

Weiterentwicklung von Wissenstransfer und Informationssystemen zur nachhaltigen Nutzung reben genetischer Ressourcen

Further development of knowledge-transfer and information systems for a sustainable utilization of grapevine genetic resources

FKZ: 11NA014

Projektnehmer:

Julius Kühn-Institut (JKI)
Institut für Rebenzüchtung
Geilweilerhof, 76833 Siebeldingen
Tel.: +49 6345 41-0
Fax: +49 6345 41-179
E-Mail: zr@julius-kuehn.de
Internet: www.julius-kuehn.de/zr/

Autoren:

Röckel, Franco; Maul, Erika; Schreiber, Toni

Gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft.

Die inhaltliche Verantwortung für den vorliegenden Abschlussbericht inkl. aller erarbeiteten Ergebnisse und der daraus abgeleiteten Schlussfolgerungen liegt beim Autor / der Autorin / dem Autorenteam. Bis zum formellen Abschluss des Projektes in der Geschäftsstelle Bundesprogramm Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft können sich noch Änderungen ergeben.

Abschlussbericht

zum Vorhaben FKZ 2811NA014

Weiterentwicklung von Wissenstransfer- und Informationssystemen zur nachhaltigen Nutzung reben genetischer Ressourcen

Zuwendungsempfänger:	Julius Kühn-Institut (JKI) Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen Institut für Rebenzüchtung Arbeitsgruppe Reben genetische Ressourcen Dr. Erika Maul Geilweilerhof 76833 Siebeldingen
Vorhabenbezeichnung:	Weiterentwicklung von Wissenstransfer- und Informationssystemen zur nachhaltigen Nutzung reben genetischer Ressourcen
Laufzeit:	1.1.2014 bis 28.02.2017
Berichtszeitraum:	1.1.2014 bis 28.02.2017
Autoren:	Franco Röckel, Erika Maul, Toni Schreiber

Gefördert aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau (BÖLN)

Kooperationspartner:

- Bundessortenamt Prüfstelle Haßloch
67454 Haßloch 8
- Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum Rheinpfalz Neustadt-Mußbach
Abteilung Weinbau
67435 Neustadt-Mußbach
- Hochschule Geisenheim University
Fachgebiet Rebenzüchtung und Rebenveredlung
65366 Geisenheim
- Staatliches Weinbauinstitut Freiburg
Abteilung Weinbau
79100 Freiburg
- Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Wein- und Obstbau Weinsberg
Referat Rebenzüchtung und Rebenveredlung
74189 Weinsberg
- Bayerische Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau Veitshöchheim
97209 Veitshöchheim

Impressum

Julius Kühn-Institut (JKI)
Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
Institut für Rebenzüchtung
Geilweilerhof
76833 Siebeldingen
Dr. Erika Maul
Tel.: 06345/41-122
E-Mail: erika.maul@julius-kuehn.de

Kurzfassung

Von Anfang 2014 bis Februar 2017 fand eine umfangreiche Sortenidentifizierung in den sieben einzelnen Rebsortimenten der Deutschen Genbank Reben statt. Dadurch wurden Synonyme, Homonyme sowie Bezeichnungssirrtümer identifiziert, um Rebsorten mit gesicherter Sortenechtheit zur Abgabe sowie zur Züchtung auswählen zu können. Von allen untersuchten Akzessionen konnten 94,6% eindeutig bestimmt werden. Für besonders seltene und gefährdete Sorten wurde mit einer Duplikaterhaltung begonnen und Virustests in Auftrag gegeben. Weiterhin fand eine Überarbeitung des veralteten Internetauftritts der DGR (<http://www.deutsche-genbank-reben.julius-kuehn.de>) statt, um zusätzliche Rechercheoptionen und aktuelle Sicherheitsstandards zu realisieren. Zudem wurde eine Webanwendung zur geographischen Erfassung von Parzellen und Einzelstöcken (PLA; Pflanzen Lage Administration) sowie eine Android-basierte Bonitur-App entwickelt, um das fehlerfreie Arbeiten im Feld zu gewährleisten. Auf einer Vielzahl von Veranstaltungen wurde für On-Farm Management geworben und eine On-Farm Anlage am Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof erstellt. Im Internetauftritt der DGR wurde eine On-Farm Plattform geschaffen, die alle Aktivitäten bereits teilnehmender Winzer öffentlich darstellt.

Abstract

From the beginning of 2014 to February 2017 extensive variety identification in the seven individual repositories of the Deutsche Genbank Reben took place. Thus, synonyms, homonyms, and misnomers were identified in order to be able to select true-to-type varieties for exchange of material as well as breeding. 94.6% of all investigated accessions were clearly identified. For rare and endangered varieties, duplication was started and virus tests were ordered. Furthermore, the internet site of the DGR (<http://www.deutsche-genbank-reben.julius-kuehn.de>) was updated. A web application for the geographical recording of plots and individual vines (PLA; Pflanzen Lage Administration), as well as an Android-based app for evaluation was developed in order to ensure error-free work in the field. A large number of events were used to promote On-Farm management and an On-Farm vineyard at the institute of grapevine breeding Geilweilerhof was initiated. A platform was created on the internet site of the DGR to make the On-Farm activities of the participating winegrowers publically available.

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis	V
Abkürzungsverzeichnis	VII
Tabellenverzeichnis	VIII
1. Einführung	1
1.1. Gegenstand des Vorhabens	1
1.2. Ziele und Aufgabenstellung des Projekt.....	1
1.3. Planung und Ablauf des Projekts	2
2. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde	6
3. Material und Methoden	7
3.1. Material.....	7
3.1.1. Geräte	7
3.1.2. Kits und Primer / Verbrauchsmaterial	7
3.1.3. Pflanzenmaterial.....	7
3.2. Methoden	8
3.2.1. DNA-Extraktion.....	8
3.2.2. SSR-Markeranalyse.....	8
3.3. Sortenidentifizierung	11
3.4. Programmierungen	11
4. Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse	13
4.1. Sortenidentifizierung	13
4.1.1. BSA Prüfstelle Hassloch.....	13
4.1.2. LWG Veitshöchheim.....	14
4.1.3. WBI Freiburg	14
4.1.4. DLR Neustadt-Mußbach	15
4.1.5. HGU Geisenheim	15
4.1.6. LVWO Weinsberg.....	16
4.1.7. IRZ Geilweilerhof	16
4.1.8. Zusammenfassung	17

Bewertung agronomischer Merkmale seltener historischer Sorten.....	17
4.2. Programmierungen	18
4.2.1. DGR	18
4.2.2. Android-App	33
4.2.3. PLA	35
4.3. On-Farm Management.....	37
4.3.1. Ausgangslage.....	37
4.3.2. Neue Erkenntnisse zu seltenen historischen Rebsorten	38
4.3.3. Erstellung einer neuen On-Farm Anlage am Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof	39
4.3.4. Bewerbung der On-Farm Erhaltung.....	43
4.3.5. Dokumentation der On-Farm Weingüter in der DGR.....	45
4.4. Duplikaterhaltung.....	46
4.5. Virustests.....	50
5. Diskussion der Ergebnisse	53
5.1. Sortenidentifizierungen	53
5.2. Programmierungen	54
5.3. On-Farm Management.....	55
5.4. Duplikaterhaltung / Virustests	57
6. Angaben zum voraussichtlichen Nutzen und zur Verwertbarkeit der Ergebnisse	59
7. Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen; Hinweise auf weiterführende Fragestellungen.....	60
8. Zusammenfassung.....	63
9. Veröffentlichungen.....	64
10. Anhang.....	66
11. Literaturverzeichnis	67

Abkürzungsverzeichnis

BSA	Bundessortenamt
DGR	Deutsche Genbank Reben
DLR	Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum Rheinpfalz
HGU	Hochschule Geisenheim University
IRZ	Institut für Rebenzüchtung
JKI	Julius Kühn-Institut
LVWO	Staatliche Lehr- und Versuchsanstalt für Wein- und Obstbau
LWG	Bayerische Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau
SMTA	Standard Material Transfer Agreement
SSR	Simple Sequence Repeat
USDA	United States Department of Agriculture
WBI	Staatliches Weinbauinstitut

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Entwicklung der Akzessionsanzahl der DGR seit der Gründung im Jahr 2010.....	8
Tabelle 2: Liste der in diesem Projekt verwendeten SSR-Marker zur Genotypisierung. Chr = Chromosom.	10
Tabelle 3: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Hassloch.....	14
Tabelle 4: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Veitshöchheim.	14
Tabelle 5: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Freiburg.	15
Tabelle 6: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Neustadt-Mußbach.	15
Tabelle 7: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Geisenheim.....	15
Tabelle 8: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Weinsberg.....	16
Tabelle 9: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Siebeldingen.....	17
Tabelle 10: Zusammenfassung der Sortenidentifizierung aller untersuchten Standorte.	17
Tabelle 11: Historische Sorten, die zur On-Farm Erhaltung in eine neue Parzelle am Geilweilerhof gepflanzt wurden.....	41
Tabelle 12: Zur On-Farm Erhaltung vorgesehene Sorten.....	42
Tabelle 13: Zur Duplikaterhaltung vorgesehene Akzessionen.....	48
Tabelle 14: Akzessionen die bereits erfolgreich am IRZ Geilweilerhof dupliziert wurden.....	49
Tabelle 15: Akzessionen, die für einen Virustest vorgesehen sind.....	50

