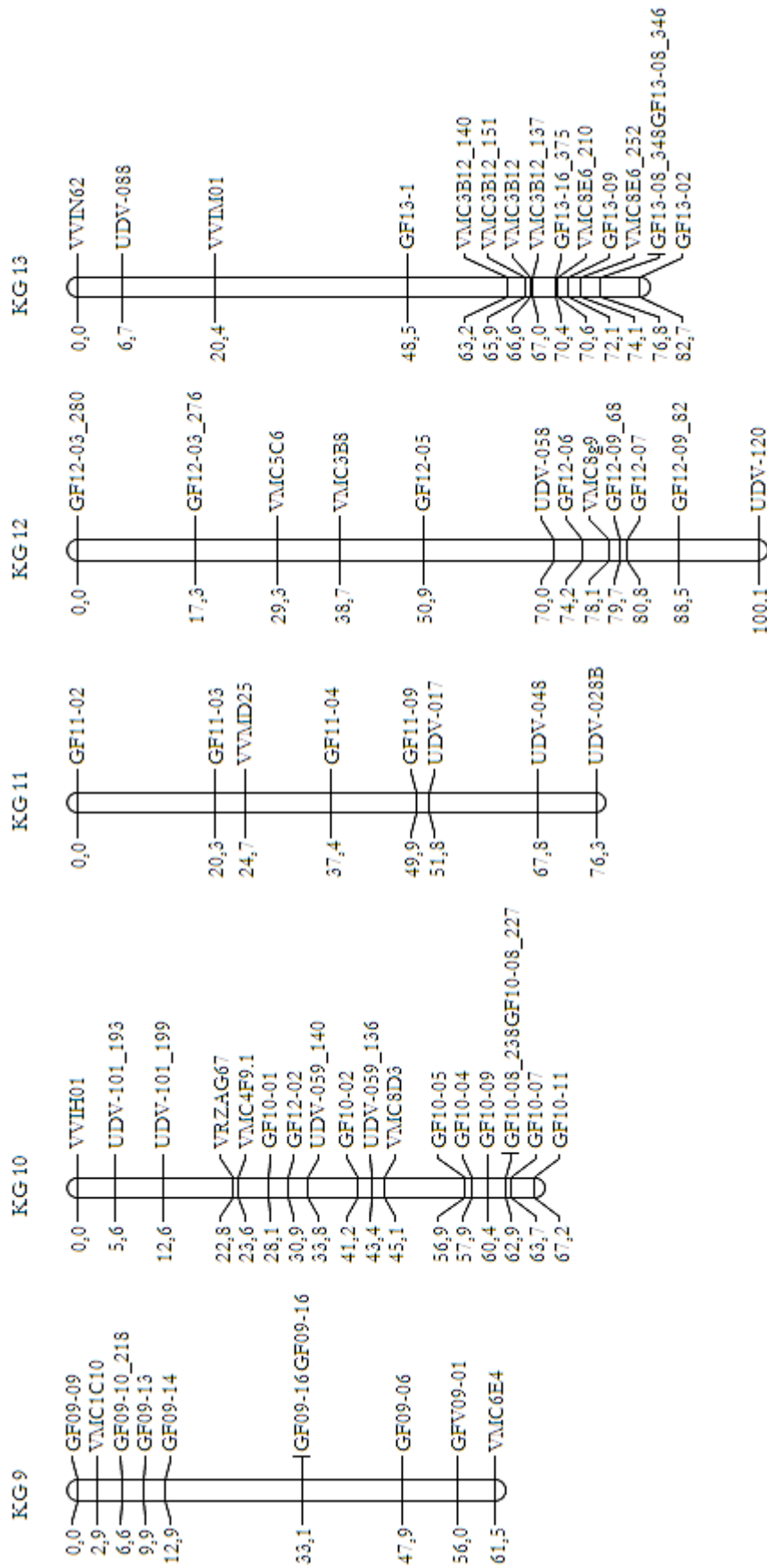


Abb. 42: Genetische Karte der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba': Kopplungsgruppe KG 9 bis 13. Markerabstand in Centimorgan. Erstellt durch Dr. Martina Bonow-Rex.

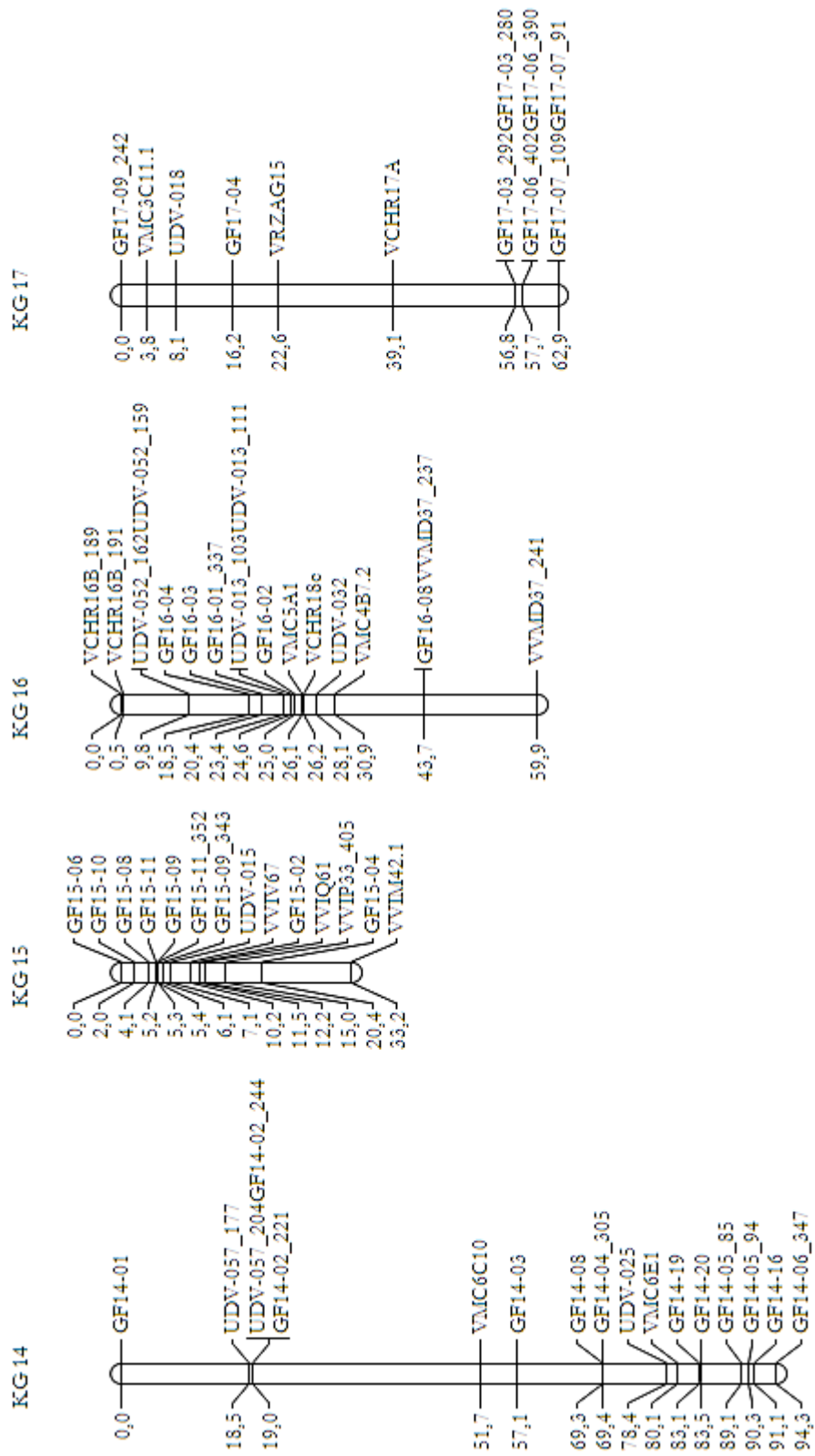


Abb. 43: Genetische Karte der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba': Kopplungsgruppe KG 14 bis 19. Markerabstand in Centimorgan. Erstellt durch Dr. Martina Bonow-Rex.

