

Weitere Sortenanalysen bei Rebe mittels genetischer Marker

FERDINAND REGNER, CORNELIA EISENHELD, HERWIG KASERER und ALEXANDRA STADLBAUER

Höhere Bundeslehranstalt und Bundesamt für Wein- und Obstbau Klosterneuburg
Abteilung Rebenzüchtung
A-2103 Langenzersdorf, Rehgraben 2

Genetische Marker wurden verwendet, um eine umfassende Sortencharakterisierung durchzuführen. Viele Sorten standen mehr oder weniger isoliert im Sortenspektrum ohne eine Möglichkeit der exakten Zuordnung. Durch den Vergleich von Mikrosatelliten-Allelen konnten Beziehungen von seltenen, heute weitgehend in Vergessenheit geratenen Sorten, Neuzüchtungen und Wildreben aufgestellt werden. So konnte eine direkte Abstammung der Lokalsorten 'Hanns (Hansen)' und 'Beerheller' vom 'Roten Veltliner' erkannt und somit frühere Vermutungen bestätigt werden. Die synonyme Bezeichnung von 'Frührottem Veltliner' als 'Malvasier Rose du Po' konnte bestätigt werden. Die Sorte 'Feteasca alba' entspricht nicht der Sorte 'Leanika' ('Mädchentraube'), daher liegt für diese Sorten kein Synonym vor. 'Kiraly Leanika' ist ebenfalls als eigenständiger Genotyp zu betrachten. Synonyme Bezeichnung liegt im Fall der Sorten 'Chasselas de Courtillier' und 'Madleine Royale' vor. Da diese Sorte als Abstammung von 'Müller-Thurgau' definiert werden konnte, erlangt die Sorte eine späte Bedeutung. Andere Sorten wie z.B. die Sorte 'Gamay' konnten als unscharf definierte Population erkannt werden. Bei einigen Reben wie z.B. 'Cabernet franc' lassen sich noch Allele auffinden, die vorwiegend bei Wildreben gefunden wurden. Der Rückschluss, dass diese Reben aus Wildreben selektiert worden sind, ist zulässig. 'Merlot' und 'Cabernet Sauvignon' können als Nachkommenschaft der Sorte 'Cabernet franc' betrachtet werden. Bei Neuzüchtungen wie der Sorte 'Bianca' konnte die Abstammung von einer Kreuzung 'Bouvier' x 'SV 12375 S1' bestätigt werden. Für die 'Riesling'-Neuzüchtungen 'Reichsriesling', 'Goldriesling', 'Augustriesling' und 'Beutelriesling' konnte die 'Riesling'-Abstammung bestätigt werden. Die Sorte 'Blauer Riesling' entspricht genetisch nicht der Sorte 'Riesling', sondern stellt eine eigenständige Sorte dar.

Further analyses for identification of grapevine by means of genetic markers. *Genetic markers were used to characterize grapevine cultivars extensively. Several cultivars show individual genetic profiles and could not be aligned to others. By comparing microsatellite alleles relationships of rare cultivars, already forgotten cultivars, new crosses and wildtype cultivars could be defined. Hence the heritage of the local varieties 'Hanns (or Hansen)' and 'Beerheller' from 'Veltliner Rot' as previously supposed could be recognized. The synonymous designation of 'Frührotter Veltliner' and 'Malvasier rose du Po' was confirmed. The cultivar 'Feteasca alba' is not identical to 'Leanika' ('Mädchentraube'), therefore the supposed definition as synonymous cultivars is obsolete. The cultivar 'Kiraly Leanika' could be evaluated as an individual cultivar. However, synonyms were detected by comparing 'Chasselas de Courtillier' and 'Madleine Royale'. The importance of this cultivar is mainly based on the fact that this cultivar could be defined as the long missing parent of 'Müller-Thurgau'. Other varieties, for instance 'Gamay', could be defined as a population. 'Cabernet franc' possesses alleles mainly found in wildtypes before. The conclusion that this variety was selected out of wild types can be drawn. The cultivars 'Merlot' and 'Cabernet Sauvignon' can be regarded as offspring of 'Cabernet franc'. The descent of the cultivar 'Bianca' can be confirmed as a seedling from the cross 'Bouvier' x 'Seyve Villard 12375'. The parentage of 'Riesling' was found by analyzing the cultivars 'Reichsriesling', 'Goldriesling', 'Augustriesling' and 'Beutelriesling'. The cultivar 'Blauer Riesling' is not identical to the genetic profile of 'Riesling' and shows an individual profile.*

Autres analyses de cépages au moyen de marqueurs génétiques. *Des marqueurs génétiques ont été utilisés afin de réaliser une caractérisation globale des cépages. Il existait beaucoup de cépages plus ou moins isolés dans l'éventail des cépages, sans la possibilité d'une attribution exacte. À l'aide d'allèles microsatellites, il a été possible d'établir*

des relations entre des cépages rares, largement tombés dans l'oubli à l'heure actuelle, des métis et des lambrusques. Cette procédure a permis de détecter une descendance directe des cépages locaux 'Hanns (Hansen)' et 'Beerheller' du 'Roter Veltliner' et de confirmer ainsi ce que l'on supposait auparavant. La désignation synonyme du 'Frühroter Veltliner' comme 'Malvasier Rose du Po' a pu être confirmée. Le cépage 'Feteasca alba' n'est pas identique au cépage 'Leanika' ('Mädchentraube'), ce qui fait qu'il n'existe pas de synonyme pour ces cépages. 'Kiraly Leanika' doit également être considéré comme un génotype autonome. Les cépages 'Chasselas de Courtilier' et 'Madleine Royale' sont également synonymes. Comme ce cépage a pu être défini comme descendant du 'Müller Thurgau', une importance tardive est conféré à ce cépage. D'autres cépages tels que 'Gamay' ont pu être reconnus comme population définie d'une manière imprécise. Dans quelques vignes, comme p. ex. 'Cabernet franc', on trouve encore des allèles qui existent principalement dans les lambrusques. Il est donc admissible de conclure que ces vignes ont été sélectionnées à partir de lambrusques. 'Merlot' et 'Cabernet Sauvignon' peuvent être considérés comme des descendants du cépage 'Cabernet franc'. Pour des métis tels que le cépage 'Bianca', il a été possible de confirmer la descendance du cépage 'Bouvier' x 'SV12375 S1'. Pour les métis du 'Riesling', à savoir 'Reichsriesling', 'Goldriesling', 'Augustriesling' et 'Beutelriesling', on a pu confirmer la descendance du 'Riesling'. Du point de vue génétique, le cépage 'Blauer Riesling' n'est pas identique au cépage 'Riesling', mais représente un cépage autonome.