1. Einführung

1.1. Gegenstand des Vorhabens

Die genetischen Ressourcen einer Kulturpflanze umfassen die Gesamtheit des erblichen Materials (kreuzbare Verwandte), welches von augenblicklichem oder potenziellem Nutzen für den Menschen ist. Entstanden ist dieser Begriff ursprünglich im Zeitraum von 1965 bis 1970, als der Verlust der biologischen Vielfalt (Gen-Erosion) erstmals öffentlich wahrgenommen und thematisiert wurde. Später wurde im Rio-Protokoll der Vereinten Nationen von 1992 dem Schutz der Biodiversität eine besonders hohe Priorität eingeräumt. Dieses Protokoll beinhaltet sowohl die noch unbekanntesten Arten in unerforschten Gebieten unserer Erde zu entdecken und zu konservieren als auch unsere eigene, einheimische biologische Vielfalt für zukünftige Generationen nachhaltig zu schützen. Deshalb wurde 2002 ein Nationales Fachprogramm verabschiedet, das Ziele sowie Maßnahmen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen aufführt.

Speziell für den Weinbau nimmt der deutschsprachige Raum aufgrund seiner nördlichen Lage eine Sonderstellung ein, da im Laufe der Jahrhunderte hier Sorten entstanden sind, die an unser kühleres Klima angepasst sind. Dabei gingen viele traditionelle Rebsorten mit kulturhistorischem Hintergrund, von denen schätzungsweise 300 in der Vergangenheit an Bedeutung gewonnen haben, durch das Roden alter Weinberge, Flurbereinigungsmaßnahmen oder z.B. das Umstellen auf modernen Weinbau unwiederbringlich verloren, obwohl gerade diese besonders geschützt werden sollten. Deshalb wurde im Jahr 2010 die Deutsche Genbank Reben (<http://www.deutsche-genbank-reben.julius-kuehn.de/>) gegründet. Als dezentrales Genbanknetzwerk mit sieben Partnereinrichtungen dient sie dazu die nationalen Erhaltungsbestrebungen zu koordinieren.

1.2. Ziele und Aufgabenstellung des Projekt

Die Sortimentsinhalte der sieben Partner der Deutschen Genbank Reben (DGR) waren aufgrund fehlender akzessionsbeschreibender Daten nicht untereinander abgestimmt. Dabei ist gerade die exakte Beschreibung und Dokumentation der genetischen Ressourcen eine Grundvoraussetzung für ihre Sicherung und nachhaltigen Nutzung. So zeigte auch schon das Projekt „Erfassung rebengentischer

Ressourcen in Deutschland“ (ARGE; Januar 2007 – März 2010), dass die derzeitigen Sortimentsbestände schon lange nicht mehr die einst dagewesene Vielfalt widerspiegeln. Deshalb war es dringend nötig, das verbliebene genetische Material bzgl. Sortenechtheit („trueness-to-type“) zu untersuchen, um so eine Grundlage zu einer gezielten Duplikaterhaltung innerhalb der Kooperationssortimente zu schaffen.

Einzelziele des Vorhabens:

- Überprüfung der Sortenidentität anhand des genetischen Fingerabdrucks sowie Ampelographie
- Überarbeitung des veralteten Internetauftritts der DGR sowie Programmierung neuer Optionen wie z.B. einer Bestellmöglichkeit inklusive automatischer Datenerfassung zur Weiterleitung der SMTAs
- Erstellung einer Liste besonders gefährdeter Akzessionen (Prioritätenbildung) in Absprache mit den einzelnen Partnern zur optimierten Duplikaterhaltung
- Erstellung einer Neuanlage zum On-Farm Management mit besonders gefährdeten Akzessionen und Werbung im Weinbau für weitere Anlagen
- Überprüfung des Virusstatus seltener und historischer Akzessionen zur Qualitätssicherung des genetischen Materials
- Wissenstransfer der erzielten Ergebnisse in die Weinbaupraxis, Weinwissenschaft sowie die Öffentlichkeit generell

1.3. Planung und Ablauf des Projekts

Die durchgeführten Arbeiten teilten sich innerhalb des JKI zwischen den Standorten Siebeldingen (Arbeitsgruppe Rebengenetische Ressourcen, Teilgebiet 1) und Quedlinburg (Programmierungen, Teilgebiet 2) auf.

Teilgebiet 1 - Genotypisierung:

Da vor allem in der ersten Hälfte der Vegetationsperiode der Weinrebe junges und gesundes Blattmaterial vorhanden ist, wurden zur Erhebung des genetischen Fingerabdrucks bis Mitte 2014 die Blattsammlungen der einzelnen Sortimente abgeschlossen. Dazu wurden zuvor anhand der Pflanzpläne mit Hilfe der einzelnen Kuratoren Pflanzenlisten erstellt, um anschließend die Blattprobennahmen zu organisieren und folglich Falschsammlungen zu vermeiden. Anschließend wurde bis zum Projektende sortimentweise die DNA extrahiert und der genetische

Fingerabdruck erhoben, die Auswertung der Daten vorgenommen und so sukzessive die Sortimente bearbeitet. Im Jahr 2014 erfolgte parallel dazu eine umfangreiche Einarbeitung in die Ampelographie, so dass jeweils ca. die Hälfte der ampelographischen Überprüfungen im Sommer 2015 bzw. 2016 erfolgen konnten. Der Fokus wurde dabei zuerst auf Akzessionen gelegt, bei denen der Akzessionsname nicht mit dem Ergebnis des genetischen Fingerabdrucks übereinstimmte, um eventuelle Falschsammlungen auszuschließen.

Eine entsprechende Liste mit einzigartigen *Vitis vinifera*-Akzessionen, die besonders gefährdet sind, konnte entsprechend am Ende des Projekts nach der Sortenidentifikation der einzelnen Sortimente fertiggestellt werden. Mit der Duplikaterhaltung der wichtigsten Akzessionen wurde 2016 begonnen. Diese wird voraussichtlich erst 2018 abgeschlossen werden. Analog dazu wurde 2016 eine Liste für entsprechende Virustestungen erstellt. Das Probenmaterial wurde im Herbst nach dem Laubfall gesammelt und nach Geisenheim zur Testung transferiert. Bis Ende 2017 ist mit den entsprechenden Ergebnissen zu rechnen, die anschließend in die bestehende Datenbankstruktur eingepflegt werden sollen.

Zur On-Farm Erhaltung wurde am Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof eine komplette Parzelle mit historischen Rebsorten (10 - 20 Stock pro Akzession) gepflanzt, um die Weine der entsprechenden Sorten der breiten Öffentlichkeit vorstellen zu können. Zusätzlich wurde auf vielen Veranstaltungen und Konferenzen auf das Projekt aufmerksam gemacht, um Winzer für die On-Farm Erhaltung zu gewinnen. Generell lag hier der Fokus auf wiedergefundene alte Rebsorten aus dem BLE-Projekt Nr. 05BE008.

Teilgebiet 2 - Programmierung:

PLA

Zu Beginn des Projektes wurde zunächst eine eigenständige Webanwendung mit dem Namen Pflanzen Lage Administration (PLA) entwickelt, welche für die Lokalisierung der Akzessionen am Standort Siebeldingen verwendet wird und eine GPS-basierte Identifikation der Akzessionen erlaubt. Diese Anwendung verwaltet die genauen GPS-Koordinaten der einzelnen Rebstöcke. Über diese GPS-Koordinaten können später durch Nutzung der Android-basierten Bonitur-App Merkmals- und Evaluierungsdaten automatisch den Rebstöcken/Akzessionen in der Datenbank

zugewiesen werden. Hierfür wurden zunächst in Abstimmung mit den Wissenschaftlern in Siebeldingen alle nötigen Parameter besprochen, eine Datenbank modelliert und eine Webanwendung auf Basis des Yii-Frameworks entwickelt.

DGR Strukturelle Überlegungen

Anschließend erfolgte die Entwicklung der Webanwendung Deutsche Genbank Reben (DGR). Dafür wurden zunächst die Datenbankmodelle der zwei bereits bestehenden lokalen Rebandatenbanken am Geilweilerhof aus denen sich die DGR speist analysiert und verglichen: die Genbank *Vitis* (GBVitis) und die Europäische *Vitis* Datenbank (EUVitis)). Da beide Datenbankstrukturen nicht mehr zeitgemäße Überschneidungen aufweisen wurde zunächst nach konzeptionellen Möglichkeiten gesucht GBVitis und EUVitis in eine neue große Datenbank zu überführen. Die aus datenbanktechnischer Sicht gewünschte und favorisierte Lösung musste aufgrund von fachlichen Gesichtspunkten verworfen werden. Die fachlichen Aspekte lagen darin begründet, dass die Einträge in der EUVitis analog der Planung für die Deutsche Genbank Reben auf den importierten Daten der Sammlungs-Partner beruhen, während die wissenschaftlich belegten Inhalte der GBVitis nur durch das JKI Geilweilerhof gepflegt werden.