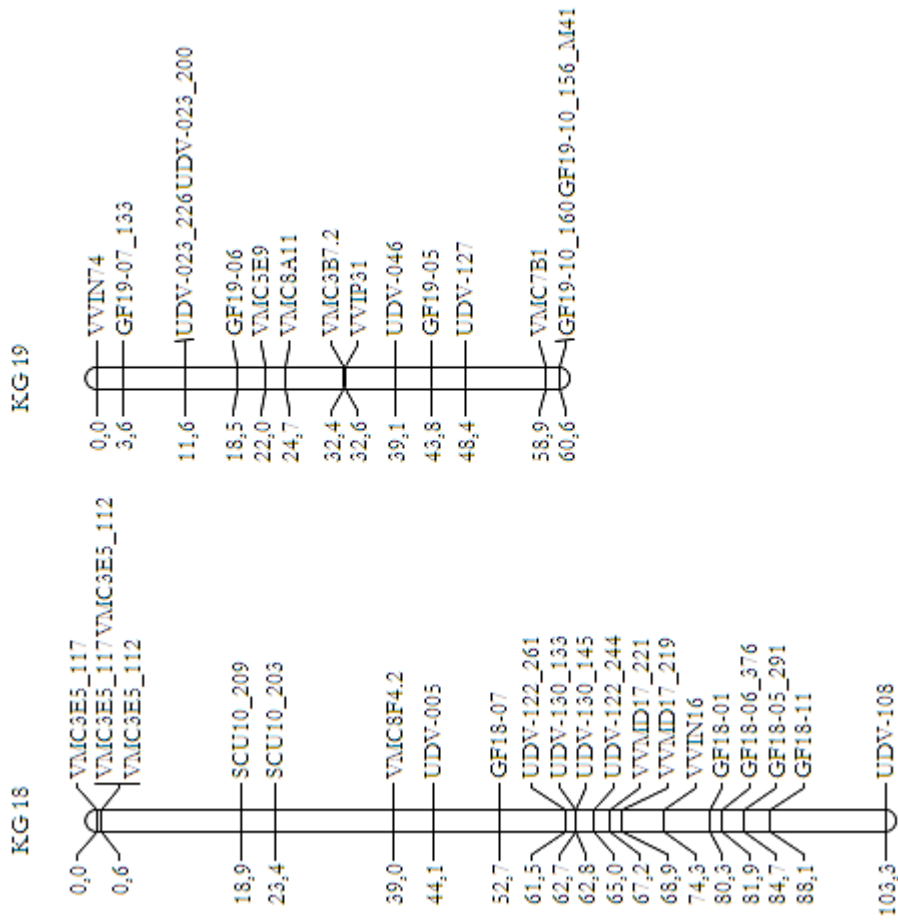


Abb. 44: Genetische Karte der Population 'Blaufränkisch' x 'Catawba': Kopplungsgruppe KG 14 bis 19. Markerabstand in Centimorgan. Erstellt durch Dr. Martina Bonow-Rex.

Tab. 22: Furaneoderivate, die als interner Standard (IS) für die HPLC-MS-Analyse getestet wurden. Die gemessenen Retentionszeiten und die Problematiken als IS sind in den rechten Spalten aufgeführt.

Name	Summenformel	Molare Masse [g/Mol]	Retentionszeit [min]	Problematik
2-Ethylfuran	C ₆ H ₈ O	96,12	21,93	3 Peaks im DAD
Furan-2-carbonsäure	C ₅ H ₄ O ₃	112,08	21,93	Retentionszeit
2-Acetylfuran = 2-Furylmethylketon	C ₆ H ₆ O ₂	110,11	37,80	giftig
4-Hydroxy-5-methyl-3-furanon	C ₅ H ₆ O ₃	114,10	22,08	Retentionszeit
Furfural	C ₅ H ₄ O ₂	96,08	36,62	giftig, starker Maggeruch, Retentionszeit
Ethylmaltol	C ₇ H ₈ O ₃	140,14	35,88	Verschleppung
Ascorbinsäure	C ₆ H ₈ O ₆	176,13	15,00	Retentionszeit zu früh (Überlagerung durch Zucker)
Maltol	C ₆ H ₆ O ₃	126,11	13 und 44	Verschleppung
3-Acethyl-2,5-dimethylfuran	C ₈ H ₁₀ O ₂	138,16	60,40	Retentionszeit zu spät
2-Hydroxy-3,5-dimethylcyclopent-2-enon	C ₇ H ₁₀ O ₂	126,16	25,60	Retentionszeit ähnlich wie die von Mesifuran
5-Ethyl-3-hydroxy-4-methyl-2(5H)-furanon	C ₇ H ₁₀ O ₃	142,15	23,19	Retentionszeit ähnlich wie die von Mesifuran
5-Ethyl-4-hydroxy-2-methyl-3(2H)-furanon	C ₇ H ₁₀ O ₃	142,15	23,41	Retentionszeit ähnlich wie die von Mesifuran
4-Methoxy-2,5-dimethylfuran-3-on = Mesifuran	C ₇ H ₁₀ O ₃	142,15	25,50	Vorkommen in manchen Wildarten

Tab. 23: Weitere getestete Marker zur Eingrenzung des Methylanthranilat-QTLs auf KG 4 (3.6.2).

Marker-name	Phys. Position [bp]	Forward Primer	Reverse Primer	Entwickler / Referenz	Größe [bp]	Quelle	Wiederholungs-motive
VVMD32	18035578	TATGATTTTTTAGGGGGGTGAGG	GGAAAGATGGGATGACTCGC	Bowers <i>et al</i> (1999)	-	Pinot noir	CT
GF04-72	18650267	TCCAGTCTTCTCCTTGACTTCTCT	TTTTCTCCCTCTTTTTCGTGCTC	F. Huber (2014)	342	PN40024 (12x)	(GA)10
VVIT30	18650354	AAACCCTTTTTGTGCGATTGTG	ATCCTCTAGACATTCATGACTC	Merdinoglu <i>et al.</i> (2005)	112	Cabernet Sauvignon	GA
GF04-73	18652251	ATCGAGGATGAAAACTTGAGGA	G'TGCCCCACTACAAAAGAAAGTC	F. Huber (2014)	382	PN40024 (12x)	(AG)6
GF04-74	18657734	CCATAAGATCGCAAATCAAAGG	GTTAGCCCTGAAAATTAACCGAC	F. Huber (2014)	368	PN40024 (12x)	(AT)7
GF04-75	18673523	TCATTTCCACTTCCCTATTCCCA	CGATCCTATCCATATCCTTTGAAC	F. Huber (2014)	422	PN40024 (12x)	(ATA)9
GF04-68	18675456	AGCGATTTCAGGATAAAGATTCC	CTGTCCAAAAAGAGAGCAGACAA	Schwander (2013)	419	PN40024 (12x)	(AG)6
GF04-69	18680107	GAGCAACCCAAAGTCTGTAGTT	AGGTCTCCCTCTCACATAT'TGC	Schwander (2013)	198	PN40024 (12x)	(A)10
GF04-70	18682071	GAACAGCAAAGGGAAAGTAATGG	TCCGCATGAGAAAATGAGTAGTG	Schwander (2013)	489	PN40024 (12x)	(A)14(TC)7
GF04-76	18693321	CCCAAAATATCACCTAACCGAA	CTGGCTAGAGTCCACATCACCT	F. Huber (2014)	393	PN40024 (12x)	(AT)7
GF04-77	18710026	TGAACTACAAACCCAAAGGGAAA	ATGTGCGCCAAAGGCAGATTATT	F. Huber (2014)	388	PN40024 (12x)	(TA)6
GF04-78	18740283	GAGGCTTACACGCACGTTCT	AAGACCTGGCACACCAATTACTC	F. Huber (2014)	131	PN40024 (12x)	(TA)7
GF04-79	18740372	TAATAATGGGCGTTGGCTTG	GCTGAACGAATTTACTCATCACC	F. Huber (2014)	418	PN40024 (12x)	(TA)6 (AA)8
GF04-80	18780384	TGTTTGTGGAGGGCTTTAGATCG	TGTCACTCAATAATCCGGCTCGT	F. Huber (2014)	191	PN40024 (12x)	(ATA)16

Tab. 24: Bewertungen von „slip skin“ im Sortiment 2015 durch bis zu sieben Tester. Leere Felder = keine weiteren Daten vorhanden.