Mit genetischen Markern läßt sich die Vielgestaltigkeit der Rebsorten untersuchen, lassen sich ihre Unterschiede erfassen, aber auch ihre Gemeinsamkeiten besser darlegen. Genetische Marker erlauben über die Differenzierung hinaus die Identifizierung von Rebsorten (REGNER et al., 1998a).

Für das Erkennen von Rebsorten eignen sich am besten Mikrosatelliten-Marker (REGNER et al., 1996). Diese Marker bieten hohe Stabilität der Ergebnisse bei gleichzeitig ausreichendem Unterscheidungspotential. Außerdem lassen sich die Erbgänge aufgrund der codominanten Vererbung nach Mendel leicht verfolgen, die Daten gut speichern und in einer Datenbank lagern (REGNER et al., 2000a). Ein besonderer Vorteil ist die gute Reproduzierbarkeit der Ergebnisse. Daher hat die Mikrosatelliten-Analyse in der Sortenidentifizierung einen wesentlichen Stellenwert erlangt und Allele können in Zukunft als beschreibender Deskriptor in Sorten-Datenbanken aufgenommen werden (REGNER et al., 1998b). Einerseits steigt der Informationsstand über Zusammenhänge bezüglich der Rebsorten (REGNER et al., 1998b), andererseits sinkt das Risiko von Falschbenennungen oder fehlerhaften Zuordnungen. Folgende sechs Genorte ermöglichen eine Differenzierung aller wirklichen Sorten voneinander: VVS2, (THOMAS and SCOTT, 1993) VVMD5, VVMD7, VVMD27, (BOWERS et al., 1996) VRZAG62 und VRZAG79 (SEFC et al., 1999). Jedoch ist es nicht möglich, Typen oder Klone einer Sorte mit derselben geringen Anzahl an Genorten zu unterscheiden, mit der die Sortenidentifizierung betrieben wird (THOMAS et al., 1993).

Bedenkt man z.B. die beschränkten Möglichkeiten, verholztes Rebmaterial im Handel auf die Sortenechtheit hin überprüfen zu wollen, so wird bewusst, dass mit

der genetischen Analyse ein wesentlicher Mangel in der Rebenzüchtung behoben werden konnte. Letztendlich stellt die genetische Analyse jene Analytik zur Verfügung, die für alle Lebewesen - also auch Reben - eine sehr exakte Darstellung erlaubt. Alle Gewebeteile, aus denen DNA isoliert werden kann, sind für die Analyse geeignet. So konnte aus Blättern, einjährigem Holz, Wurzeln und Beerenhäuten DNA für die genetische Analyse präpariert werden (REGNER et al., 1998a).

Die klassische Ampelographie wird weiterhin für alle Standard-Identifizierungen herangezogen werden, sollten sich jedoch aufgrund der Bedingungen Probleme ergeben oder ist die Exaktheit nicht ausreichend, wird mit genetischen Markern eine perfekte Alternative zur Verfügung stehen. In einer Access Datenbank sind genetische Fingerabdrücke von über 400 Rebsorten und 40 Unterlagsreben sowie einiger *Vitis*-Arten gespeichert. Mittels eines eigens dafür entworfenen Programmes kann mit den Allellängen aus der Sortenanalyse eine Identitätsrecherche durchgeführt werden. Dabei werden jene Sorten aufgelistet, die möglichst viele gemeinsame Allele der analysierten Sorte aufweisen. Nur bei einer völligen Übereinstimmung kann auf eine Identifizierung des Genotypes geschlossen werden.

Es konnte allerdings bei manchen alten Sorten beobachtet werden, dass es an einzelnen Genorten Abweichungen geben kann, ohne dass eine andere Sorte vorliegt (REGNER et al., 2000b). Spiegelt sich diese Abweichung des genetischen Profils im Phänotyp wider, so ist der Genotyp meist als eigenständiger Typ oder Klon charakterisiert. Letztendlich können diese extrem seltenen Abweichungen bei Mikrosatelliten aber herangezogen werden, um Typen oder Klone von Sorten zu charakterisieren (REGNER et al., 2000b). Die andere

Komponente der Identität betrifft die Zusammenhänge der Rebsorten, also ihre Gemeinsamkeiten. Ein Suchmodus in der Datenbank ermöglicht das Aufzeigen des Ausmaßes an Übereinstimmung bis hin zur Abstammungsbeziehung. Bei Übereinstimmung eines Wertes an allen Genorten kann ein Abstammungsverhältnis nicht ausgeschlossen werden, wobei alleine dieser Zusammenhang nicht verrät, in welche Richtung die Entwicklung sich vollzogen hat. Allerdings lassen sich von wesentlich mehr Sorten Abstammungen erkennen, als sich dann konkret in Kreuzungen darstellen lassen. Einerseits weil die klassischen Rebsorten durchwegs aus Zufallsbestäubungen stammen und andererseits, weil durch die jahrhundertelange Veränderung der Rebsortenbestände nur die für den Weinbau jeweils am besten geeigneten Sorten erhalten blieben.

Sortenfamilien und Auskreuzungen lassen Leitsorten erkennen, die ganz wesentlich zur Entwicklung des europäischen Sortenspektrums beigetragen haben (REGNER et al., 1998b). Die Sorten 'Heunisch', 'Traminer' und 'Roter Veltliner' können für den Mitteleuropäischen Weinbau als solche definiert werden. Dabei repräsentiert der 'Rote Veltliner' noch am ehesten einen lokalen Genotyp, während 'Traminer' und 'Heunisch' als sehr internationale Sorten betrachtet werden können.

Für den 'Roten Veltliner' konnte, wie aufgrund ampelographischer Merkmale vermutet, eine enge genetische Beziehung zu den Sorten 'Frühroter Veltliner', 'Brauner Veltliner' und 'Rotgipfler' dargestellt werden. Dabei war bisher das Ausmaß der Verwandtschaft nicht klar. Mittels genetischer Analyse konnten die Sorten 'Brauner' und 'Weißer' oder 'Silberweißer Veltliner' als Typen der Sorte 'Roter Veltliner' erkannt werden. 'Frühroter Veltliner' und 'Rotgipfler' wurden als (REGNER, 2000) 'Rote-Veltliner'-Kreuzungen erkannt. Ebenfalls als 'Rote-Veltliner'-Kreuzungen wurden die Sorten 'Neuburger', 'Zierfandler' und 'Rot-Weißer Veltliner' eingestuft. Diese Sorten wurden bisher entweder nicht mit 'Veltliner' in Zusammenhang gebracht oder wurden – wie der 'Rot-Weiße Veltliner' – nicht vom 'Roten Veltliner' getrennt (REGNER, 2000). Die Sorte 'Heunisch' gilt als Relikt der Hunneninvasion in Europa nach der Zeit der Völkerwanderung (SCHUHMAN, 1997). Somit stellt die Sorte möglicherweise den wichtigsten nachvollziehbaren Import von *Vitis vinifera* in Europa dar (BASSERMANN-JORDAN, 1975). Im Mittelalter war die Unterscheidung zwischen den Rebsorten sehr oberflächlich, die ältesten Beschreibungen nennen beispielsweise nur die Sorten 'Heunisch' im Gegensatz zu