DGR Umsetzung

Somit ergab sich für die Webapplikation Deutsche-Genbank-Reben (DGR) die folgende Beziehung zu GBVitis und EUVitis: die wissenschaftlich validierten Passportdaten werden aus GBVitis entnommen, für die Akzessionsdaten dient die Struktur von EUVitis. In die Webapplikation DGR werden durch die DGR-Partner ausschließlich die Akzessionsdaten importiert und mit den in der Regel „unveränderlichen“ Sortenfakten aus GBVitis verknüpft. Die Möglichkeit der Online-Modifikation an Einzeldatensätzen in der DGR Webanwendung durch die Kuratoren besteht. Jeder Import und jegliche Änderung an den Akzessionsdaten bedingt automatisch eine Nachricht an das JKI Geilweilerhof zur Freischaltung der Datensätze.

Bedingt durch den schnellen Wandel der Programmiermöglichkeiten stellte sich heraus, dass die ursprüngliche Webanwendung mit mittlerweile überholten Programmierparadigmen geschrieben war. Dies schloss eine einfache Erweiterung

der DGR-Webseite aus. Daher musste diese Anwendung vollständig neu entwickelt werden. Dazu wurde das Programmierwerkzeug Yii Framework eingesetzt.

Android App

Zur Verbesserung der Arbeitseffizienz sollten Daten im Weinberg elektronisch erhoben werden, um die Nachbereitungszeiten beim Übertragen der handschriftlichen Notizen in Excel-Tabellen zu verkürzen und Fehler zu vermeiden. Für diesen Zweck wurde eine Android-App entwickelt, die die Erhebungsdaten direkt in eine Excel-Datei speichert. Zusatzinformationen zur Darstellung der bonitierten Merkmale wurden eingepflegt, die dann für die jeweils durchgeführte Bonitur abrufbar sind.

2. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

Der genetische Fingerabdruck mittels sogenannter SSR-Marker (simple sequences repeats; auch Mikrosatelliten genannt) wird in Kombination mit einer ampelographischen Beurteilung weltweit routinemäßig eingesetzt, um die Identität der einzelnen Akzessionen in den Rebsortimenten zu beschreiben. SSR basieren auf Längenunterschieden von PCR-Amplifikaten, die für die elterlichen Haplophasen charakteristisch und somit sortentypisch sind. Aufgrund der vegetativen Vermehrung der Rebe sind SSR-Profile konstant und liefern nach Korrektur laborabhängiger Fehler (s.u.) vergleichbare Daten. Als sortenecht („true-to-type“) gilt dabei eine Akzession erst, wenn der genetische Fingerabdruck und die Ampelographie eindeutig zur gleichen Sorte passen.

Das Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof hat bereits in zwei großen EU-Projekten (1997 - 2002 und 2007 - 2011) mit den wichtigsten europäischen Rebsammlungen zusammengearbeitet und entscheidend dazu beigetragen, die SSR-Markertechnik erfolgreich international zu etablieren. Dabei hat sich gezeigt, dass laborabhängig die einzelnen Rohdaten der verschiedenen Marker stark schwanken können und entsprechend in der Auswertung zu unterschiedlichen Ergebnissen führen. Die Kodierung der Werte anhand vorher definierter Referenzsorten, die in allen Laboren als Grundwerte für die entsprechenden Allellängen verwendet wurden, führte auf internationaler Ebene zu einer Vergleichbarkeit der Daten und ermöglicht folglich eine sichere Sortenidentifikation. Die Arbeiten von Maul *et al.* (2013) bzgl. der Untersuchung von 67 deutschen Neuzüchtungen sowie Laucou *et al.* (2011) und Lacombe *et al.* (2013), die das weltweit größte Rebsortiment in Montpellier genotypisierten, stellen dabei grundlegende Vorarbeiten dar, an denen dieses Projekt nahtlos anknüpft.

Die Deutsche Genbank Reben wurde im Frühjahr 2010 gegründet und die dazugehörige Datenbank am 9. Juli 2010 freigeschaltet. Die alte DGR beruhte auf der damaligen PHP Version, die noch keine Sicherheitsupdates enthielt. Somit war der Wechsel auf eine neuere Programmiersprache und Programmversion mehr als überfällig. Darüber hinaus war die Seite nicht gegen Angriffe aus dem weltweiten Netz (z.B. SQL-Injection) gewappnet. SQL-Injection bedeutet Angreifer könnten durch gezielte Eingaben die Datenbank verändern, abfragen oder sogar löschen. Diese und weitere Angriffsmöglichkeiten mussten dringend ausgeschlossen werden.

3. Material und Methoden

3.1. Material

3.1.1. Geräte

Geräte	Hersteller
ABI 3130xl Genetic Analyzer	Applied Biosystems, Darmstadt
ABI 9700 Thermocycler	Applied Biosystems, Darmstadt
Gefriertrocknung Beta 1102	Christ, Osterode
Gerhardt RO30 Schüttelmaschine	C. Gerhardt GmbH + Co. KG, Königswinter
Liquidator96	Steinbrenner Laborsysteme, Wiesenbach
Mikroplatten-Reader CLARIOstar	BMG Labtech GmbH, Ortenberg
Pipettierroboter FasTrans	AnalytikJena, Jena
Schwingmühle Tissue-Lyser	Qiagen GmbH, Hilden
Vortex-Genie2	Scientific Industries, Bohemia, USA
Waage Precision Advanced	Ohaus, Florham, USA

3.1.2. Kits und Primer / Verbrauchsmaterial

Kits und Primer	Hersteller
KAPA2G Fast Multiplex ReadyMix	Kapa Biosystems Inc., Wilmington, Massachusetts, USA
DNeasy 96 Plant Kit	Qiagen GmbH, Hilden
Primersynthese inkl. 5'-Label	Metabion, Planegg-Martinsried

Verbrauchsmaterialien	Hersteller
96er Deepwell-Platten	ABgene, Epsom, UK
96er PCR-Platten	Kisker Biotech GmbH + Co. KG, Steinfurt
Reaktionsgefäße (1,5 und 2 ml)	Eppendorf AG, Hamburg

3.1.3. Pflanzenmaterial

Die analysierten Akzessionen (4186) stammten alle aus den zur DGR gehörenden Rebsortensammlungen. Die aktuelle Anzahl der untersuchten Akzessionen pro Standort, die sich seit der Gründung der DGR leicht reduziert hat, ist in Tabelle 1 aufgeführt.

Tabelle 1: Entwicklung der Akzessionsanzahl der DGR seit der Gründung im Jahr 2010.

Standort	Instituts-code	Akzessionen in der DGR (aktuell)	Akzessionen in der DGR (Gründung)	Veränderung der Akzessionsanzahl
Geisenheim	DEU454	299	316	-17
Neustadt-M.	DEU363	235	238	- 3
Veitshöcheim	DEU457	57	42	+15
Weinsberg	DEU456	620	671	-51
Hassloch	DEU616	8	8	0
Freiburg	DEU455	79	82	-3
Geilweilerhof	DEU098	2888	2867	+21
	Summe	4186	4224	-38

3.2. Methoden

3.2.1. DNA-Extraktion

Zur Extraktion der DNA wurde etwa 1 cm² junges Blattmaterial pro Akzession in einer 96er Deepwell-Platte gesammelt und lyophilisiert. Nach Homogenisierung des Pflanzenmaterials in einer Schwingmühle erfolgte die anschließende DNA-Extraktion mit dem DNeasy 96 Plant Kit nach Anleitung des Herstellers. Die Konzentration und Reinheit aller Proben wurde spektralphotometrisch mit dem Mikroplatten-Reader CLARIOstar nach Handbuch bestimmt.