Sortenname	Bewertungen von „slip skin“: 0 = nicht vorhanden; 1 = vorhanden							Median
`Agawam´	0	1	1	1	1	1		1,0
`Alden´	0	1	1	1	1			1,0
`Allen's Hybrid´	0	1	1	1	1	1		1,0
`Aminia´	1	1	1	1	1			1,0
`Azita´	1	1	0	1	0			1,0
`Bacchus Black´	0	1	1	0	1	0		0,5
`Baco Blanc´	1	1	1	1				1,0
`Bailey´	1	1	1	1				1,0
`Bailey Alicante A´	0	1	1	1	1	1		1,0
`Batard de Sauternes´	1	1	1					1,0
`Bath´ reifebeschleunigt	1	0	1	1	1	1		1,0
`Bath´	1	1	1	1	1	1		1,0
`Bertille Seyve 450´	0	0	1	0	0	1		0,0
`Beta´ reifebeschleunigt	0	0	1	1	0	0	1	0,0
`Beta´	0	0	0	1	0	1		0,0
`Black Eagle´	0	1	1	1	1	1		1,0
`Black Queen´	1	0	0	0				0,0
`Blue Eye´	1	1	1					1,0
`Bluestar´	1	1	1	1	1			1,0
`Brant´	1	1	1	0	1			1,0
`Brighton´	1	1	1	1	1	1		1,0
`Brilliant´ reifebeschleunigt	1	1	1	1	1			1,0
`Brilliant´	1	1	1	1	1			1,0
`Buffalo´	1	1	1	1	0			1,0
`Campbell Early´	1	1	1	1	1	1		1,0
`Canada´	1	1	0	1	1			1,0
`Canandaigua´	1	1	1	1	1			1,0
`Captain´	1	1	1	1	1	1		1,0
`Captivator´	1	1	1	1	1			1,0
`Carman´	1	1	0	1				1,0
`Catawba´	1	1	1					1,0
`Catawba (4n)´	1	0	1	1	0			1,0
`Catawba Early´	1	1	1					1,0
`Cazalet´	1	1	0	1				1,0
`Centennial´	0	0	0	0	0	0		0,0
`Century 1´	0	0	0	0	0			0,0
`Chontay´	1	1	1	1	1			1,0
`Christmas (4n)´	1	1	1	1				1,0
`Ciotat Rose´	1	1	1	1	1			1,0

`Cloeta´	1	0	0	1	1					1,0
`Concord´ reifebeschleunigt	1	1	1							1,0
`Concord´	1	1	1							1,0
`Cook´	1	1	1	1	1					1,0
`Couderc 1613´	0	0	0	0	0	0				0,0
`Delaware´	1	1	1	1	1					1,0
`Delicious´	1	1	1							1,0
`Diana´	1	1	1	1						1,0
`Dix´	1	1	1	1	1	1				1,0
`Dunkirk´	1	1	0	1						1,0
`Dutchess´	1	0	1	1	1	1				1,0
`Eaton (4n)´ reifebeschleunigt	1	0	1	1	1	1	1			1,0
`Eaton (4n)´	1	1	1	1	1	1				1,0
`Echionie de Vivie´	1	1	1							1,0
`Edelweiss´ reifebeschleunigt	1	0	1	1	1	1				1,0
`Edelweiss´	1	1	1	1	1	0	1			1,0
`Einset Seedless´	0	0	1	1						0,5
`Elvicand´	1	1	1							1,0
`Elvira´	1	1	1							1,0
`Emerald´	1	1	1	1	1					1,0
`Empire State´ reifebeschleunigt	1	1	1							1,0
`Empire State´	1	1	1	1	1					1,0
`Eona´	0	0	1	0	0	0				0,0
`Erie´	1	1	1	1	0					1,0
`Espirit´	0	0	0	0	1					0,0
`Essex´ reifebeschleunigt	1	0	1	1	1					1,0
`Essex´	1	1	1	1	1	1				1,0
`Etta´	1	1	1	1						1,0
`Extra´	1	1	1	1						1,0
`Festivee´	0	0	0	0	0					0,0
`Fredonia´ reifebeschleunigt	1	0	1	1	1	1				1,0
`Freiburg 423- 51´	0	0	0	0	0					0,0
`Frontenac´	0	1	0	1						0,5
`Gaertner´	1	1	1	1	1					1,0
`Geneva´	1	1	1	1						1,0
`Goethe´	1	1	1	1						1,0
`Gold Coin´	1	1	1							1,0
`Golden Muscat´	1	1	1	1						1,0
`Gong Rong´	0	0	0	0	0	0				0,0
`Green Mountain´	1	1	0	1	1					1,0
`Harmony´	0	0	0	1	0					0,0
`Hartford´	1	1	1	1	1					1,0
`Headlight´	1	1	0	1	1					1,0
`Helen Keller´	1	1	1	1	1					1,0
`Herbert´	1	1	1	1	1	1				1,0

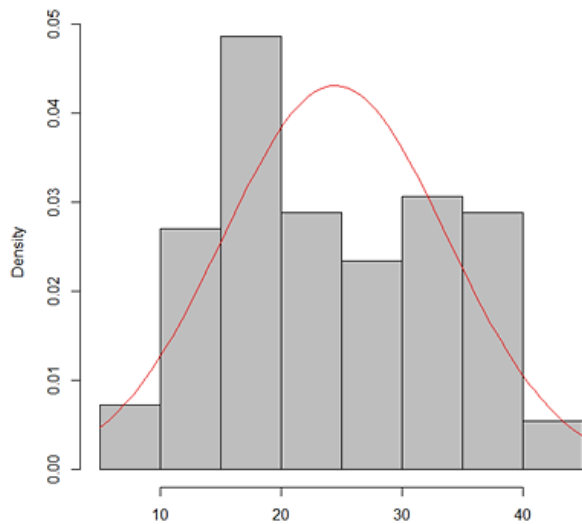
`Hercules´	1	1	1	1						1,0
`Hidalgo´	1	1	1	1	1	1				1,0
`Himrod´	1	0	1	1						1,0
`Hopkins´ reifebeschleunigt	1	1	1	1	1	1				1,0
`Hopkins´	0	1	1	1	1					1,0
`Horizon´	0	1	0	1	0					0,0
`Husmann´	0	0	0							0,0
`Hyuga (4n)´	1	1	1	1	0					1,0
`Illinois 172- 1´	0	0	0	0	0	0				0,0
`Illinois 244- 1´	1	1	1	1	0					1,0
`Interlaken Seedless´	0	0	0	0						0,0
`Iona´	1	1	1	1						1,0
`Ironclad´	0	0	1	1	0	1				0,5
`Isabella´ reifebeschleunigt	1	1	1							1,0
`Isabella´	1	1	1	1	1	1				1,0
`Island Belle´ reifebeschleunigt	1	1	1	1	1	1	1			1,0
`Island Belle´	0	0	1	1	1	1				1,0
`Janesville´	1	1	1							1,0
`Jasmine (4n)´	1	1	1	1	0					1,0
`Jefferson´	1	1	1	1						1,0
`Kay Gray´	0	1	1	1	0					1,0
`Kensington´	1	1	1	1	0					1,0
`King Philip´	0	1	1	1	1	0				1,0
`Kokuho (4n)´	0	1	1	0	1					1,0
`Kyoho (4n)´	0	0	1	1	1	0				0,5
`Lady Patricia´	0	1	1	1	1	1				1,0
`Lady Washington´	1	1	1	0						1,0
`Lake Emerald´	1	1	1							1,0
`Lakemont Seedless´	0	0	0	1	0					0,0
`Liberty´	1	0	0	1	1					1,0
`Lomanto´	0	1	1	1	1	1				1,0
`Long John´	1	1	1	1	0	1				1,0
`Lukfata´	1	1	1	1						1,0
`Lyubitelskii´	1	1	1	1						1,0
`Mandan´	0	0	1	0						0,0
`Manito´	1	1	0	1	1					1,0
`Marechal Foch´	1	0	1	1						1,0
`Margarita´	1	1	1	1	1					1,0
`Marion´	1	1	0	1	1					1,0
`Massasoit´	1	1	1	1	1					1,0
`McDonald Blue´	1	1	1	1						1,0
`Megumi´	0	0								0,0
`Merrimac´	1	1	1	1	1	1				1,0
`Meynieu 6´	1	1	1	1	1					1,0
`Millardet et Grasset 101- 14´	0	0	0	0	0					0,0