'Fränkisch' (BASSERMANN-JORDAN, 1975). Tatsächlich handelt es sich bei beiden Sorten um Familien, die aber letztendlich wie die 'Veltliner'-Familie eine Leitsorte im Zentrum besitzen. Dies betrifft jedoch nur jene 'Heunisch'-Nachkommen, die ampelographisch der Leitsorte sehr ähnlich sind. Andere Nachkommen der Sorte 'Heunisch' sind eindeutig schon früher als eigenständige Sorten erkannt worden und haben dementsprechend eigene Namen. Die Sorten 'Chardonnay', 'Aligoté', 'Melon', 'Auxerrois', 'Riesling', 'Elbling', 'Ortlieber', 'Räuschling', 'Furmint', 'Gamay', 'Blaufränkisch' und viele andere entsprechen einer 'Heunisch'-Kreuzung (REGNER et al., 2000a). Die Frage, warum sich derart viele Sorten von einer einzigen noch dazu wahrscheinlich eingeführten Sorte entwickelt haben, lässt sich wahrscheinlich am besten mit den Eigenschaften erklären, die diese Sorte bei Einkreuzung vererben kann. Charakteristisch für 'Heunisch' ist zweifellos eine hohe Fruchtbarkeit und sehr vitale wuchstarke Reben. Allerdings kann in schlechten Jahren ein zu hohes Säureniveau wegen später Reife der Trauben verbleiben. Einerseits sind diese Eigenschaften ein Indiz für eine Herkunft aus südlicheren oder östlichen Gebieten, andererseits zeigt sich daran, dass andere Sorten damals vermutlich durch geringe Erträge gekennzeichnet waren. Wie aber ist es möglich, dass sich Qualitätssorten wie 'Chardonnay', 'Riesling', 'Silvaner' und andere in der Nachkommenschaft von 'Heunisch' auffinden lassen? Das Geheimnis liegt in der Kombination mit anderen Sorten, die für hochqualitative Weine stehen. In grober Vereinfachung wurden diese Sorten als 'Fränkisch' bezeichnet, und genetisch verbirgt sich dahinter der autochtone Teil der Rebsorten, der aus Wildreben entwickelt worden war (REGNER et al., 1998b).

Die Sorte 'Traminer' und in der Folge 'Traminer'-Kreuzungen können als dem 'Fränkisch'-Genpool zugehörige Rebsorten betrachtet werden. Als direkte 'Traminer'-Nachkommenschaft haben sich die Sorten 'Burgunder', 'Silvaner', 'Sauvignon', 'Rotgipfler', 'Kurzstingler' und 'Grüner Veltliner' herauskristallisiert (REGNER, 2000). Zahlreiche andere Sorten lassen zwar den 'Traminer'-Einfluss erkennen, sind aber bereits eine Nachkommenschaft eines 'Traminer'-Sämlings.

Jedoch gibt es auch zahlreiche Sorten, bei denen keinerlei Beziehung zu den beiden großen Genpools erkannt werden konnte. Die Auslese aus Wildreben und eventuelle Einkreuzungen mit heute verloren gegangenen Sorten kann als Herkunft angenommen werden. Die genetische Analyse von einer Vielzahl an Reben, die heute

noch verfügbar sind, kann auch die Zuordnung von bislang undefinierten Reben ermöglichen.

Material und Methoden

Die Rebsorten stammen zum überwiegenden Teil aus der Sammlung der Höheren Bundeslehranstalt für Wein- und Obstbau Klosterneuburg. Zusätzlich wurden Referenzproben von den Sortensammlungen in Deutschland, nämlich aus der Forschungsanstalt Geisenheim, dem Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof, dem staatlichen Weinbauinstitut Freiburg und der Landesanstalt in Neustadt an der Weinstraße bezogen. Weiteres Rebmateriale wurde von den Sammlungen in Montpellier (F) Senkvice (SL) und Pecs (H) zur Verfügung gestellt. Die DNA der Reben wurde aus frischen Blättern präpariert. Unter Benützung eines verkürzten Reinigungsprotokoll konnte eine ausreichende Menge und die erforderliche Reinheit der DNA erzielt werden (REGNER et al., 1998b).

Die genetische Analyse erfolgte mit mehr als 30 verschiedenen Genorten. Eingesetzte Genorte wurden von der CSIRO Division of Horticulture, Adelaide in Australien VVS 1-4, VVS29, (THOMAS and SCOTT, 1993) entwickelt. Die VVMD 5-8 (BOWERS et al., 1996) und VVMD 14,17,21, 24, 25, 27, 28, 31, 32, 36 Genorte (BOWERS, 1999) stammen von der University of Davis in Kalifornien, USA.

Die VRZAG 7-112 Genorte (SEFC et al., 1999) stammen aus einer Kooperation der HBLA und BA Klosterneuburg mit der Universität für Bodenkultur, Institut für Angewandte Genetik. Die Genorte wurden mittels Polymerase-Kettenreaktion (PCR) entwickelt und die entstandenen Allel-Fragmente auf einem automatischen Sequenzierer (ABI 373 A) aufgetrennt, sowie deren Fragmentlänge ermittelt. Als interner Längenstandard wurde der PRISM Genescan-350 TAMRA aufgetragen und die entwickelten Fragmente aufgrund der Fluoreszenz der Farbstoffe 6 FAM, HEX und TET analysiert. Die PCR-Protokolle wurden gemäß den Angaben zum Genort durchgeführt, wobei meist 50 °C als Anlage-temperatur und ein dreistufiger Entwicklungszyklus verwendet wurden. Im günstigen Fall konnten drei Genorte gleichzeitig in einem multiplex PCR-Ansatz entwickelt werden. Die Ausbeute an Fragment-DNA wurde durch die Auftrennung auf einem Agarosegel (2%) abgeschätzt und entsprechend der Menge zwischen 0,5 – 2 µl auf ein Sequenziergel (6% Polyacrylamid) aufgetragen. Die Daten werden in einer Access Datenbank gespeichert und als Referenz für Sor-

tenidentifizierung herangezogen. Ein Programm für das Erkennen von Identitäten und Erfassen von genetischen Beziehungen wurde entwickelt.