3.2.2. SSR-Markeranalyse

Zur SSR-Markeranalyse wurde eine PCR im Multiplexverfahren mittels KAPA2G Fast Multiplex ReadyMix eingesetzt. Dazu wurde eine 10 µl Reaktion mit jeweils 1 - 2 ng gDNA, 10 µM je Primer und 1 x KAPA Multiplex-Mix (enthält dNTPs und DNA-Polymerase) eingesetzt. Ein Primer jedes SSR-Markers wurde zuvor am 5'-Ende mit einem Fluoreszenzfarbstoff (6-FAM, HEX, TAMRA oder ROX) markiert. Die Amplifikation erfolgte in ABI 9700 Thermocyclern unter folgenden Bedingungen: 1) Initiale Denaturierungsphase bei 95 °C für 3 min, 2) 30 Zyklen mit jeweils 95 °C für 15 s (Denaturierung), 60 °C für 30 s (Annealing) sowie 72 °C für 30 s (Elongation) und 3) finale Elongation für 7 min bei 72 °C. Anschließend wurde das PCR-Produkt 1:3 (bei zu hoher Ausbeute auch 1:5 oder 1:10) verdünnt und jeweils 1 µl mit 12 µl H₂O und 0,5 µl Größenstandard gemischt. Der Größenstandard wurde am Institut für

Rebenzüchtung Geilweilerhof hergestellt, besitzt eine BODIPY 639/650-Markierung und deckt einen Bereich von 35 bis 500 bp ab. Die Fragmentlängenanalyse erfolgte auf einem 16-Kapillar-Sequenzier (ABI 3130xl Genetic Analyzer) und wurde mit der Software GeneMapper 5.0 ausgewertet. Die in dieser Arbeit verwendeten 27 SSR-Marker zur Genotypisierung sind in Tabelle 2 aufgeführt.

Ursprünglich waren diesbezüglich 22 SSR-Marker eingeplant, jedoch zeigte sich zu Beginn der Auswertungen, dass zusätzliche, international viel benutzte SSR-Marker, die Sortenidentifizierung deutlich vereinfachen und beschleunigen. So wurde z.B. das komplette Sortiment des USDA (United States Department of Agriculture) mit nur acht SSR-Markern genotypisiert, von denen aber nur sechs in diesem Projekt vorgesehen waren. Da es aber gerade für das vielfältige genetische Material mit Resistenzhintergrund des Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof keine weiteren internationalen Referenzen gab, wurde das Sortiment zusätzlich mit den zwei verwendeten Markern der USDA-Datenbank (VVMD31 und VVMD34) analysiert, um eine sichere Identifizierung zu gewährleisten. Auch die drei anfangs eingeplanten Chloroplastenmarker zur Bestimmung des Chlorotyps konnten in der Praxis nicht überzeugen, so dass auf ein umfangreich getestetes System mit neun Markern umgestiegen wurde. Dazu wurden zur Bestimmung des Chlorotyps die neun SSR-Marker (cpSSR3, cpSSR5, cpSSR10, NTCP-8, NTCP-12, ccSSR5, ccSSR9, ccSSR14, ccSSR23) aus Arroyo-Garcia *et al.* (2006) verwendet, die spezifisch auf dem Chloroplastengenom binden.

Tabelle 2: Liste der in diesem Projekt verwendeten SSR-Marker zur Genotypisierung. Chr = Chromosom.

Markername	Chr	Phys. Position PN40024 (12x)	forward Primer	reverse Primer	Fragmentgröße [bp] im Bereich von	SSR-Motiv	Referenz
VVIP60	1	8803413	GGGGAATAACTAAATTGAGGAT	GTATGAATGCGGATAGTTTGTG	310	(TG)(AG)	Merdinoglu <i>et al.</i> (2005)
VVIB01	2	2349171	TGACCCTCGACCTTAAATCTT	TGGTGAGTGCAATGATAGTAGA	292	CT	Merdinoglu <i>et al.</i> (2005)
APT3_Indel	2	ca. 5020000	CGTATTCTTGACAAAATGTTGCTT	AAACTCAGCCCTCCCTCAGT	268/397/336/466	Indel	Fechter <i>et al.</i> (2012)
VVMD34	2	3729827	GGTACATCAGTACTTGAAATGGTTGC	TTCTCCGTAGAAGCGTAAACAGC	220	CT	Bowers <i>et al.</i> (1999)
VVMD28	3	11617504	AACAATTCAATGAAAAGAGAGAGAGA	TCATCAATTCGTATCTCTATTTGCTG	227	CT	Bowers <i>et al.</i> (1999)
VVMD32	4	18035578	TATGATTTTTTAGGGGGTGAGG	GGAAAGATGGGATGACTCGC	256	CT	Bowers <i>et al.</i> (1999)
VRZAG83	4	20260318	GGCGGAGGCGGTAGATGAGAGGGCG	ACGCAACGGCTAGTAAATACAACGG	158	TC	Sefc <i>et al.</i> (1999)
VVMD27	5	4472022	GTACCAGATCTGAATACATCCGTAAGT	ACGGGTATAGAGCAAACGGTGT	188	CT	Bowers <i>et al.</i> (1999)
VrZAG79	5	5692460	AGATTGTGGAGGAGGGAACAAACCG	TGCCCCATTTTCAAACCTCCCTTCC	254	GA	This <i>et al.</i> (2004)
VVMD21	6	13758806	GGTTGTCTATGGAGTTGATGTTGC	GCTTCAGTAAAAGGGATTGCG	230	CT	Bowers <i>et al.</i> (1999)
VVMD7	7	1178552	AGAGTTGCGGAGAACAGGAT	CGAACCTTCACACGCTTGAT	241	CT	Bowers <i>et al.</i> (1996)
VrZAG62	7	1767002	GGTGAAATGGGCACCGAACACACGC	CCATGTCTCTCCTCAGCTTCTCAGC	200	TC	This <i>et al.</i> (2004)
VVMD31	7	4873096	CAGTGTTTTTCTTAAAGTTTCAAGG	CTCTGTGAAAGAGGAAGAGACGC	211	CT	Bowers <i>et al.</i> (1999)
VMC1B11	8	14039392	CTTTGAAAATTCCTTCCGGGTT	TATTCAAAGCCACCCGTTCTCT	188	GA	Zyprian & Töpfer (2005)
VVIQ52	9	21558043	TAAAAGGATGGTAGATGACAGA	ACAGGAAAGTGTTCATGGTTA	85	TC	Merdinoglu <i>et al.</i> (2005)
VRZAG67	10	1447733	ACCTGGCCCCGACTCCTCTTGATGC	TCCTGCCGCGGATAACCAAGCTATG	172	(TC)(TA)	Sefc <i>et al.</i> (1999)
VVIV37	10	11032334	TTTTCTCCCTACTCTTAACTTC	GGTAGACCTTCAAATGAAGTAA	161	TC	Merdinoglu <i>et al.</i> (2005)
VVMD25	11	2971693	TTCCGTTAAAGCAAAGAAAAAGG	TTGGATTTGAAATTTATTGAGGGG	244	CT	Bowers <i>et al.</i> (1999)
VVS2	11	3909894	CAGCCCGTAAATGTATCCATC	AAATTCAAAATTCTAATTCAACTGG	151	TC	This <i>et al.</i> (2004)
VMC4F3.1	12	13067657	AAAGCACTATGGTGGGTGTA	TAACCAATACATGCATCAAGGA	202	CT	Di Gaspero <i>et al.</i> (2000)
VVIH54	13	3333487	CCGCACTTGTGTGAATTTGAG	CAAACCGTTTTTACACCAGCAG	166	GA	Merdinoglu <i>et al.</i> (2005)
VVMD24	14	24251864	GTGGATGATGGAGTAGCACGC	GATTTTAGGTTTCATGTTGGTGAAGG	214	CT	Bowers <i>et al.</i> (1999)
VVIV67	15	10897392	TATAACTTCTCATAGGGTTTCC	TTGGAGTCCATCAAATTCATCT	354	AG	Merdinoglu <i>et al.</i> (2005)
VVMD5	16	20442394	CTAGAGCTACGCCAATCCAA	TATACAAAAATCATATTCCTAAA	227	TC	Bowers <i>et al.</i> (1996)
VVIN73	17	5504409	TACTTCACCTAACAATACAGCT	AATACATAAGGTGAAGATGCCT	266	AC	Merdinoglu <i>et al.</i> (2005)
VVIN16	18	23389846	ACCTCTATAAGATCCTAACCTG	AAGGGAGTGTGACTGATATTC	155	CA	Merdinoglu <i>et al.</i> (2005)
VVIP31	19	6697524	TATCCAAGAGACAAATCCCAC	TTCTTTGTTTCTGCAAATGG	190	GA	Merdinoglu <i>et al.</i> (2005)

3.3. Sortenidentifizierung

Zur Bestimmung der einzelnen Sortenidentitäten nutzt das Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof in Siebeldingen eine umfangreiche Markerdatenbank, die mittlerweile die genetischen Fingerabdrücke von über 3500 bekannten Rebsorten umfasst. Dazu wurden die veröffentlichten Markerdaten von über 300 wissenschaftlichen Artikeln sowie weiteren nationalen Genbanken (z.B. Italien *Vitis* Database; <http://www.vitisdb.it/>) zusammengetragen und an ein standardisiertes Allellängensystem angepasst, um die Vergleichbarkeit aller Daten zu gewährleisten. Zusätzlich wurde die Software IDENTITY4 (ver 4.0; Centre for Applied Genetics, University of Agricultural Sciences, Vienna) sowie ein eigens entwickeltes Excel-Makro verwendet, um die neu erhobenen genetischen Profile mit der Datenbank abzugleichen.