`Mills´	1	1	1	1						1,0
`Minnesota 1006´	0	1	0	1	0					0,0
`Mrs. Munson´	0	1	1	1						1,0
`Muscat Bailey A´	1	1	1							1,0
`Nagrada´	0	1	1	0	0					0,0
`New York 47616´	1	1	1	0						1,0
`New York Muscat´ reifebeschleunigt	0	0	1	1	1	1				1,0
`New York Muscat´	1	0	1	1	1	0	1			1,0
`Niabell (4n)´	1	1	1	1	1	1				1,0
`Niagara Red´	0	1	1	1	1	1				1,0
`Noah´	1	1	1							1,0
`North Fork´	1	1	1	1	0					1,0
`Norwood´	0	1	1	1	1	1				1,0
`Olita´	1	1	0	1	1					1,0
`Olympia (4n)´	0	1	0	1	1					1,0
`Oneida´	1	1	1	1	1					1,0
`Ontario´	1	1	1	0						1,0
`Ontario 1616´	0	0	0	0						0,0
`Orlando Seedless´	0	1	1	0	1					1,0
`Othello´	1	1	1	1	1	1				1,0
`Ozark prize´	1	1	1							1,0
`Paulistinha´	0	0	0	1						0,0
`Pearl´ reifebeschleunigt	0	1	1	1	1	1	1			1,0
`Pearl´	0	0	1	1	1	1				1,0
`Perkins´	0	1	1	1	1					1,0
`Perle Noire´	0	0	0	1	0	0				0,0
`Pione (4n)´	0	0	1	0						0,0
`Plamennyi´	1	0	0	0	0	0				0,0
`Portland´	1	1	1	1						1,0
`Price´	1	1	1	1						1,0
`Primus´	0	0	0	0	0					0,0
`Prinzipal´	1	1	1	1	1					1,0
`R.W. Munson´	1	1	1	1	1					1,0
`Regal´	0	1	1	1	1					1,0
`Reliance´	1	1	0	0						0,5
`Remaily 63-33A´	1	1	1	1	1	1				1,0
`Riparia RA-66-3´	0	0	0	0						0,0
`Ripley´	1	1	1	1						1,0
`Rochester´	1	1	1	1	1					1,0
`Romulus´	0	0	0	1	0					0,0
`Ronaldo´	1	1	0	1						1,0
`Rose Queen´	0	1	1							1,0
`Rou Ding Xiang´	1	1	1	1	1	1				1,0
`Russkii Konkord´ reifebeschleunigt	1	1	1	1	0	1				1,0
`Russkii Konkord´	1	1	1	1	1	1				1,0

`Ryuhō (4N)`	1	0	1	1	0	0				0,5
`Salem` reifebeschleunigt	0	1	1	1	1	1				1,0
`Salem`	1	1	1	1	1					1,0
`Seibel 848`	0	1	1							1,0
`Seibel 2660`	1	1	1							1,0
`Seibel 2666`	0	1	0	1						0,5
`Seibel 4132`	1	1	1	1						1,0
`Seibel 1011`	1	1	1							1,0
`Seibel 13669`	1	0	0	0	1	1				0,5
`Seibel 14404`	0	0	1	1	1	1				1,0
`Seneca`	0	0	0	0						0,0
`Shakoka` reifebeschleunigt	0	0	1	1	1	1				1,0
`Shakoka`	1	1	1	1	0	1				1,0
`Sheridan`	1	1	1	1						1,0
`Skookum Seedless`	1	0	0	1	1	1				1,0
`Sovereign Coronation`	1	1	1	1						1,0
`Sovereign Gold`	0	0	0	0						0,0
`Sovereign Opal`	1	1	0	1						1,0
`Sovereign Rose`	0	1	1	1	1	1				1,0
`Sovereign Tiara`	0	1	1	1	1	1				1,0
`Stark Star`	1	1								1,0
`Steuben`	0	1	1	1	1	1				1,0
`Stout Seedless`	1	0	1	0	0					0,0
`Suffolk Red`	0	1	1	0	0					0,0
`Super Hamburg`	1	1	0	1	0	0				0,5
`Takasago`	1	1	1	1	1					1,0
`Takasumi (4n)`	0	0	1	0	1	1				0,5
`Taylor`	1	1	1	1	0	1				1,0
`Uehara Violet`	0	0	1	0	0					0,0
`Ulster`	1	1	1	1	1					1,0
<i>Vitis riparia</i> GM183	1	0	0	0	0					0,0
`Ventura`	0	1	1	1						1,0
`Vergennes`	1	1	1	1	1	1				1,0
`Violla`	0	1	1	1	1	1				1,0
`Vineland 49404`	1	0	1	0	0					0,0
`Vineland 53035`	1	1	1	1	1	1				1,0
`Vineland 64023`	0	0	0	0	0					0,0
`Vineland 64032`	0	0	0	0	0					0,0
`Vineland 64035`	0	0	0	0	0					0,0
`Vinered`	1	1	1	1						1,0
`Wapanuka`	0	1	1	1	1	1				1,0
`Watkins`	1	1	1	1	0					1,0
`Westfield`	0	1	1	1	1					1,0
`Wetumka`	1	1	1							1,0
`Wilder`	1	1	1	1						1,0

`Winchell`	1	0	1	1	1					1,0
`Xenia`	1	1	1							1,0
`Xlnta`	0	1	0	1						0,5
`Yates`	0	1	1	1	1	1				1,0
`Zilga`	0	0	1	1						0,5

Histogramm Véraison 2012



Quantil-Quantil-Plot Véraison 2012

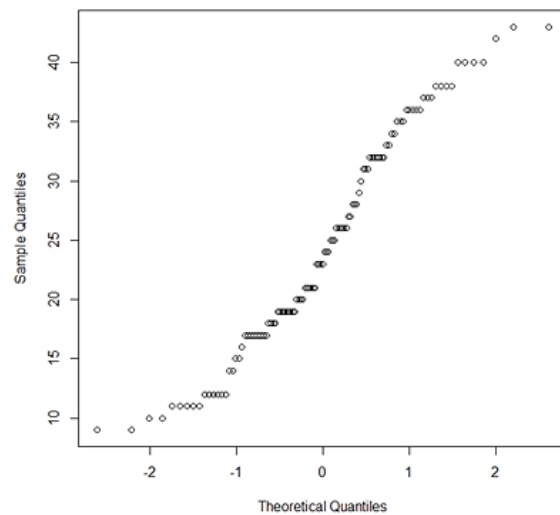
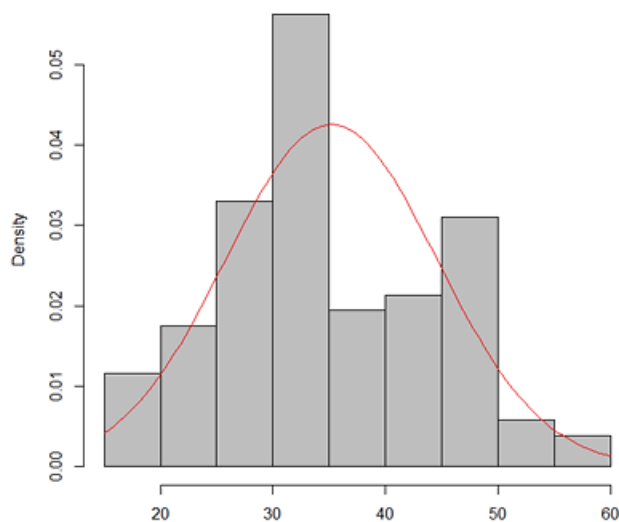


Abb. 45: Häufigkeitsverteilung der klassifizierten Daten zur Véraison (= Beginn der Beerenreife) in der Population `Blaufränkisch` x `Catawba` 2012 (Histogramm; rot = Gaußsche Verteilungskurve) und QQ-Plot der Véraisondaten 2012 zu ihrer Überprüfung auf Normalverteilung.