Ergebnisse und Diskussion

Die Rebsorte 'Hanns' oder 'Hansen' (wie sie Goethe bezeichnete) (GOETHE, 1878) ist eine dieser seltenen Rebsorten, die bisher nirgendwo zuordenbar war. Das Mikrosatelliten-Profil zeigt sehr viele gemeinsame Allele mit der Sorte 'Roter Veltliner' auf. Insgesamt kann an jedem Genort ein gemeinsames Allel der beiden Sorten erkannt werden. Diese Gemeinsamkeit lässt auf eine Abstammungsbeziehung schließen. Aufgrund der bereits dokumentierten Stellung der Sorte 'Roter Veltliner' in der Vergangenheit kann auch hier angenommen werden, dass die Sorte 'Hanns' eine 'Rote-Veltliner'-Nachkommenschaft ist (Tabelle 1). Jedoch sollte nicht der Name mit der Sorte 'Blauer Hans' verwechselt werden. Diese Sorte ist völlig eigenständig und zeigt zur Sorte 'Hanns' keine enge genetische Beziehung auf. Allerdings konnte festgestellt werden, dass unter dem Namen 'Blauer Hans' verschiedene Genotypen kursieren. Dabei konnte auch ein 'Grüner Veltliner' mit stärkerer Blaufärbung der Blattadern erkannt werden. Für eine tatsächliche Aufklärung der Sorte 'Blauer Hans' bedarf es weiterer unabhängiger Referenzproben.

Eine ähnliche Herkunft wie für die Sorte 'Hanns' konnte auch für die Sorte 'Beerheller' ermittelt werden. Diese fast verschwundene Sorte wurde früher in den Weinbaugebieten an der Südbahn kultiviert. Jedoch kam die Sorte nur in gemischten Anlagen vor. Sie hat kleinbeerige rotgraue Trauben von kleiner bis mittlerer Dimension und besitzt abgesehen vom 'Veltliner'-ähnlichen Blatt wenig Homologie zur Sorte 'Roter Veltliner'. Da es sich bei dieser Sorte ebenfalls um eine sehr lokale Rebsorte handelt, ist die Definition der Abstammung von der Sorte 'Roter Veltliner' sehr wahrscheinlich. Zumindest die genetische Ähnlichkeit kann mittels SSR Marker gezeigt werden (Tabelle 1).

Die Sorte 'Frühroter Veltliner', die ebenfalls vom 'Roten Veltliner' abstammt und deren Herkunft aus einer Kreuzung mit 'Silvaner' abgeleitet werden konnte (REGNER et al., 2000a), trägt ein Synonym, welches bisher völlig unklar war. Die Bezeichnung der Sorte mit dem Namen 'Malvasier' schien bisher nicht nachvollziehbar. Proben aus den Sortensammlungen Geilweilerhof und Neustadt an der Weinstraße ergaben, dass diese 'Malvasier'-Sorten in keinerlei genetischem Zusammenhang mit der Sorte 'Frühroter Veltliner' stehen. Da die Be-

Tabelle 1:

Die Allele der Landsorten 'Hanns' und 'Beerheller' weisen auf eine Herkunft als 'Rote Veltliner'-Kreuzung hin. 'Frühroter Veltliner' und 'Malvasier rose du Po' sind annähernd idente Genotypen und entsprechen daher einem Sortenbegriff.

locus	Hanns	Roter Veltliner	Beerheller	Frühroter Velt.	Malvasier r. du Po
VVS 1	190 : 190	190 : 190	190 : 190	180 : 190	180 : 190
VVS 2	131 : 133	131 : 133	133 : 151	133 : 151	133 : 133
VVS 4	168 : 168	168 : 175	167 : 175	168 : 175	168 : 175
VVMD 5	234 : 246	240 : 246	226 : 246	232 : 240	232 : 240
VVMD 6	207 : 207	199 : 207	207 : 209	189 : 207	189 : 207
VVMD 7	249 : 253	239 : 253	239 : 239	247 : 253	247 : 253
VVMD 8	141 : 147	143 : 147	147 : 159	143 : 147	143 : 147
VVMD 17	221 : 222	221 : 221	220 : 221	221 : 222	221 : 222
VVMD 24	214 : 214	208 : 214	208 : 214	208 : 210	208 : 210
VVMD 27	183 : 189	183 : 194	183 : 189	189 : 193	189 : 193
VVMD 28	241 : 271	249 : 271	251 : 271	239 : 271	239 : 271
VVMD 32	255 : 270	255 : 265	255 : 255	265 : 273	265 : 273
VVMD 36	264 : 296	264 : 264	264 : 276	264 : 264	264 : 264
VRZAG 15	167 : 177	167 : 175	167 : 177	167 : 167	167 : 167
VRZAG 21	202 : 204	202 : 206	202 : 208	202 : 208	202 : 208
VRZAG 29	114 : 118	114 : 114	114 : 114	114 : 114	114 : 114
VRZAG 62	193 : 205	193 : 197	189 : 193	193 : 205	193 : 205
VRZAG 64	140 : 144	144 : 164	140 : 144	144 : 144	144 : 144
VRZAG 67	128 : 151	151 : 151	128 : 151	151 : 161	151 : 161
VRZAG 79	252 : 252	252 : 252	244 : 252	252 : 252	252 : 252
VRZAG 83	190 : 196	190 : 192	192 : 202	190 : 190	190 : 190
VRZAG 112	236 : 236	236 : 236	236 : 236	236 : 240	236 : 236

zeichnung 'Malvasier' in Italien sehr häufig ist und dort zahlreiche verschiedene Malvasier mit zusätzlicher Ortsbezeichnung vorkommen, konnte über die ampelographische Beschreibung die Sorte 'Malvasier rose du Po' ausfindig gemacht werden. Diese Sorte entspricht über die Morphologie hinaus genetisch weitgehend der Sorte 'Frühroter Veltliner' (Tabelle 1).

Die Sorte 'Mädchentraube' ('Leanika') gilt vor allem in den Nachbarländern Ungarn, Slowenien und der Slowakei als traditionelle Rebsorte mit Jahrhunderte alter

Tradition. Die Sorte soll nach gängiger Lehrmeinung in Rumänien unter dem Namen 'Feteasca alba' bekannt sein (ALLEWELDT, 1988). Auch wenn eine morphologische Ähnlichkeit vorhanden ist, so konnten genetisch doch erhebliche Unterschiede festgestellt werden (Tabelle 2), sodass die individuelle Bezeichnung gerechtfertigt ist und aufrecht erhalten werden muss. Die synonyme Bezeichnung 'Mädchentraube' und 'Leanika' entspricht dem genetischen Naheverhältnis dieser Sorten, auch wenn sich einige Unterschiede in der genetischen

Tabelle 2:

Die Allele der Sorten 'Leanika', 'Mädchentraube', 'Kiraly Leanika' und 'Feteasca alba', die zwar als Synonyme bezeichnet werden und dennoch deutliche genetische Unterschiede erkennen lassen.