Der ampelographische Abgleich der einzelnen Akzessionen erfolgte nach der genetischen Analyse am *ex situ*-Standort der DGR. Dazu wurden zuvor in wochenlanger Vorbereitung vor allem Bilder und ampelographische Beschreibungen der zu untersuchenden Sorten zusammengetragen (siehe Anlage 3; Beispiel Geisenheim: Blattfotos), um die entsprechenden relevanten Merkmale zur Identifizierung vor Ort vergleichen zu können.

3.4. Programmierungen

Das Yii Framework ist ein open-source, komponentenbasiertes, objektorientiertes Grundgerüst für die Datenbankprogrammierung. Es wird von vielen Menschen aus verschiedenen Ländern entwickelt und legt sehr viel Wert auf Performance und Sicherheit und hält sich an in vielen Projekten bewährte Richtlinien, wie zum Beispiel die Model View Controller (MVC) Logik, die eine Trennung der Programmlogik, Daten und Darstellung vorschreibt.

Beruhend auf der Tatsache, dass der Programmcode des Yii Framework öffentlich zugänglich ist und viel genutzt wird, wird es auch stetig weiterentwickelt. Zurzeit beteiligen sich fast 800 Entwickler an der aktuellen Version des Frameworks und kontrollieren sich dabei gegenseitig.

Yii bringt bereits sehr viele Sicherheitsfeatures mit der Grundinstallation mit. Dank eines einfach zu konfigurieren Rechte und Rollen Konzepts ist es beispielsweise möglich, dass die Nutzer der DGR nur ihre eigenen Daten editieren können. Weiter werden auch andere Sicherheitsrisiken wie Cross-site Scripting oder Cross-Site Request Forgery auf den Seiten der DGR unterbunden. Dabei handelt es sich um verschiedenste Angriff-Maßnahmen, um an Daten zu gelangen oder diese zu manipulieren.

Die PLA wurde in der Version eines Yii-Frameworks implementiert und ist eine interne Webanwendung, die lediglich im Netz des JKI aufrufbar ist. Dennoch verfügt diese Anwendung auch über viele Sicherheitsmechanismen, die das Yii-Framework bereits in der ersten Version unterstützt. Die DGR hingegen wurde bereits in der zum Zeitpunkt der Entwicklung neu erschienenen Yii-Version 2 entwickelt.

Die Webanwendung der DGR läuft auf einem Ubuntu Webserver der mit der PHP Version 5.6 arbeitet. Dies ist zwar nicht die aktuellste PHP-Version, wird jedoch noch bis Ende 2018 mit Sicherheitsupdates versorgt. Im nächsten Jahr 2018 werden die Webserver im Julius Kühn Institut auf die dann neuste LTS (Long-term support) Version von Ubuntu migriert. Anschließend laufen die Webserver wieder auf der neusten PHP Version 7.1. Die DGR ist bereits jetzt mit dieser Version kompatibel, so dass die Umstellung im nächsten Jahr automatisch erfolgt.

Die Android-App „JKI-Bonitur“ hingegen ist in Java geschrieben und ist mit allen bekannten im JKI eingesetzten Tablets kompatibel und kann, trotz den auf die Siebeldinger Anforderungen zugeschnittenen Anwendungen, theoretisch auch JKI-weit eingesetzt werden.

4. Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

4.1. Sortenidentifizierung

Die ausführlichen Ergebnisse der Sortenidentifizierung aller der DGR-angehörigen Akzessionen sind in Anlage 1 aufgeführt. Eine Klassifizierung der einzelnen Akzessionsnamen erfolgte dabei nach der Identifizierung anhand eines international etablierten Schemas:

- 1) Name richtig: true name (Akzessionsname stimmt mit Leitname überein), synonym, homonym, alternative spelling (Bsp.: Cardinal = Kardinal), dialectic term
- 2) Name falsch: misnomer (Akzessionsname gehört zu einer anderen Sorte)
- 3) Name unklar: confusing name (Akzessionsname deutet auf mindestens zwei verschiedene Sorten hin), identification (Akzessionsname enthält keinen Bezug zu einer Sorte)

Konnte eine Akzession nicht eindeutig identifiziert werden, erfolgte, in der Kategorie Sortenechtheit, die Einteilung in „keine Referenz“ (weder eine ampelographische Beschreibung noch ein genetischer Fingerabdruck liegt vor; angegebene Abstammung passt nicht) oder „unklar“ (Sortenidentität ist generell nicht eindeutig geklärt).

4.1.1. BSA Prüfstelle Hassloch

Das kleinste Sortiment der DGR beinhaltet ausschließlich alte autochthone Rebsorten des deutschsprachigen Raums zur Erhaltung. Viele Neuzüchtungen und weitere Sorten die vor Ort auf ihre weinbauliche Eignung getestet werden, bedürfen keiner besonderen Erhaltung und sind demnach nicht in der DGR aufgeführt.

Zwei der acht Akzessionen (siehe Tabelle 3) erwiesen sich als Fehlbenennungen. Es handelte sich um die Akzessionen Weißer Heunisch, der eindeutig als Chasselas Blanc und Blauer Kölner der eindeutig als Enfariné Noir identifiziert werden konnte (siehe Anlage 1). Beide Fehlbenennungen finden sich auch in anderen Sortimenten der DGR wieder, da die falschbenannten Akzessionen untereinander ausgetauscht wurden.

Tabelle 3: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Hassloch.

DEU616	Akzessionen	[%]	Name richtig	[%]	Name falsch	[%]	Name unklar	[%]
sortenecht	8	100	6	75	2	25,00	-	0,00
keine Zuordnung möglich	-	0,00						
Gesamt	8							

4.1.2. LWG Veitshöchheim

Die Bayerische Landesanstalt für Weinbau und Gartenbau in Veitshöchheim pflegt ein verhältnismäßig kleines Rebsortiment, das hauptsächlich alte autochthone Rebsorten des deutschsprachigen Raums sowie eigene Neuzüchtungen des 20. Jahrhunderts beinhaltet (siehe Anlage 1). Keine der untersuchten Akzessionen war falschbenannt, jedoch konnten drei Akzessionen ohne Referenz nicht identifiziert werden (siehe Tabelle 4). Die nicht identifizierbaren Akzessionen sind dabei Aufsammlungen (z.B. aus Münnerstadt oder Laudenbach) und besitzen einzigartige genetische Fingerabdrücke.

Tabelle 4: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Veitshöchheim.

DEU457	Akzessionen	[%]	Name richtig	[%]	Name falsch	[%]	Name unklar	[%]
sortenecht	54	94,7	51	94,4	-	0,00	3	5,56
keine Zuordnung möglich	3	5,26						
Gesamt	57							

4.1.3. WBI Freiburg

Das Staatliche Weinbauinstitut in Freiburg betreibt Klonselektion und Kreuzungszüchtung. Der Anteil an falschbenannten Akzessionen lag mit 24,36% (siehe Tabelle 5) deutlich höher als erwartet und auch deutlich höher als in den anderen Sortimenten der DGR. Jedoch konnten, bis auf die unbekannte Akzession Gutedel Malaga (siehe Anlage 1), alle Akzessionen durch den genetischen Fingerabdruck mit anschließender ampelographischen Überprüfung richtig zugeordnet werden.

Tabelle 5: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Freiburg.

DEU455	Akzessionen	[%]	Name richtig	[%]	Name falsch	[%]	Name unklar	[%]
sortenecht	78	98,7	58	74,4	19	24,36	1	1,28
keine Zuordnung möglich	1	1,27						
Gesamt	79							

4.1.4. DLR Neustadt-Mußbach

Das Sortiment Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum in Neustadt-Mußbach beinhaltet generell viele nationale sowie internationale Sorten von hoher Relevanz für den Weinbau (siehe Anlage 1). Vier Akzessionen von 235 konnten nicht identifiziert werden (siehe Tabelle 6; siehe Anlage 1).

Tabelle 6: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Neustadt-Mußbach.

DEU363	Akzessionen	[%]	Name richtig	[%]	Name falsch	[%]	Name unklar	[%]
sortenecht	231	98,3	207	89,6	20	8,66	4	1,73
keine Zuordnung möglich	4	1,70						
Gesamt	235							

4.1.5. HGU Geisenheim

Die Fachhochschule Geisenheim University besitzt das drittgrößte Rebsortiment in Deutschland und blickt auf lange Tradition in der Rebenzüchtung zurück. Zwei bekannte Sorten, die heutzutage in Deutschland angebaut werden sind z.B. Sibera oder die Färberrebe Dakapo. Die zwölf Akzessionen, die nicht zugeordnet werden konnten, sind dabei hauptsächlich wilde Reben oder Sorten mit Wildartanteil, die keine ampelographische Referenz besitzen (siehe Tabelle 7, siehe Anlage 1).

Tabelle 7: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Geisenheim.