Histogramm Véraison 2013



Quantil-Quantil-Plot Véraison 2013

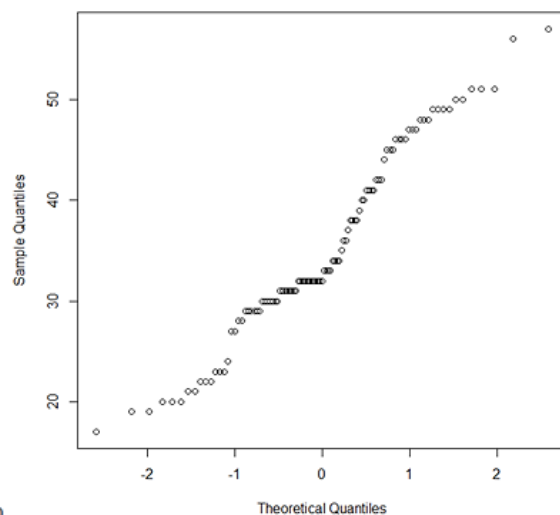
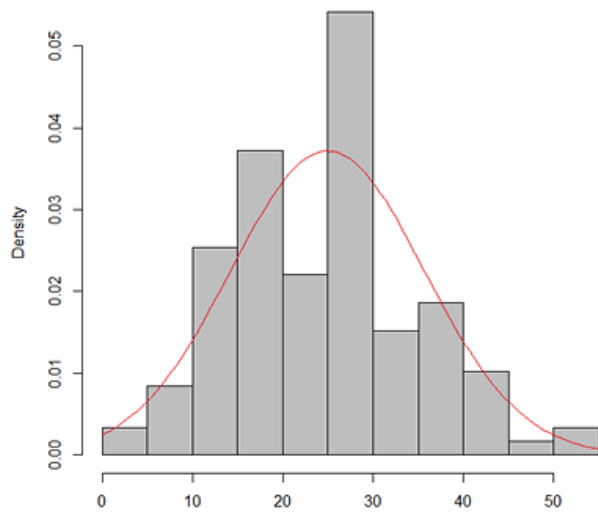


Abb. 46: Häufigkeitsverteilung der klassifizierten Daten zur Véraison (= Beginn der Beerenreife) in der Population `Blaufränkisch` x `Catawba` 2013 (Histogramm; rot = Gaußsche Verteilungskurve) und QQ-Plot der Véraisondaten 2013 zu ihrer Überprüfung auf Normalverteilung.

Histogramm Véraison 2014



Quantil-Quantil-Plot Véraison 2014

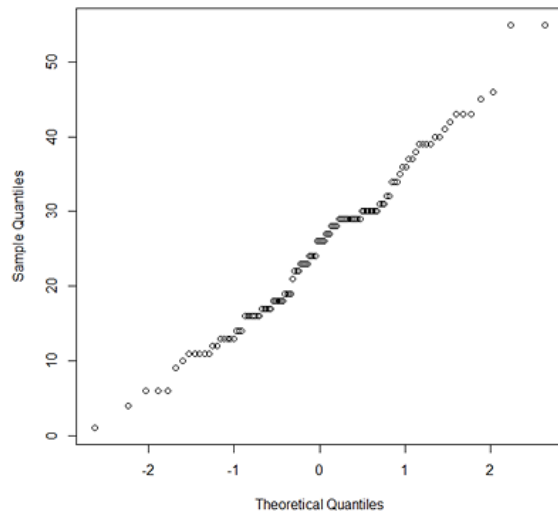
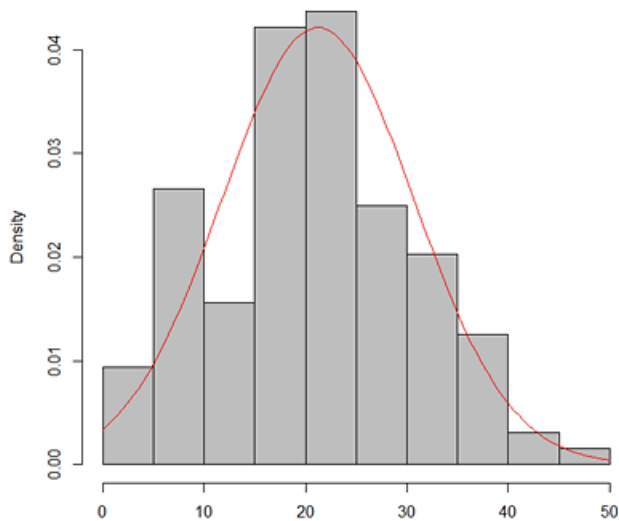


Abb. 47: Häufigkeitsverteilung der klassifizierten Daten zur Véraison (= Beginn der Beerenreife) in der Population `Blaifränkisch` x `Catawba` 2014 (Histogramm; rot = Gaußsche Verteilungskurve) und QQ-Plot der Véraisondaten 2014 zu ihrer Überprüfung auf Normalverteilung.

Histogramm Véraison 2015



Quantil-Quantil-Plot Véraison 2015

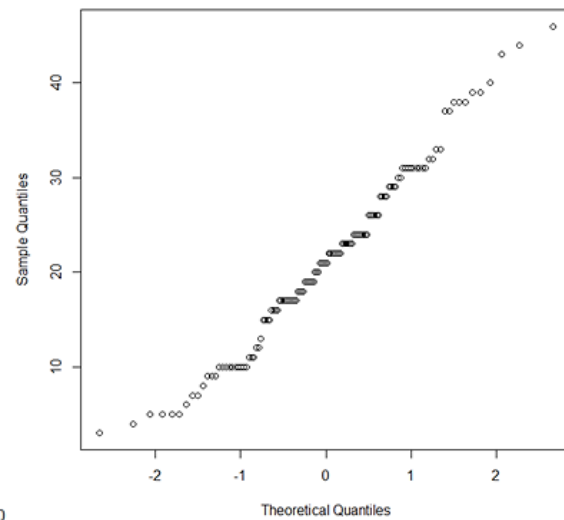
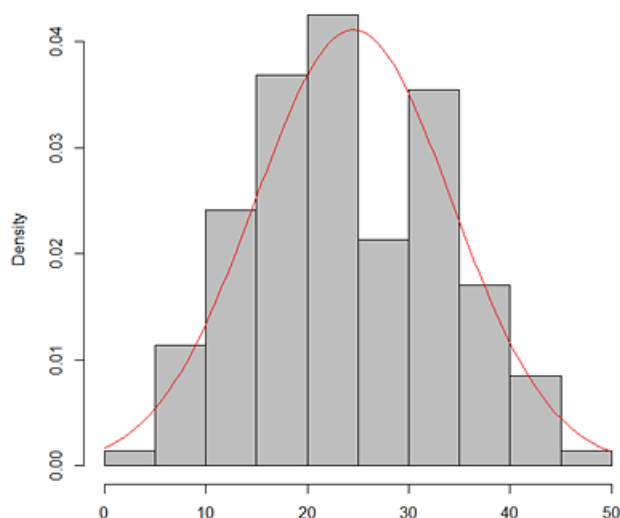


Abb. 48: Häufigkeitsverteilung der klassifizierten Daten zur Véraison (= Beginn der Beerenreife) in der Population `Blaifränkisch` x `Catawba` 2015 (Histogramm; rot = Gaußsche Verteilungskurve) und QQ-Plot der Véraisondaten 2015 zu ihrer Überprüfung auf Normalverteilung.

Histogramm Véraison Mittelwerte 2012 bis 2015



Quantil-Quantil-Plot Véraison Mittelwerte 2012 bis 2015

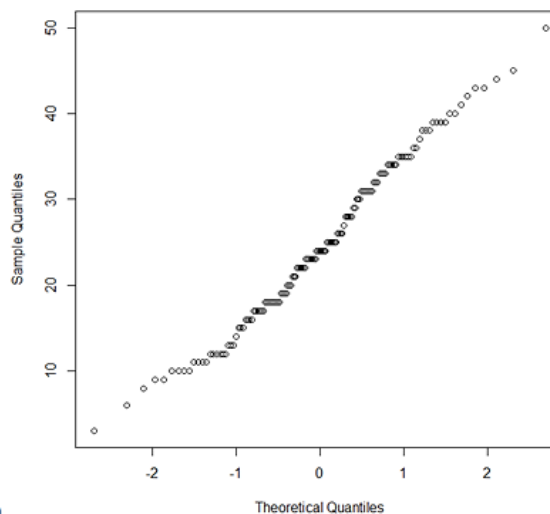


Abb. 49: Häufigkeitsverteilung der klassifizierten Daten zur Véraison (= Beginn der Beerenreife) in der Population `Blaufränkisch` x `Catawba` 2012 bis 2015 (Histogramm; rot = Gaußsche Verteilungskurve) und QQ-Plot der Véraisondaten 2012 bis 2015 zu ihrer Überprüfung auf Normalverteilung.