locus	Leanika	Mädchentraube	Kiraly Leanika	Feteasca alba
VVS 1	181 : 187	187 : 187	181 : 181	181 : 190
VVS 2	133 : 133	133 : 135	133 : 133	139 : 151
VVS 4	168	168	168 : 174	168
VVMD 5	226 : 236	226 : 236	236 : 240	226 : 236
VVMD 6	199 : 207	199 : 199	189 : 199	199 : 207
VVMD 7	253 : 253	247 : 253	247 : 249	239 : 247
VVMD 8	143 : 147	143 : 147	141 : 147	143 : 143
VVMD 17	212 : 222	212 : 222	212 : 222	220 : 222
VVMD 21	249 : 249	249 : 249	243 : 249	243 : 249
VVMD 24	210 : 210	210 : 210	210 : 210	206 : 210
VVMD 25	253 : 259	253 : 259	245 : 253	245 : 253
VVMD 27	185 : 194	185 : 194	194 : 194	187 : 191
VVMD 28	251 : 267	251 : 267	231 : 267	231 : 237
VVMD 31	204 : 210	204 : 210	204 : 212	212 : 216
VVMD 32	249 : 253	249 : 249	253 : 263	253 : 263
VVMD 36	264 : 276	264 : 276	254 : 264	226 : 254
VRZAG 15	177	177	167 : 177	167 : 177
VRZAG 21	202 : 208	202 : 208	202 : 202	198 : 204
VRZAG 29	114	114	114	114
VRZAG 62	193 : 195	193 : 195	195 : 205	193 : 195
VRZAG 64	144 : 158	144 : 158	151 : 158	144 : 158
VRZAG 67	141 : 151	141 : 151	134 : 141	134 : 141
VRZAG 79	238 : 252	238 : 252	250 : 252	260 : 260
VRZAG 83	188 : 190	188 : 190	190 : 192	196 : 202
VRZAG 112	231 : 242	231 : 242	231 : 242	231 : 248

Analyse ergaben. Die Änderung eines locus von heterozygot auf homozygote Allelinformation kann bereits bei geringfügigen Mutationen ausgelöst werden und ist ein eher seltenes Ereignis. Das Auftreten solcher Nullallele kann zur Unterscheidung von Typen oder Klonen einer Sorte verwendet werden (REGNER et al., 2000b). Diese Abweichungen sind jedoch nicht gleich zu be-

werten wie andere Allellängen, da das ursprüngliche Allel ja vorhanden ist, jedoch die Primer-Anlagerungsstelle verändert ist. Eine morphologisch verwandte Sorte, nämlich 'Kiraly Leanika', kann vermutlich als Nachkommenschaft der Sorte 'Leanika' ('Mädchentraube') betrachtet werden.

Tabelle 3:

Die Allele von 4 verschiedenen 'Gamay'-Profilen lassen erkennen, dass 'Gamay' eine Population von Sorten ist, die als Gemeinsamkeit die Abstammung von der Sorte 'Heunisch' erkennen lässt.

locus	Heunisch	Gamay 1	Gamay 2	Gamay noir	Gamay de Bouze	Pinot
VVS 1	190	190	190	190	190	183 : 190
VVS 2	133 : 143	133 : 151	133 : 151	143 : 151	133 : 137	137 : 151
VVS 3	220 : 220	214 : 220	214 : 220	214 : 214	214 : 220	214 : 220
VVS 4	168 : 169	168 : 173	168	168 : 173	168	168 : 173
VVS 29	171 : 179	171 : 179	171 : 179	179	171 : 179	171 : 179
VVMD 5	234 : 240	234 : 238	226 : 234	228 : 234	236 : 240	228 : 238
VVMD 6	189 : 209	199 : 209	206 : 209	189 : 199	199 : 209	199
VVMD 7	239 : 249	239 : 249	239 : 257	239 : 239	239 : 249	239 : 243
VVMD 8	141 : 147	143 : 147	143 : 147	143 : 147	143 : 147	141 : 143
VVMD 17	220 : 222	220 : 222	220	220	220 : 222	212 : 220
VVMD 21	249	249	249	249	249	249
VVMD 24	210 : 218	210 : 218	210 : 218	210 : 216	210 : 218	214 : 216
VVMD 25	243 : 259	253 : 259	253 : 259	253 : 259	243	243 : 253
VVMD 26	249 : 251	249 : 251	251 : 251	249 : 255	249 : 251	249 : 255
VVMD 27	179 : 181	181 : 189	181 : 189	179 : 189	179	185 : 189
VVMD 28	231 : 249	231 : 237	231 : 237	231 : 239	221 : 249	221 : 239
VVMD 31	212 : 214	204 : 214	204 : 214	212 : 216	214 : 216	216
VVMD 32	253 : 273	253 : 273	253 : 273	241 : 253	241 : 273	241 : 273
VVMD 36	264 : 276	254 : 264	254 : 264	254	254 : 264	254
VRZAG 7	155	155	155	155	155	155
VRZAG 15	167 : 167	167 : 167	167 : 167	167 : 167	167	167 : 179
VRZAG 21	204 : 208	202 : 208	204 : 208	202 : 208	200 : 204	202 : 208
VRZAG 25	227 : 240	227	227	227	227	227 : 238
VRZAG 29	114 : 118	114 : 118	114 : 118	114	114	114 : 118
VRZAG 30	149 : 151	151 : 153	151 : 151	151 : 153	151 : 153	151 : 153
VRZAG 62	197 : 205	195 : 205	195 : 205	195 : 205	195 : 205	189 : 195
VRZAG 64	160 : 160	138 : 160	160 : 160	140 : 160	160	140 : 164
VRZAG 67	141 : 141	141 : 153	141 : 153	141 : 153	141 : 153	128 : 153
VRZAG 79	237 : 243	243 : 245	243 : 245	243 : 245	243	239 : 245
VRZAG 83	190 : 196	190 : 196	190 : 202	196 : 202	190	190 : 202
VRZAG 112	242 : 244	242 : 244	242 : 244	242 : 244	242	242 : 244

Die Sorte 'Gamay' ist wohl eine der bekanntesten französischen Rotweinsorten (GALET, 1990), die vor allem durch die Fruchtigkeit und die Eignung zur Beaujolais-Bereitung bekannt ist. Diese Sorte wurde in der Vergangenheit häufig mit der Sorte 'Blaufränkisch' in Verbindung gebracht. Daher war es nötig, den genetischen Vergleich 'Blaufränkisch' mit 'Gamay' herzustellen. Nach den ersten Analysen stand fest, dass die Sorte 'Gamay' nicht scharf definiert ist und sich unter den sechs analysierten Rebsorten mit Namen 'Gamay' zumindest vier verschiedene Genotypen befinden, die

alle genetisch eigenständig sind. Da diese 'Gamay'-Genotypen aber aufgrund der großen morphologischen Ähnlichkeit als eine Sorte definiert sind, kann die genetische Unterschiedlichkeit auch nicht zu groß sein. Vergleicht man die Sorten untereinander, kann keine direkte genetische Beziehung erkannt werden. Sucht man aber die Allele in einer möglichen Elternorte, so findet man bei allen analysierten 'Gamay'-Sorten die Möglichkeit einer 'Heunisch'-Elternschaft. Für eine dieser Sorten ('Gamay noir') konnte als zweiter Elternteil die Sorte 'Burgunder' erkannt werden. Aufgrund dieser