DEU454	Akzessionen	[%]	Name richtig	[%]	Name falsch	[%]	Name unklar	[%]
sortenecht	287	96	248	86,4	36	12,54	3	1,05
keine Zuordnung möglich	12	4,01						
Gesamt	299							

4.1.6. LVWO Weinsberg

Das Sortiment der Staatlichen Lehr- und Versuchsanstalt für Wein- und Obstbau in Weinsberg beinhaltet als zweitgrößte deutsche Rebsammlung viele Klone der Sorten Blaufränkisch, Gewürztraminer, Chasselas, Pinot Gris, Pinot Meunier, Pinot Noir, Riesling Weiß, Sauvignon Blanc, Schiava Grossa und Silvaner Grün (siehe Anlage 1). Desweiteren wird auch ein Wildartensortiment unterhalten, das viele verschiedene *Vitis*-Arten beinhaltet. Von 620 verschiedenen Akzessionen konnten nur 23 (3,71%) nicht zugeordnet werden (siehe Tabelle 8). Analog zu dem Sortiment in Geisenheim sind es hauptsächlich wilde Reben oder Sorten mit Wildartanteil, die keine ampelographische Referenz besitzen und folglich nicht eindeutig identifizierbar waren.

Tabelle 8: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Weinsberg.

DEU456	Akzessionen	[%]	Name richtig	[%]	Name falsch	[%]	Name unklar	[%]
sortenecht	597	96,3	543	91	50	8,38	4	0,67
keine Zuordnung möglich	23	3,71						
Gesamt	620							

4.1.7. IRZ Geilweilerhof

Das Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof in Siebeldingen betreibt seit über 80 Jahren Rebenzüchtung und pflegt das größte Rebsortiment in Deutschland. Weltweit stellt es hinter der Rebsortensammlung in Vassal (Frankreich) das zweitgrößte Sortiment dar, jedoch besitzt es bzgl. pilzresistenter Rebsorten die größte Sammlung weltweit, die in der Rebenzüchtung großen Nutzen findet. So entstand durch die Züchtungsarbeit am Geilweilerhof, die heutzutage in Deutschland am häufigsten angebaute pilzresistente Rebsorte Regent.

2888 verschiedene Akzessionen des JKI Geilweilerhof in Siebeldingen sind in der DGR gelistet (siehe Tabelle 9; siehe Anlage 1), von denen 1665 (57,7%; hauptsächlich interspezifische Kreuzungen mit Resistenzhintergrund) noch nicht vollständig überprüft werden konnten (siehe dazu Kapitel 5.1). Von den 1223 untersuchten Akzessionen konnten, bis auf 92, alle identifiziert werden (siehe Tabelle 9). 151 Akzessionen waren dabei falschbenannt, konnten aber richtig zugeordnet werden.

Tabelle 9: Ergebnis der Sortenidentifizierung für den Standort Siebeldingen.

DEU098	Akzessionen	[%]	Name richtig	[%]	Name falsch	[%]	Name unklar	[%]
sortenecht	1131	92,5	902	79,8	151	13,35	78	6,90
keine Zuordnung möglich	92	7,52						
bisher überprüft	1223	42,3						
noch ausstehend	1665	57,7						
Gesamt	2888							

4.1.8. Zusammenfassung

Insgesamt konnten von den 2521 bisher untersuchten Akzessionen 94,6% als sortenecht bestimmt werden, von denen 278 (11,65%) falschbenannt waren (siehe Tabelle 10). 135 Akzessionen (5,36%) konnten dabei nicht zugeordnet werden. 1665 Akzessionen (39,8%) aus dem Sortiment in Siebeldingen stehen zur Überprüfung noch aus.

Tabelle 10: Zusammenfassung der Sortenidentifizierung aller untersuchten Standorte.

Alle Standorte	Akzessionen	[%]	Name richtig	[%]	Name falsch	[%]	Name unklar	[%]
sortenecht	2386	94,6	2015	84,45	278	11,65	93	3,90
keine Zuordnung möglich	135	5,36						
bisher überprüft	2521	60,2						
noch ausstehend	1665	39,8						
Gesamt	4186							

Bewertung agronomischer Merkmale seltener historischer Sorten

Abhängig von der Lage der zu bepflanzenden Weinbergsfläche, dem Betriebskonzept und der Logistik zum Beispiel bei der Traubenlese sind für Winzer die Angaben zum phänologischen Verhalten der Sorten, insbesondere Austriebs- und Reifezeitpunkt hilfreich. Im Jahr 2015 wurden über fünf Monate von 43 Akzessionen nach der BBCH-Skala die phänologischen Entwicklungsstadien mit Hilfe des im Rahmen des Projekts entwickelten Android-App (siehe Kapitel 4.2.2) bonitiert und daraus die Zeitpunkte für Austrieb, Blüte, Farbumschlag und Reife extrahiert. Diese Daten sind über die Deutsche Genbank Reben verfügbar (siehe auch Anlage 4).

4.2. Programmierungen

4.2.1. DGR

Die Digitalisierung der Bestände der deutschen Rebensammlungen bietet die Chance die Vielfalt an sortenspezifischen Informationen zusammenzuführen. Die Deutsche Genbank Reben als virtuelle Genbank mit Passport-, Beschreibungs-, Evaluierungs- und Virusdaten, Fotos und genetischen Fingerabdrücken dient dem Monitoring der genetischen Ressourcen. Mit der Digitalisierung wurde erreicht, dass die Kollektionen für jedermann zugänglich sind. Jeder Nutzer kann zielgerichtet Akzessionen anhand der Beschreibungsdaten auswählen und die Sorten über eine „Materialtransfer-Vereinbarung“ (SMTA) bestellen.

Das Schlüsselfeld der Datenbank ist die Akzessionsnummer, d. h. eine eindeutige Nummer, die nur einmalig bei der Aufnahme der Akzession/Sorte ins Sortiment vergeben wird. Sie ist die wichtigste der 49 benutzen Multi Crop Passportdeskriptoren (MCPD), da über diese Nummer sämtliche akzessionspezifischen Einträge verlinkt sind. Von den 49 MCPD wurden 35 von der FAO/IPGRI (heute Bioversity International) übernommen (Alercia *et al.*, 2001) und vierzehn weitere Vitis-spezifische Deskriptoren fügten die Teilnehmer der zwei EU-Projekte Genres081 (1997-2002) und GrapeGen06 (2007-2011) hinzu, um rebenspezifische Belange berücksichtigen zu können. Im Rahmen dieses BÖLN-Projekts galt es eine moderne Anwendung zu entwickeln, die heutigen Sicherheitsstandards entspricht und an die sich für zukünftige Anforderungen beliebig Module angliedern lassen. Es sollte eine Struktur entstehen, durch die das Einpflegen und der Export von allen Akzessionen und den sie beschreibenden Daten durch die Partner der DGR selbst möglich sind.

Entwickelte Datenbankmodule

Die Kuratoren der DGR können nun ihre Daten über die Webanwendung der DGR pflegen. Dies betrifft den Import und die Bearbeitung aller akzessionsbezogenen Daten. Änderungen an einzelnen Akzessionen geschehen mit Hilfe eines programmierten Webformulars. Mehrere Akzessionsdatensätze auf einmal können mittels Excel-Tabellen bearbeitet werden. Bei der Programmierung wurde auf Nutzerfreundlichkeit geachtet. Im Folgenden werden mit Hilfe von

Bildschirm ausdrucken die vielfältigen Import-, Bearbeitungs-, Such- und Darstellungsfenster der DGR-Internetseite erläutert.

Import der Akzessionsdaten

Der Import mittels Excel läuft wie folgt ab. Im ersten Schritt wird die einzupflegende Datei auf dem Rechner des DGR-Partners ausgewählt und auf den Server geladen. Das Programm ist so konzipiert, dass es automatisch die Spalten erkennt. Wurde die Spaltenüberschrift vom Partner geändert, ist dennoch eine Zuweisung der Spalteninhalte möglich, indem per Dropdownbox die entsprechende Excel-Spalte einer Eigenschaft ausgewählt wird:

Schritt 2: zuordnen

DEU 098 Beispiel DGR_kurz (22 kB)

00) Trueness To Type	Spalte wird nicht genutzt	02) Accession number (A	11) Accession name (AC
0 - TRUENESS_TO_TYPE	Spalte wird nicht genutzt --> ID Vitis --> Link to Kennnr --> Parnter Accession Number 00) Trueness To Type 01) Institute Code (INSTCODE) 02) Accession number (ACCNUMB) 11) Accession name (ACCNAME) 12) Acquisition date (ACQDATE) 20) Biologische Status der Akzession (SAMPSTAT) 23) Donoreinrichtung (Codenummer) (DONORCODE) 24) Donor accession number (DONORNUMB) 31) Decoded donor institute (DONORDESCR) 32) Decoded safety duplication location (DUPLDESCR) 34) MLS Status (MLSSTAT) 35) AEGIS Status (AEGISSTAT) A) Variety Name E) Variety number F) Ampelographie G) Genetischen Fingerabdrucks	field	11 - ACCNAME (Accession name) = 50 characters
yes			ALBALONGA
yes			AUXERROIS
yes			BACCHUS WEISS
yes			BACCHUS WEISS (4N)
yes			SPAETBURGUNDER M242

12/19 Spalten automatisch zugewiesen

Header nicht gesetzt

Nicht enthaltene Datensätze löschen

Sind alle Spalten zugewiesen, werden im nächsten Schritt die Daten validiert. Je nach Eigenschaft können dafür verschiedenste Validatoren konfiguriert werden. So ist es möglich ein Feld als Pflichtfeld zu markieren, Minimal- und/oder Maximallängen festzulegen oder eine Liste an erlaubten Werten/Eingaben zu hinterlegen, die dann einzig und allein angegeben werden dürfen. Entsprechen die Werte nicht diesen Kriterien, werden alle Zeilen die nicht akzeptierte Werte enthalten mit einer Erklärung aufgelistet. Die bemängelten Angaben können direkt in einem Formular korrigiert werden. Somit muss nicht erst zwingend die Ausgangsdatei geändert werden. Sind alle Fehler behoben kann der Importvorgang nun endgültig abgeschlossen werden. Fanden Änderungen während des Importvorgangs statt, wird empfohlen nach dem

erfolgreichen Import die nun standardisierten Akzessionsdaten direkt aus der DGR-Webanwendung zu exportieren und für Aktualisierungen des Sortimentsbestandes zu verwenden.