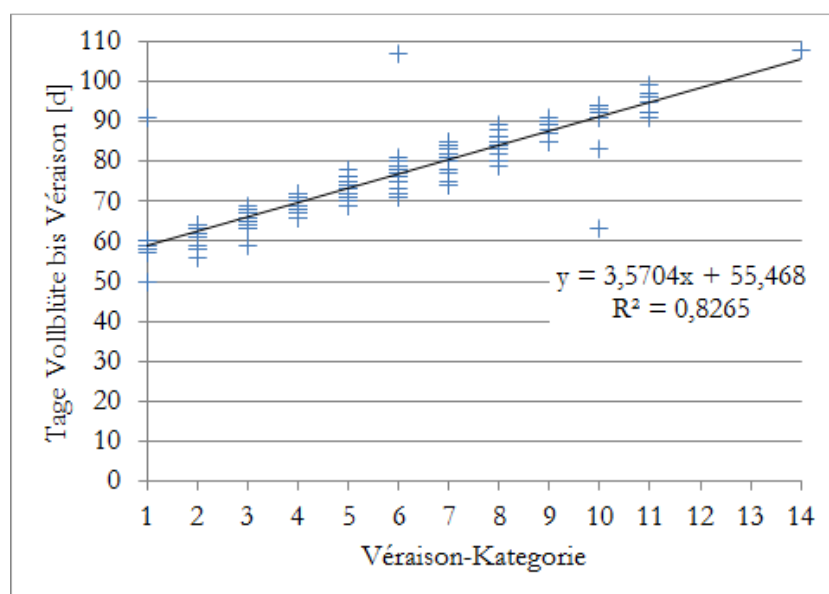


Abb. 50: Zeitraum zwischen Vollblüte und Véraison korreliert mit der Véraison (= Zeitpunkt des Reifebeginns) (Daten von 2014 und 2015).

Tab. 25: SSR-Daten von `Sémillon`, `Catawba` und `Concord`. Allelgrößen [bp]. Physikalische Position (phys. Pos.) entsprechend dem *Vitis vinifera* Referenzgenom von PN40024. Repeat = Zahl der Nukleotide in einer Wiederholungseinheit.

Phys. Pos.	Chr	Marker	`Sémillon`		`Catawba`		`Concord`		Repeat
492.168	1	GF01-07	119	121	115	119	117	119	2

632.258	1	VMC4F8	122		114	122	114		2
3.469.495	1	UDV-035	148	162	136	162	132	136	2
3.794.270	1	GF01-19	355		345		340	345	5
6.601.998	1	GF01-40	400	450	400	450	400	450	2
6.993.233	1	VMCNG2G7	139	150			139	160	2
6.993.244	1	GF01-03	140		140	150	140	154	2
7.253.589	1	GF01-22	129		127	129	127	129	2
8.803.413	1	VVIp60	318		318		318	322	2
15.447.838	1	GF01-06	330	338	330		330		2+4
22.060.368	1	GF01-10	248		236	248	236	248	3
22.202.198	1	GF01-14	268	273			268	270	2
22.844.000	1	VMC9D3	199	205	205	217	205	221	2
198.168	2	GF02-11	276		276	281	276	283	2+1
2.349.171	2	VVIb01	291	295	291	295	291	295	2
4.738.797	2	GF02-01	275	289	273	275	268	275	3
5.652.785	2	GF02-03	264	272	262	272	262+266	272	2
6.934.983	2	GF02-04	307	317	307		307	309	2
10.802.141	2	GF02-17	327		327	333	327	331	2
16.086.719	2	GF02-50	162		162		162		2
16.132.613	2	GF02-51	99		99		99		2
16.300.412	2	GF02-54	235	246	235	246	246	250	4
18.748.364	2	GF02-09	250		250	0	250	268	2
?	2	APT3 Indel	268	468	338	468	338	468	2
3.223.090	3	VMC2E7	156	160	154	160	154	160	2
3.324.131	3	VMC8F10	220	234	220	234	212	234	2
4.923.089	3	GF03-01	118	122	108	122	108	122	2
9.343.293	3	GF03-03	224	232	232		232		2
9.542.014	3	VCHR03A	201	210	174	210	210		3
18.024.519	3	GF03-05	257		257		257		3
?	3	VVMD28	235	245	231	245	231	245	2
3.535.780	4	UDV-034	178	180	178	202	200	202	2+5
5.232.859	4	VMCNG2E1	99	109	109	109	109	109	2
8.031.300	4	GF04-05	288	296	292	296	292		2
9.511.631	4	UDV-074	290	298	290	298	248	298	2
12.155.000	4	GF04-07	391	393	369	391	373	391	2
13.648.595	4	VRZAG21	200	206	202	206	204	206	2
18.035.578	4	VVMD32	244	276	274	276	274	276	2
18.680.107	4	GF04-69	199	200	199	200	199	200	1
20.775.000	4	GF04-16	316		286	316	280	316	3
532.700	5	GF05-36	89		89	103	89	103	2
4.472.022	5	VVMD27	173	183	183		183		2
5.692.460	5	VRZAG79	247	251	247	251	247	259	2
10.885.272	5	GF05-04	108		108	122	122		2
14.027.012	5	VCHR05A	241		241		241		5

19.752.558	5	VMC9B5	242	244	221	244	219	221	2
24.901.800	5	GF05-11	304		295	304	295		3
178.206	6	GF06-16	257	265	239	265	239	241	2+4
3.797.629	6	GF06-04	205	215	207	215	207		2
4.906.382	6	UDV-085	139	149	149		133	135	2
10.481.379	6	GF06-08	140	162	150	162	140	162	2
17.113.861	6	GF06-11	253	262	253	265	253	265	3
?	6	VVMD21	252		242	252	242	252	2
1.178.552	7	VVMD7	240	258	242	258	236	242	2
1.525.707	7	GF07-05	157		157	163	163		3
11.539.601	7	UDV-082	184		184		184		2
15.921.846	7	GF07-14	209	221	211	221	209	211	2
16.342.165	7	GF07-13	101	109	93	109	93		2
20.987.172	7	GF07-08	224	0	228	0	228		2
293.438	8	VMC2F12	194	0	232	0	217	0	2
3.407.324	8	UDV-125	128		106	128	106	128	2
7.184.551	8	VMCNG2H2.2	150	152	150	152	150	152	2
15.200.499	8	VCHR08A	200		200		163		3
15.266.201	8	VMCNG2E2	126	140	140	164	164	150	2
15.674.154	8	GF08-11	65		65		65		2
21.473.572	8	UDV-026	127	133	127	0	157	0	2
?	8	VMC1b11	174	190	174	178	178	182	2
32.080	9	GF09-09	191	195	191	0	0		2
2.454.185	9	GF09-14	356		356	370	370		2
5.920.527	9	GF09-16	236	238	236		234	236	2
15.422.912	9	GF09-04	161	162+163	160+161	162+163	160	161	3
16.888.013	9	GF09-12	287	0	309	0	309	0	2
17.092.355	9	GF09-05	240	250	250	252	250	252	2
18.562.110	9	GF09-74	0		326	0	326	0	2
18.619.553	9	GF09-76	350	354	354	356	356		2
21.558.043	9	VVIq52	78	82	76	78	76		2
22.675.209	9	VMC6E4	141		121	141	121		2
22.676.139	9	VMC2E11	107		107	0	109	0	2
1.181.256	10	VVIH01	244	250	240	244	240	250	2
3.737.672	10	GF10-02	314		314	326	310	326	2
11.032.334	10	VVIv37	172	170	172		148		2
15.217.548	10	GF10-09	298		284	298	284		2
17.620.456	10	GF10-11	314		314	333	314		2+4
2.322.062	11	GF11-03	122	132	122	130	122	130	2
2.971.693	11	VVMD25	242	250	242		242		2
3.909.894	11	VVS2	137		137		137		2
8.683.244	11	VMC6G1	178	193	178		178		2
10.165.576	11	GF11-09	311		311		311		2
13.865.941	11	GF11-07	0		109	0	109	0	3
17.080.165	11	VCHR11B	156	164	156		156		4