Tabelle 4:

Die Abstammung der Sorte 'Müller-Thurgau' ist von einer Kreuzung 'Riesling' x 'Chasselas de Courtillier' oder 'Madleine Royale' möglich. Die annähernde genetische Identität von 'Chasselas de Courtillier' und 'Madleine Royale' zeigt die Möglichkeit eines Synonyms auf.

locus	Riesling		Müller-Thurgau		Madleine Royale		Chasselas de Courtillier	
VVS 1	190	190	183	190	183	190	183	190
VVS 2	143	151	143	151	151	155	151	155
VVS 3	214	220	220	220	220	220	220	220
VVS 4	168	168	168	173	168	173	168	173
VVS 29	171	179	179	179	171	179	171	179
VVMD 5	226	234	226	228	228	236	228	236
VVMD 6	206	209	199	206	199	209	199	209
VVMD 7	249	257	247	257	243	247	243	247
VVMD 8	143	147	143	147	143	157	143	157
VVMD 17	220	220	212	220	212	221	212	221
VVMD 21	249	249	249	249	249	249	249	249
VVMD 24	210	218	214	218	214	216	214	214
VVMD 25	253	259	253	259	245	253	245	253
VVMD 28	231	237	237	247	221	247	221	247
VVMD 31	204	214	204	216	212	216	212	216
VVMD 32	253	273	253	253	253	273	253	263
VVMD 36	254	264	254	264	254	264	254	264
VRZAG 7	157	157	157	157	157	157	157	157
VRZAG 15	167	167	167	167	167	177	167	177
VRZAG 21	204	208	204	204	204	208	204	208
VRZAG 25	227	227	227	227	227	227	227	227
VRZAG 29	114	118	114	118	114	118	114	118
VRZAG 62	195	205	195	195	189	195	189	195
VRZAG 64	139	161	139	163	161	165	161	165
VRZAG 67	141	153	151	153	141	152	141	152
VRZAG 79	244	246	244	246	246	260	246	260
VRZAG 83	191	197	197	203	190	202	190	202
VRZAG 112	242	244	231	242	231	242	231	242

Tabelle 5:

'Cabernet franc' kann als Eltern- Sorte für 'Cabernet Sauvignon' aber auch für 'Merlot' gelten. Beide Nachkommenschaften weisen an allen untersuchten Genorten je ein gemeinsames Allel mit 'Cabernet franc' auf.

locus	Cabernet franc	Cabernet Sauvignon	Merlot
VVS 1	181 : 181	181 : 181	181 : 190
VVS 2	139 : 147	139 : 151	139 : 151
VVS 3	214 : 214	214 : 220	214 : 220
VVS 4	167 : 175	168 : 175	168 : 175
VVS 29	175 : 181	179 : 181	175 : 181
VVMD 5	226 : 240	232 : 240	226 : 236
VVMD 6	199 : 206	206 : 207	199 : 207
VVMD 7	239 : 263	239 : 239	239 : 247
VVMD 8	147 : 157	143 : 157	143 : 157
VVMD 17	212 : 221	221 : 222	220 : 221
VVMD 21	249 : 258	249 : 258	243 : 249
VVMD 24	210 : 210	210 : 219	210 : 214
VVMD 25	243 : 259	243 : 253	243 : 253
VVMD 27	181 : 189	175 : 189	189 : 191
VVMD 28	231 : 239	237 :- 239	231 : 237
VVMD 31	206 : 216	206 : 210	212 : 216
VVMD 32	241 : 259	241 : 241	241 : 241
VVMD 36	254 : 254	254 : 264	254 : 254
VRZAG 7	157 : 157	157 : 157	157 : 157
VRZAG 15	165 : 183	165 : 167	165 : 167
VRZAG 21	192 : 202	202 : 208	202 : 202
VRZAG 29	114 : 114	114 : 114	114 : 114
VRZAG 30	151 : 153	151 : 153	151 : 153
VRZAG 62	195 : 205	189 : 195	195 : 195
VRZAG 64	158 : 160	140 : 160	138 : 160
VRZAG 79	247 : 259	247 : 247	259 : 259
VRZAG 83	196 : 202	202 : 202	196 : 202
VRZAG 112	231 : 244	231 : 236	231 : 244

Tabelle 6:

Die Allele der Sorte 'Bianca' bestätigen die Abstammung von einer Kreuzung 'Bouvier' x 'S.V. 12375' (Eger 1)

locus	Bouvier	Bianca	S.V. 12375 (S1)
VVS 1	181 : 190	181 : 194	190 : 194
VVS 2	133 : 151	133 : 151	133 : 143
VVS 3	212 : 220	212 : 220	212 : 218
VVS 4	168 : 173	167 : 173	167
VVS 29	171 : 178	171 : 181	176 : 181
VVMD 5	228 : 228	228 : 236	232 : 236
VVMD 6	199 : 207	199 : 214	199 : 214
VVMD 7	243 : 243	243 : 253	237 : 253
VVMD 8	141 : 143	143 : 153	153 : 185
VVMD 17	220 : 222	220 : 220	220 : 220
VVMD 21	249	233 : 249	233 : 256
VVMD 24	214 : 218	214 : 218	210 : 214
VVMD 25	253	245 : 253	245 : 259
VVMD 27	185 : 194	185 : 189	189 : 194
VVMD 28	221 : 271	221 : 239	237 : 239
VVMD 31	212 : 216	214 : 216	212 : 214
VVMD 32	273 : 273	253 : 273	241 : 253
VVMD 36	254 : 264	254 : 270	240 : 270
VRZAG 7	157	110 : 157	110 : 197
VRZAG 15	167 : 179	167 : 193	169 : 193
VRZAG 21	208 : 208	202 : 208	202 : 208
VRZAG 29	114 : 118	118 : 124	118 : 124
VRZAG 62	195 : 197	195 : 195	191 : 195
VRZAG 64	140 : 160	140 : 140	140 : 170
VRZAG 67	128 : 141	128 : 154	154 : 175
VRZAG 79	240 : 252	240 : 262	256 : 262
VRZAG 83	190	190	190
VRZAG 112	236 : 242	231 : 242	231 : 236

Tabelle 7:

Die Allele der Sorte 'Riesling' Klon 239 Gm sowie der 'Riesling Selbstung Reichsriesling', der Kreuzungen 'Goldriesling', 'Beutelriesling', 'Augustriesling' und 'Firnriesling'. Die Sorte 'Blauer Riesling' steht nicht im direkten genetischen Zusammenhang.