Schritt 3: Daten Validation

Datenbankänderungen: **Neu: 0** **Änderungen: 19**

Die folgenden 2 Fehler sind aufgetreten:

Zelle	Attribute	Fehler	Wert	Korrektur
A2	Trueness To Type	Trueness To Type ist ungültig.	j	yes <input type="checkbox"/> <input checked="" type="checkbox"/>
E2	Acquisition date	Acquisition date darf maximal 8 Zeichen enthalten.	1980ABCDEFG	1980 <input type="checkbox"/> <input checked="" type="checkbox"/>

[Import Vorgang abschließen ▶](#)

Bearbeitung der Akzessionsdaten

Über die Option „MCPD-Daten bearbeiten“ kommt man zum Bearbeitungsformular. Dort sind Erklärungen zu allen akzessionsspezifischen Deskriptoren hinterlegt (linke Seite), welche sich jedoch auch ausblenden lassen (rechte Seite).

MCPD Daten bearbeiten

0. **Trueness To Type**

1. **Institute Code**
FAO Institut Code des Instituts, in dem die Akzession aufrechterhalten wird.
Beispiel: DEU098

2. **Accession number**
Diese Zahl dient als eindeutiger Identifikator für Zugriffe innerhalb einer Genbanksammlung und wird bei der Eingabe einer Stichprobe in die Genbanksammlung zugewiesen.
Beispiel: CGN80254

11. **Accession name**
Entweder eine eingetragene oder eine sonstige firmliche Benennung der Akzession. Der erste Buchstabe groß geschrieben. Mehrere Namen getrennt mit Semikolon ohne Leerzeichen.
Beispiel: Rheinische Vorgebirgsstrauben;Emma;Anton

12. **Acquisition date**
Datum, an dem die Akzession in die Sammlung aufgenommen wurde als JJJJMMTT. Fehlende Daten (MM oder TT) sind mit Bindestrichen anzugeben. Führende Nullen sind erforderlich.
Beispiel: 1998-01-01
Beispiel: 20020620

20. **Biologische Status der Akzession**
Das vorgeschlagene Klassifizierungsschema kann in drei verschiedenen Detailebenen verwendet werden: entweder durch Verwendung der allgemeinen Codes (fett gedruckt), wie z. B. 100, 200, 300, 400 oder durch Verwendung der spezifischeren Codes

23. **Donoreinrichtung (Codenummer)**
FAO Institut Code für das Geberinstitut.
Beispiel: DEU098

24. **Donor accession number**
Zubewiesene Nummer der Akzession beim Geberinstitut.

[Long-View](#) [Update](#) [Short-View](#) [Update](#)

MCPD Daten bearbeiten

6. **Trueness To Type**

1. **Institute Code**

2. **Accession number**

11. **Accession name**

12. **Acquisition date**

20. **Biologische Status der Akzession**

23. **Donoreinrichtung (Codenummer)**

24. **Donor accession number**

31. **Decoded donor institute**

32. **Decoded safety duplication location**

34. **MLS Status**

35. **AEGIS Status**

A. **Variety Name**

E. **Variety number**

F. **Ampelegraphie**

[Update](#)

Die gleichen akzessionsspezifischen Deskriptoren lassen sich außerdem mittels Excel-Datei bearbeiten. Dieses Fenster sieht wie folgt aus:

Schritt 1:

File-Upload + Datei auswählen...

100 %

Schritt 2: zuordnen

DEU 098 Beispiel DGR_kurz (22 kB)

00) Trueness To Type	01) Institute Code (INSTC)	02) Accession number (A)	11) Accession name (ACI)	12) Acquisition date (ACQ)	20) Biologische Status d	21) Anc
0 - TRUENESS_TO_TYPE	1 - INSTCODE = 7 characters	2 - ACCENUMB - Maximum field length = 25 characters	11 - ACCENAME (Accession name) = 50 characters	12 - ACQDATE (Acquisition date)	20 - SAMPSTAT (Biological status of accession)	21 - ANCEI 255 charac
yes	DEU098	DEU098-1980-001	ALBALONGA	1980	500	RIESLANE
yes	DEU098	DEU098-1980-003	AUXERROIS	1980	500	
yes	DEU098	DEU098-1980-004	BACCHUS WEISS	1980	500	(SILVANER MUELLER
yes	DEU098	DEU098-1980-005	BACCHUS WEISS (4N)	1980	400	BACCHUS
yes	DEU098	DEU098-1980-006	SPAETBURGUNDER M242	1980	300	

15/15 Spalten automatisch zugewiesen

Header nicht gesetzt

Nicht enthaltene Datensätze löschen

Alle Änderungen werden mittels eines Log-Buches protokolliert, sodass zum einen der Modifikationszeitpunkt bekannt ist und zum anderen eine Änderung notfalls wieder rückgängig gemacht werden kann.

Dieser Import-Vorgang mittels Excel wurde dynamisch programmiert, damit der ganze Prozess möglichst variabel ist und ohne großen Aufwand vom Programmierer einfach um weitere Felder erweitert oder völlig neue Importe konfiguriert werden können.

Suchmöglichkeiten

Neben der Internet-basierten Pflege der eigenen Datensätze durch die Kuratoren der DGR wurden für die Internetnutzer diese Daten so nutzerfreundlich aufbereitet, dass das Gesuchte einfach zu finden ist. Dafür wurden Suchmasken für die wichtigsten Deskriptoren erstellt und Tabellen und Fenster für die Listung der Ergebnisse programmiert. Es ist möglich nach Passport-, Evaluierungs-, Virus- und Mikrosatellitendaten zu suchen bzw. sie sich anzeigen zu lassen. Im Folgenden werden beispielhaft drei Suchvarianten vorgestellt.

Suche nach phänologischen Eigenschaften

Merkmalsdatensuche

Anzahl der Suchergebnisse 15

Suchformular

Akzessionsname

Sortenname

Akzessionsnummer

Beschreibungsjahr

Herkunft der Daten

Phänologie

Blütendatum

11.6.

Veraison

Suchen

Zurücksetzen

Bei der Merkmalssuche lassen sich im Quelltext verschiedenste Werte aus Experimenten konfigurieren, die angezeigt und gesucht werden sollen. Zurzeit sind Daten zur Phänologie, d. h. zu Austriebs-, Blüte-, Veraison- und Reifezeitpunkt abrufbar. Weitere Evaluierungsmerkmale lassen sich leicht ergänzen. Dies wurde durch die Etablierung einer speziellen Anwendung erreicht. Werden in dieser die Daten nach einem bestimmten Schema (EVA-Data II) gespeichert, lassen innerhalb kürzester auch weitere Felder in der DGR-Webanwendung hinzufügen. Der folgende Bildschirmausdruck zeigt eine Ergebnistabelle bezüglich der Suche nach dem Blütezeitpunkt.

Suchbedingungen

Merkmalsdaten:

• Veraison: 1.8. 