19.120.834	11	UDV-028	140	146	140	150	140	146	2
1.311.007	12	GF12-02	202	204	202	204	202	204	2
2.682.377	12	VMC5C6	76		76	86	86	96	2
7.753.236	12	GF12-05	167	171	163	171	163	169	2
13.067.657	12	VMC4f3	164	170	164	204	168	204	2
17.434.734	12	UDV-058	155	157	153	155	153	155	2
21.679.759	12	GF12-09	72	74	72		72	82	4
22.191.213	12	UDV-120	147	159	159	163	141	163	2
1.387.838	13	VVIN62	362		362		0		2
3.333.487	13	VVIh54	166		166		148		2
6.508.124	13	VVIM01	181		179	181	179		2
7.067.075	13	UDV-135	154		154		152	154	2
7.509.727	13	VCHR13A	139	149	139		134	139	5
11.302.223	13	GF13-13	220	228	200	220	198	204	2
16.054.739	13	sc47_6	241	243	243		243		2
18.130.735	13	sc47_20	206	208	206	214	204	214	?
21.681.340	13	GF13-08	348	358	348	350	350	358	2
262.144	14	GF14-01	210	216	208	210	208	216	2
1.426.811	14	GF14-55	312	327	312	327	312	317	5
4.814.528	14	GF14-02	221	227	221	245	221	245	2
8.169.874	14	GF14-23	396	0	400	0	400		2
10.110.182	14	sc36_7	191	196	191	196	191	196	2
22.124.303	14	VMC6C10	110	138	122	138	126	138	2
24.251.864	14	VVMD24	215	217	209	217	209	217	2
27.316.056	14	UDV-025	134	138	138	146	138	146	2
27.623.221	14	VMC6E1	139	151	131	139	131	139	2
29.666.483	14	GF14-16	381		369	381	369	381	4
30.236.861	14	GF14-05	91	101	86	101	86	101	3+2
36.728	15	GF15-06	166	178	170	178	170		2
2.219.982	15	GF15-10	206		206		0		2
2.951.468	15	GF15-08	279	285	285		0		3
7.087.718	15	UDV-015	180	0	172	0	162	172	2
11.567.001	15	GF15-02	132	140	140	144	142	144	2
15.943.274	15	VVIM42.2	75	82	82		82	84	3
121.531	16	GF16-08	342		342		342		2
2.413.589	16	UDV-013	66		66		66		2
5.645.505	16	GF16-03	198	204	204	216	204	220	2
7.955.163	16	GF16-31	226	230	220	230	228	230	2
11.017.599	16	GF16-66	278		278	282	278	282	2
16.736.835	16	GF16-19	307	310	307	310	307	310	3
17.706.645	16	GF16-45	333		333		333		2
18.695.719	16	GF16-28	416		410	416	416		3
19.104.060	16	GF16-25	320		315	320	312	320	1+3
19.246.788	16	GF16-24	186		186		186		3
20.442.394	16	VVMD5	236	238	232	236	236		2

1.490.563	17	GF17-09	242		242	244	242	244	4+2
2.928.786	17	UDV-018	130		128	130	128	130	2
5.504.409	17	VVIIn73	268		268		268		2
6.456.959	17	VRZAG15	164		164	182	164	182	2
9.183.716	17	VCHR17A	184		156	184	164	184	4
9.450.510	17	UDV-103	120	152	108	120	108	152	2
17.019.017	17	GF17-07	109		90	109	90	109	2
321.045	18	VMC3E5	114	118	114	118	114	118	2
4.520.661	18	SCU10	205	211	205	211	205	214	3
10.120.948	18	VMC8F4.2	94	108	94	106	94	102	2
14.028.762	18	VCHR18B	145		145		145		4
19.902.915	18	VMCNG2F12	139		139		139		2
23.389.846	18	VVIIn16	149		149	155	147	149	2
24.891.420	18	UDV-730	195		195	211	195		?
25.199.000	18	GF18-01	275		275	281	275	279	2
25.199.578	18	UDV-734	230	244	230		230	232	2
25.965.497	18	GF18-17	101	105	93	105	93	105	2
26.463.315	18	GF18-09	271	274	271	274	271	274	3
28.763.006	18	VCHR18C	128	132	128		128		4
29.123.353	18	UDV-108	240	242	240	256	235	240	2
16.918	19	GF19-07	131		131	141	141		2
2.346.295	19	UDV-023	179	201	201	227	223	227	2
4.703.700	19	VMC8A11	86		86		86		2
6.697.524	19	VVIp31	192	194	184	192	184		2
7.755.799	19	UDV-046	245		245	259	259	261	2
8.269.748	19	VMC6C7	159		159	167	167		2
9.458.735	19	GF19-05	322		310	322	310		2+4
17.771.162	19	UDV-127	170	174	164	170	164		2
23.306.076	19	GF19-10	153	155	155	159	159		2

CLUSTAL O(1.2.2) multiple sequence alignment

```

Zea      -----ATGCCGATGAGAATCGAG
Vitis    attaaacaaagtgcaactcccattaccaattatttctttgtcagggaaatgaccatgaaa
                * *   ****  * *

Zea      CGTGATCTCCACATGGCCATAGGGAACGGAGAAAC-----TAGCTACACAAA
Vitis    aagtattttcccttctccatcaaaagatgcttggccagatgatccgcataccttccaaat
                ** * * * *   ****   * *   *   *   *   *   *   *   *   ****

Zea      AATTCTAGGATTCAAGAGAAAGCTATGTTTCAGATGAAGTCGGTCTTGAGGAGGCCACT
Vitis    aaatttccaattacagcgcctccaaaatg-----actcttcaaggtgggctct
                ** * *   ***  ** *   * *   *   *   *   *   *   *   *   *

Zea      AGAGCAGTATGCACAACCTCTCTCCACAAAACCATGGTTGTGGCCGACTTAGGCTGCTCA
Vitis    gtaatactccttaca--taatttggccagttttgtgcttctctatacttgtcgt-gtca
                * * *   ***  *   *   ****   ** * *   *   *   *   *   *

Zea      TCAGGGCCTAACACACTGCGCTTCGTCACTGAGGTGACTAGAATCATAGCTCACCATTGC
Vitis    tcaaaggggt-cccaattggcttcaaaaactttcaatcttatcaagattgaaggacccttc
                ***  *   * * *   *****   ***   ** * * * *   * * *

Zea      AAGCTGGAGCACAACCGACGACATGACCACCTGCCG-----CA
Vitis    ttcttgaaccacagc-cctgacttcaccctcagagggataatatataggaatattgaagc
                ** * **** *   *** * ***  * *   *

Zea      GCTTCAGTTCTTTCT---GAATGACCTGCCTGGTAACGACTTCAACAATCTCTTCCAGCT
Vitis    aattcaaatacagcctcttcaatcagcccctacataaaaaattaaaaaggccatcaaacct
                ****  **  **   *** * * *   *** * * * *   *   *   *

Zea      CATCGAGCAGTTCAATAAGTCATCGACGACACACAAGGGAGATGCAGCAACTGAGGCCT
Vitis    ctgaaacaataacaataaatttttagtatacttagcaga--agagagtaagctaacctccg
                *   * * * * ***** * * *   ** * * *   *   * * * *   *

Zea      ACAGCCTCCTTGCTATATCTCCGGATTGCCGGGCTCTACTACACTAGGATCTTCCCTAG
Vitis    ccaacatgctcgggtgagagattcggctagcagctcccaaaggtcacaacattctccgccag
                ** * *   * * *   * **** * * *   * * *   *** *   *** * * **

Zea      CGAAAGCGTTTCATCTTTTCCACTCTCTGTTCTGCCTTCAGTG--GCGCTC-TCAGGCACC
Vitis    agg---gatcttccatactcctgcctattatcgtaataaccatacgccttgcaggtttt
                *   * * * * * *   ** * * * *   *   *   *   *   *

Zea      AGAGCAACTGAAGGGCACCC-AAAAATCATGCCTAGATATCTACATCAC-AAAGACTATG
Vitis    atttctcggagcgcgaagcctaaaaataatg---agaaatccctctgaaattggtttgtg
                *   * * * * * * * * ***** ***   *** * *   * * *

Zea      TCACCATCGAT----GGTGAAGTTGTTTCAACAGCAGTTTCAGAAGGACTTCTCCCTCTT
Vitis    tatgcttggatgacgggtgggaggcttccattggcaatgtatatatgtcccttgttcttt
                *   * * * *   * * * *   ** **   *** * *   * * *   *   **