Locus	239 Gm	Reichsriesling	Goldriesling	Beutelriesling	Augustriesling	Firnriesling
VVS 1	190	190	162 : 190	183 : 190	183 : 190	190
VVS 2	143 : 151	143 : 151	137 : 151	137 : 151	137 : 151	133 :151
VVS 3	214 : 220	214: 220	214 : 220	220 : 222	214 : 220	214: 220
VVS 4	168	168	167 : 168	167 : 168	167 : 168	168
VVS 29	171 : 178	171 : 178	171 : 178	171	171 : 178	171 .178
VVMD 5	226 : 234	226 : 234	226 : 228	228 : 234	226 : 238	230 : 234
VVMD 6	207 : 209	206 : 209	199 : 209	206 : 206	199 : 207	206 : 206
VVMD 7	249 : 257	249 : 257	239 : 249	243 : 249	239 : 257	243 : 249
VVMD 8	143 : 147	143 : 147	141 : 147	147	141 : 147	141 : 145
VVMD 17	220:220	220:222	220 : 221	212 : 220	212 : 220	220 : 221
VVMD 21	248	248	248 : 255	248	248 : 255	248 : 263
VVMD 24	210 : 218	210 : 216	210 : 218	210	210 : 218	210 : 214
VVMD 25	253 : 259	253 : 259	253 : 259	253 : 259	243 : 253	253
VVMD 26	251	251	249 : 255	249 : 253	249 : 255	249
VVMD 27	181 : 189	181 : 189	181 : 189	189	189	181 : 189
VVMD 28	231 : 237	231 : 237	231 : 239	231 : 237	231 : 237	237 : 249
VVMD 31	204 : 214	204 : 214	214 : 216	204 : 214	204 : 216	212 : 214
VVMD 32	253 : 273	253 : 273	253 : 273	253 : 273	253 : 273	241 : 273
VVMD 36	254 : 264	254 : 264	254 : 264	264 : 276	254 : 276	254 : 276
VRZAG 15	167	167	167	167	167 : 179	167 : 205
VRZAG 21	204 : 208	204 : 208	202 : 204	202 : 208	202 : 208	208
VRZAG 25	225 : 225	225 : 225	225 : 236	225 : 236	225 : 236	225 : 238
VRZAG 29	114 : 118	114 : 118	114 : 118	112 : 114	116 : 118	114 : 118
VRZAG 62	195 : 205	195 : 205	195 : 205	189 : 205	191 : 195	189 : 205
VRZAG 64	138 : 160	138 : 160	138 : 160	140 : 160	140 : 160	138 : 142
VRZAG 67	141 : 154	141 : 154	128 : 141	128 : 141	128 : 141	128 : 152
VRZAG 79	243 : 245	243 : 245	245	245 : 255	245	243 : 259
VRZAG 83	191 : 197	191 : 197	191 : 197	191 : 197	191 : 197	193
VRZAG 112	242 : 244	244 : 248	242 : 244	231 : 244	242 : 244	244

Analyse kann die Sorte 'Gamay' als eine 'Heunisch'-Nachkommenschaft definiert werden. Da die verschiedenen 'Gamay'-Sorten jedoch nicht getrennt wurden,

kann 'Gamay' als eine Population betrachtet werden. Die Beziehung zur Sorte 'Blaufränkisch' ist eine halbgewisserliche und zeigt auf, welche Bedeutung die

Sorte 'Heunisch' für die Entwicklung der Rebsorten in Europa hatte.

Ein weiteres Synonym konnte durch die genetische Analyse der Sorten 'Chasselas de Courtillier' und 'Madleine Royale' aufgedeckt werden. Die geringen genetischen Unterschiede weisen auf den Typ-Charakter von 'Chasselas de Courtillier' hin. Vermutungen, es könnte sich bei 'Chasselas de Courtillier' um 'Admirable de Courtillier' handeln (DETTWEILER, et al., 2000), stellten sich als falsch heraus. Aufgrund der wahrscheinlichen Elternschaft an der Sorte 'Müller-Thurgau' erhält dieses Synonym mehr Bedeutung als die Sorte für den praktischen Weinbau je erlangt hat. Tatsächlich ist die genetische Übereinstimmung so groß, dass beide Sorten dafür in Frage kommen. Jedoch sollte beachtet werden, dass beide Sorten aus Frankreich kommen und dort 'Madleine Royale' als Leitsorte definiert ist. Folglich ist die korrekte Abstammung der Sorte 'Müller-Thurgau' von einer 'Riesling' x 'Madleine Royale' ('Chasselas de Courtillier') Kreuzung zu definieren.

Wie bereits früher gezeigt, hat sich die Sorte 'Cabernet Sauvignon' aus einer Kreuzung von 'Cabernet franc' x 'Sauvignon' ergeben (SEFC et al., 1997; BOWERS and MEREDITH, 1997). Üblicherweise wurden und werden diese beiden Sorten gemeinsam gepflanzt und vinifiziert. Ähnliches kann von der Sorte 'Merlot' festgestellt werden, die sehr häufig mit 'Cabernet franc' gepflanzt wurde. Die große morphologische Ähnlichkeit dürfte auch Ursache für die häufigen Verwechslungen der beiden Sorten sein. Die genetische Analyse erlaubt eine klare Unterscheidung der beiden Sorten, zeigt aber auch die enge genetische Beziehung auf. Aufgrund der Morphologie gilt die Sorte 'Cabernet franc' als die ursprünglichere Rebe. Tatsächlich weist sie eine Allellänge auf, die sonst vor allem bei Wildreben (*Vitis silvestris*) zu finden ist. Das Allel am locus VVMD 7 mit der Länge 263 wurde überwiegend bei Wildreben gefunden und deutet auf die Auslese der Sorte 'Cabernet franc' aus Wildreben hin. Jedenfalls kann die Sorte für die Nachkommenschaft 'Merlot' und 'Cabernet Sauvignon' in Betracht gezogen werden.

Bei Neuzüchtungen mit definierter Herkunft wie z.B. bei der Sorte 'Bianca' lässt sich die Abstammung einfacher nachvollziehen. Die Allele der Sorte entsprechen weitgehend den Elternallelen, nämlich den Sorten 'Bouvier' und 'SV 12375 S1' (Eger1). Da es sich bei der Sorte 'Bianca' um eine pilzwiderstandsfähige Rebe handelt, scheint es nicht uninteressant, dass gewisse Allellängen von den sonst bei *Vitis vinifera* üblichen Allelen abweichen. Tatsächliche Kopplung von Resistenzzeigenschaf-

ten mit definierten Allelen kann aber nur anhand von Segregationsanalysen festgestellt werden.

Der Rebenzüchter Oberlin hat die Bedeutung der Sorte 'Riesling' zum Anlass genommen, um eine ganze Palette an 'Riesling'-Kreuzungen herzustellen (Tabelle 7). Einige dieser 'Riesling'-Derivate (AMBROSI et al., 1994) wurden in der genetischen Analyse auf ihre Abstammung hin untersucht. Die Sorte 'Reichsriesling', die ja eine 'Riesling'-Selbstung sein soll (AMBROSI et al., 1994), zeigte einerseits erstaunlich geringe Zunahme an homozygoten Allelen, jedoch an der Veränderung des genetischen Profils lässt sich die Selbstung als Zuchtvorgang erkennen. Entscheidend für die Erhaltung des hohen Heterozygotie-Grades dürfte jedoch auch die Selektion des entsprechenden Genotypes sein. Bei den Sorten 'Goldriesling', 'Beutelriesling', 'Augustriesling' und 'Firnriesling' konnte die 'Riesling'-Abstammung bestätigt werden. Für die Sorte 'Goldriesling' wird 'Courtillier musqué' und für 'August'- und 'Firnriesling' die Sorte 'Muskat St. Laurent' als zweiter Elternteil genannt. In allen Fällen konnte der zweite Elternteil anhand des zur Verfügung stehenden Sortenprofils nicht bestätigt werden. Da es sich bei diesen Kreuzungspartnern um seltene Sorten handelt, bleibt die Frage nach den tatsächlichen zweiten Elternteilen offen. Wesentlicher für die weinbauliche Bedeutung scheint aber die bestätigte 'Riesling'-Abstammung zu sein. Die Sorte 'Roter Riesling' ist genetisch mit der Sorte 'Weißer Riesling' ident. Die Sorte 'Blauer Riesling' stellt aber einen eigenständigen Genotyp dar, der keinen direkten genetischen Zusammenhang zur Sorte 'Weißer Riesling' erlaubt. Die Sorte wurde vermutlich aus Wildreben ausgelesen und aufgrund der Ähnlichkeiten in der Morphologie als 'Blauer Riesling' bezeichnet. Jedoch trägt die Sorte einige Allele, die auf eine ferne genetische Beziehung zur Sorte 'Riesling' hinweisen.

Danksagung

Einige Analysen von den hier dargestellten Rebsorten wurden durch das EU-Projekt GenRes 081 finanziert.

Literatur

- ALLEWELDT, G. 1988: The genetic resources of *Vitis*: Genetic and geographic origin of grape cultivars, their prime name and synonyms. 3. Aufl. – Siebeldingen: Bundesforschungsanstalt für Rebenzüchtung, 1988
- AMBROSI, H., DETTWEILER, E., RÜHL, E., SCHMID, J. and SCHUCHMANN, F. 1994: Farbatlas Rebsorten : 300 Sorten und ihre Weine. – Stuttgart: Ulmer, 1994

- BASSERMANN-JORDAN, F. 1975: Geschichte des Weinbaus. Vol. 2. 3.rd. edn. – Neustadt an der Weinstraße: Pfälz. Verlagsanstalt, 1975
- BOWERS, J.E., DANGL, G.S., VIGNANI, R. and MEREDITH, C.P. 1996: Isolation and characterization of new polymorphic simple sequence repeat loci in grape (*Vitis vinifera* L.). *Genome* 39: 628-633
- BOWERS, J.E. and MEREDITH, C.P. 1997: The parentage of a classic wine grape, 'Cabernet Sauvignon'. *Nature Genetics* 16: 84-86
- BOWERS, J.E., DANGL, G.S. and MEREDITH, C.P. 1999: Development and characterization of additional microsatellite DNA markers for grape. *Am. J. Enol. Vitic.* 50(3): 243-246
- DETTWEILER, E., JUNG, A., ZYPRIAN, E. and TÖPFER, R. 2000: Grapevine cultivar 'Müller-Thurgau' and its true to type descent. *Vitis* 39 (2): 63-65
- GALET, P. 1990: CÉPAGES et vignobles de France. Tome II: L'ampelographie française. 2^{ème} édition. – Montpellier: Dehan, 1990
- GOETHE, H. 1878: Handbuch der Ampelographie. – Berlin: Parey, 1878
- REGNER, F., STEINKELLNER, H., TURETSCHKE, E., STADLHUBER, A. and GLOSSL, J. 1996: Genetische Charakterisierung von Rebsorten (*Vitis v.*) durch Mikrosatelliten-Analyse. *Mitt. Klosterneuburg* 46: 52-60
- REGNER, F., SEFC, K., STEINKELLNER, H. and GLOESSL, J. 1998a: Identification, characterization and relationship of grapevines by microsatellite analysis. *Proc. VII Int. Symposium of Grapevine Breeding and Genetics, Montpellier. Acta Horticulturae*: (528): 133-138
- REGNER, F., STADLBAUER, A. and EISENHELD, C. 1998b: 'Heunisch' x 'Fränkisch', ein wichtiger Genpool europäischer Rebsorten (*Vitis vinifera* L. *sativa*). *Vitic. Enol. Sci.* 53:114-118
- REGNER, F. 2000: Genetische Analyse von Reben. *Dt. Weinbau-Jahrbuch* 51: 125-132
- REGNER, F., STADLBAUER, A. and EISENHELD, C. 2000a: Molecular markers for genotyping grapevine and for identifying clones of traditional cultivars. *Int. ISHS Symp. Molecular markers for characterizing genotypes and identifying cultivars in horticulture.* – Montpellier, 2000
- REGNER, F., WIEDECK, E. and STADLBAUER, A. 2000b: Differentiation and identification of 'White Riesling' clones by genetic markers. *Vitis* 39(3): 103-107
- SCHUHMAN, F. 1997: Rebsorten und Weinarten im mittelalterlichen Deutschland. In: *Weinwirtschaft im Mittelalter*, Bd. 9. – Heilbronn, 1997
- SEFC, K.M., STEINKELLNER, H., WAGNER, H.W., GLOSSL, J. and Regner, F. 1997: Application of microsatellite markers to parentage studies in grapevine. *Vitis* 36(4):179-183
- SEFC, K.M., REGNER, F., TURETSCHKE, E., GLOESSL, J. and STEINKELLNER, H. 1999: Identification of microsatellite sequences in *Vitis riparia* and their applicability for genotyping of different *Vitis* species. *Genome* 42: 367-373
- THOMAS, M.R. and SCOTT, N. 1993: Microsatellite repeats in grapevine reveal DNA polymorphisms when analysed as sequence-tagged sites (STSs). *Theor. Appl. Genetics* 86: 985-990
- THOMAS, M.R., MATSUMOTO, S., CAIN, P. and SCOTT, N. 1993: Repetitive DNA of grapevine : Classes present and sequences suitable for cultivar identification. *Theor. Appl. Genetics* 86: 985-990

Manuskript eingelangt am 10. November 2000