```

Abb. 51: Erster Teil des ClustalO Alignments der *aamt1*-mRNA aus Mais (ENA|HM242244|HM242244.1 *Zea mays* clone aamt1-Del1 anthranilic acid methyltransferase 1 mRNA, complete cds) und des positionellen Kandidatengens GSVIVT01018916001 aus *Vitis vinifera* PN40024 (chr4:18678517,18680377).

```

Zea      CCTCAGGCTACGCTATG-AGGAACTCGTGTCTGGTGGCCAAATGGTTCTAACATTTATTG
Vitis    tctagcccagctggagcctgacatttattgaaattggctagacaattcatacattcatga
      ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Zea      GAAGGAAGCATGAGGATGTGTTCACTGGAGAGTCCAACCATCTTTACGGA-TTGCTTGCG
Vitis    cataa-aaaa---agtgtttttgaaatgctgaaggggaataagcttaagaaaaaggcttg
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Zea      CA-----GTCACT-----GAAATCC
Vitis    tagctcctttcaagttaaaaaattctgagtaatttattttataaaaaattttgtgtactac
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Zea      CT-AGTTGATGAGGGTCTTGTGGAGAAAGAAAACTTGAGTCATTCTATCTTCCGATCTA
Vitis    tttattttattgaaattgttttcaaaaagcttttataatttgtaatttggacttaatctttt
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Zea      CTCACCGTCGGTTGGTGAAGTGGAGGCGATAGTGAAGCA-----ACTTGGGTTGT
Vitis    ggcaatattgctcctttcaagggatgtgattcataaatagcatgaatcatgatggactga
      ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Zea      TCAACATGAATCATGTTAAAGTATTTGAGATAAATTGGGATCCCTACGATGAC-TCAGAA
Vitis    ctaatcatgctcctttgacttgattg----aaaataaggatcttcatgagtagtacagag
      ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Zea      GGTGATGATGTGCATAACAGTATTGA-----GAGTGG-----TGAAAATGTTG
Vitis    ggaaatggactgtggaattaatttgaagtgcataagcttaataactcaagtggttggattc
      ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Zea      CTAAGTGCCTACGCGCAGTTATGGAGCCGCTGGTTCGCAAGCCAATTTGGAGAACGCATAC
Vitis    ctctttcaactggccccttgagaatatatggacgcaaataaatctaaacaagcaattg
      ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Zea      TCGACGAGTTATTCA-----AAGAGTACGCTCGCCGTGTTGC
Vitis    tacctgagacagccagtgaacgctacaagaagagtgaacaaaatctaggctcctgctcgg
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Zea      CAAACACCTTGAG-----
Vitis    aaaaatcctgctgtagaaagaacctggtactcccgttatgaacaatgcccagtggtgc
      *** * * * *
Zea      -----AATGAG-----AAAACCAAGCATGCTGTTCTT
Vitis    gtcctcctcctttgtcagcttctcattgaaatccggcagcaaactgaaaatggtgttgaa
      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
Zea      GTCCTATCCATCGAGAAAGCAATAATTCATGTGTGA-----
Vitis    gtcatttcccgggaagatcattcagaaacacttggaaactcggggcgacttgcaattcattct
      *** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```

Abb. 52: Zweiter Teil des ClustalO Alignments der *aamt1*-mRNA aus Mais (ENA|HM242244|HM242244.1 *Zea mays* clone aamt1-Del1 anthranilic acid methyltransferase 1 mRNA, complete cds) und des positionellen Kandidatengens GSVIVT01018916001 aus *Vitis vinifera* PN40024 (chr4:18678517,18680377).

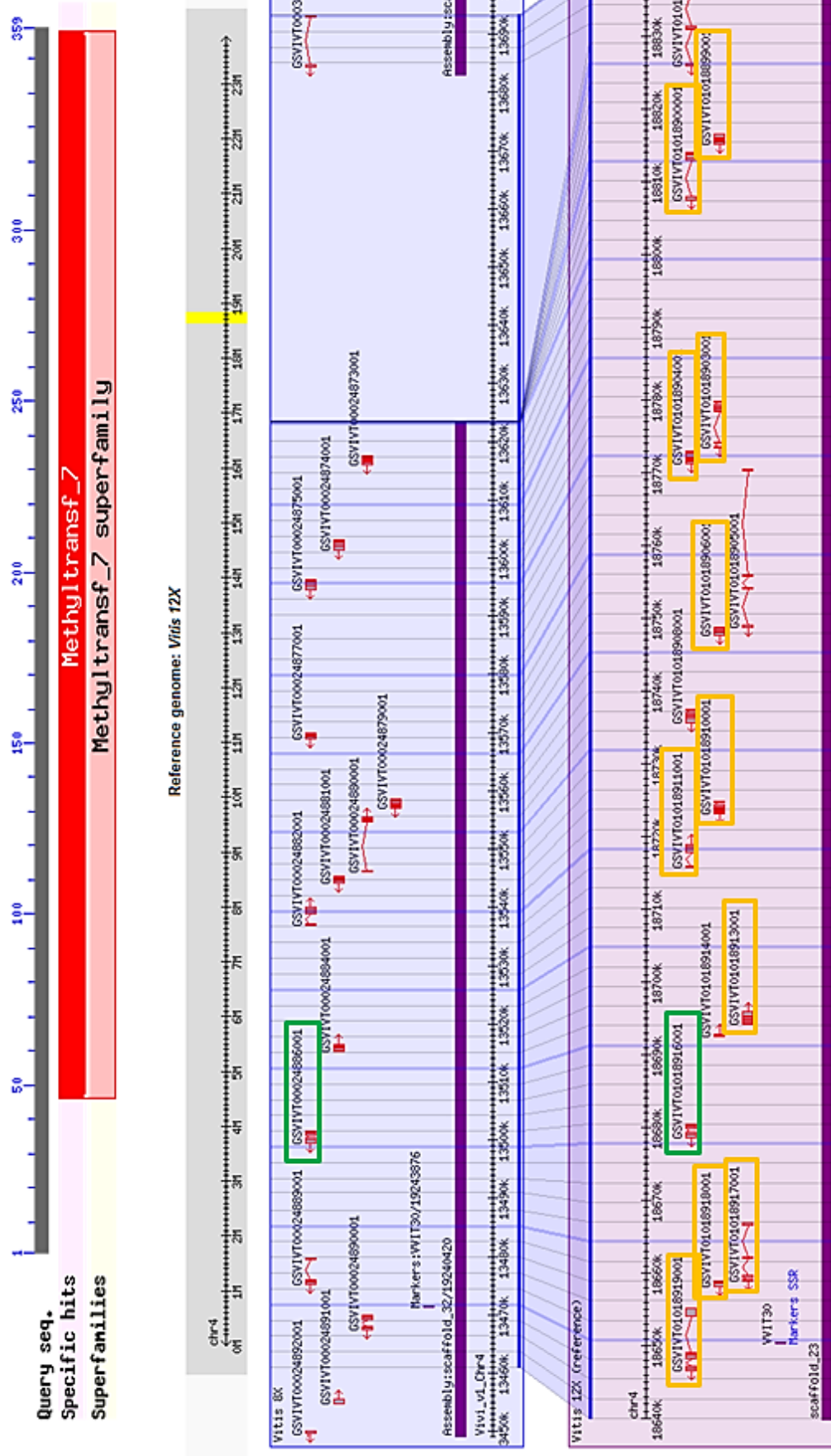


Abb. 53: Das Genanalogen des *aamt1*-Gens auf Chr 4 in *Vitis vinifera* PN40024, das in Mais das Schlüsselenzym der Methylantranilatsynthese kodiert (grün) und 11 Sequenzen mit der gleichen konservierten methyltransf_7 domäne, wie sie AAMI1 besitzt (gelb) im QTL-Bereich.