Zeige 1-6 von 6 Einträgen. **A - B - C - D - E - F - G - H - I - J - K - L - M - N - O - P - Q - R - S - T - U - V - W - X - Y - Z** Seitengröße: 25

Akzessionsname	Beerenfarbe	Sortenname	Sortenechtheit	VIVC Kenn-Nummer	Züchtungseinrichtung	Akzessionsnummer	Art	Beschreibungsjahr
BEAUTY	schwarz	BEAUTY SEEDLESS	ja	1065	DEU098	DEU098-1995-050	VITIS VINIFERA LINNÉ	2009
FRUEHMUSKAT	grün	FRUEHMUSKAT OBERLIN	ja	4270	DEU098	DEU098-1980-717	VITIS VINIFERA LINNÉ	2009
OBERLINS MUSKAT	grün	FRUEHMUSKAT OBERLIN	ja	4270	DEU098	DEU098-1980-727	VITIS VINIFERA LINNÉ	2009
CHRISTMAS ROSE	rot	FLAME SEEDLESS	ja	4141	DEU098	DEU098-1998-075	VITIS VINIFERA LINNÉ	2009
PERLE IMPERIALE BLANCHE	grün	REICHENSTEINER	ja	10004	DEU098	DEU098-1980-732	VITIS VINIFERA LINNÉ	2009
SHTUR ANGUR	rot	SAHIBI SORH	ja	10462	DEU098	DEU098-1991-175	VITIS VINIFERA LINNÉ	2009

Zugang zum MCPD Datenblatt

Zusätzlich zur Suche nach einzelnen Kriterien können im Datenblatt alle konfigurierten Akzessions- bzw. Merkmalsdaten eingesehen werden. Das Datenblatt erscheint durch einen Klick auf die Akzessionsnummer. Diese Option wird durch ein Fenster mit der Inschrift „Zugang zum MCPD Datenblatt“ angezeigt (siehe oben).

Allgemeine Passportdeskriptoren	
Akzessionsname	BEAUTY SEEDLESS
Akzessionsnummer	DEU098-1995-050
Sortenname (Leitname)	BEAUTY SEEDLESS
Beerenfarbe	schwarz
Gattungs-/ Artenname	VITIS VINIFERA LINNÉ
Ursprungsland der Rebsorte	UNITED STATES
Nutzung	Keltertraube, Tafeltraube
Züchtungseinrichtung	DEU098
Beschreibungsjahr	2009

Phänologie	
Blütendatum	17.6.
Veraison	1.8.

Suche nach dem Virusstatus

Analog zur Merkmalsuche besteht die Möglichkeit den Virusstatus der Akzessionen einzusehen. Aus den vergangenen Jahren liegen Daten vor. Diese Information ist dazu da, um bei der Holzbestellung gesundes Material auszuwählen zu können.

Suchbedingungen

1. GFLV: infiziert ●

Zeige 1-20 von 45 Einträgen.						
A - B - C - D - E - F - G - H - I - J - K - L - M - N - O - P - Q - R - S - T - U - V - W - X - Y - Z						
Akzessionsname	Beerenfarbe	Sortenname	Züchtungseinrichtung	Akzessionsnummer	Art	Testjahr
ZIERFANDLER ROT	rosé	ZIERFANDLER ROT	DEU098	DEU098-2001-094	VITIS VINIFERA LINNÉ	2004
ZERVA	grün	ZERVA	DEU098	DEU098-1980-377	VITIS VINIFERA LINNÉ	2008
ZANTE ROUGE	rot	AGOUMASTOS MAVRO	DEU098	DEU098-1980-376	VITIS VINIFERA LINNÉ	2008
V.ARIZONICA 2 CL. GF2		ARIZONICA 2 GF2	DEU098	DEU098-1980-781	VITIS ARIZONICA ENGELMANN	2017
STOLLE 514	schwarz	PERIDAC	DEU098	DEU098-2001-118	VITIS VINIFERA LINNÉ	2004
STOLLE 505	rosé	ELBLING ROT	DEU098	DEU098-1997-064	VITIS VINIFERA LINNÉ	2003

Auch in diesem Fall gelangt man über die Akzessionsnummer zur Ergebnisliste und kann den gesamten Virusstatus einsehen

Virus Daten

Common passport descriptors	
Akzessionsname	ZANTE ROUGE
Akzessionsnummer	DEU098-1980-376
Sortenname (Leitname)	AGOUMASTOS MAVRO
Beerenfarbe	rot
Gattungs-/ Artenname	VITIS VINIFERA LINNÉ
Ursprungsland der Rebsorte	
Nutzung	Keltertraube
Züchtungseinrichtung	DEU098

Virus Daten

Virusname	Virusstatus	Testjahr
ARMV	nicht infiziert	2008
GFLV	infiziert	2008
GLRAV-1	infiziert	2008
GLRAV-3	nicht infiziert	2008
RRV	nicht infiziert	2008

Suche nach genetischen Fingerabdrücken

Ein breit angelegter Versuch im GENRES81- und GrapeGen06-Projekt bewies die Eignung von Mikrosatellitenmarkern zur Sortenidentifikation, unabhängig von Labor und Geräten (This *et al.*, 2004). Resultierend aus diesen Projekten wurden die neun hochpolymorphen Mikrosatellitenmarker VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VrZAG62 und VrZAG79 (Maul *et al.*, 2012) für die Sortendifferenzierung empfohlen. Sie werden fast standardmäßig in Laboren für die Genotypisierung eingesetzt, da sie in der Lage sind ca. 98% der weltweit existierenden Rebsorten zu unterscheiden. Aus diesem Grund wurden sie auch für die DGR-Webanwendung ausgewählt. Mit Hilfe der vier aufgeführten Referenzsorten

Cabernet Sauvignon, Chardonnay Blanc, Muscat à petits grains blancs und Pinot Noir gelingt es den Nutzern ihre Allel-Werte für die Suche anzupassen.

Zwei Suchmöglichkeiten wurden eingerichtet. Zum einen die Suche mittels Eingabe eines genetischen Profils. Als Ergebnis werden alle Akzessionen mit genau identischen Allelgrößen aufgelistet. Dieses Modul dient der Identifikation von unbekanntem Sorten. Mit der Eingabe einzelner Marker kann sukzessive die Anzahl der in Frage kommenden Akzessionen/Sorten reduziert werden.

SSR-Marker	VVS2		VVMD7		VVMD5		VVM
	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1
CABERNET SAUVIGNON	139	151	234	242	239	239	239
CHARDONNAY BLANC	137	143	236	240	239	243	239
MUSCAT A PETITS GRAINS BLANCS	133	133	230	238	233	249	241
PINOT NOIR	137	151	230	240	239	243	239
	<input type="text" value="133"/>	<input type="text" value="133"/>	<input type="text" value="230"/>	<input type="text" value="238"/>	<input type="text" value="233"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>

Zeige 1-12 von 12 Einträgen.

Akzessionsname	Beerenfarbe	Sortenname	Sortenechtheit	Wiews Code
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
MUSCAT A PETITS GRAINS BLANCS	grün	MUSCAT A PETITS GRAINS BLANCS	ja	DEU454
GELBER MUSKATELLER	grün	MUSCAT A PETITS GRAINS BLANCS	ja	DEU454

Als zweite Suchmöglichkeit können mehrere Sorten und Akzessionen gleichzeitig ausgewählt werden. Diese Option dient dem Vergleich von genetischen Profilen.

Mikrosatelliten: Sorte

Suchformular

Akzessionsname

Sortenname

Mikrosatelliten: Sorte

SSR-Marker	VVS2		VVMD7		VVMD5		VVMD25		VVMD27		VVMD28		VVMD32		VRZAG62		VRZAG79	
	Allel	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1
CABERNET SAUVIGNON	139	151	234	242	239	239	239	249	176	190	234	236	240	240	188	194	247	247
CHARDONNAY BLANC	137	143	236	240	239	243	239	255	182	190	218	228	240	272	188	196	243	245
MUSCAT A PETITS GRAINS BLANCS	133	133	230	238	233	249	241	249	180	195	246	268	264	272	186	196	251	255
PINOT NOIR	137	151	230	240	239	243	239	249	186	190	218	236	240	272	188	194	239	245
ABONDANT (ABONDANT)	143	151	230	240	247	249	249	255	184	190	218	248	252	272	195	194	245	251
AGNOL AK LIK (AGADAI)	135	151	230	236	249	249	247	249	182	186	236	258	250	272	196	200	251	251
CALABRESE (CALABRE)	133	137	228	230	249	249	249	255	195	195	246	248	240	264	184	204	251	257
CALEB STRAUBE (GREC ROUGE)	133	143	230	238	247	253	241	255	186	186	236	258	256	262	188	194	239	251
BLAUER KOELNER WUE 04-1 (KOELNER BLAU)	133	155	238	242	249	255	241	241	182	190	268	278	258	272	204	206	245	259

Fotogalerie für ampelographische Zwecke

Im Rahmen dieses BÖLN-Projekts wurden für die ampelographische Überprüfung der Sortenidentität 727 Triebspitzen, 993 Blätter und 1155 Trauben fotografiert. Damit stand auch für eventuelle Rückfragen in der vegetationsfreien Zeit Anschauungsmaterial zur Verfügung. Die gesammelten Triebspitzen und Blätter wurden gepresst und getrocknet und im Herbarium des JKI Geilweilerhof aufbewahrt. Für die Fotosuche war eine Möglichkeit gewünscht mehrere Bilder nebeneinander zu stellen um sie miteinander vergleichen zu können. Ist ein Vergleich gewünscht, gibt es die Option verschiedene Bilder mit dem Setzen eines Hakens vorzumerken. Diese Auswahl wird für die Dauer der Sitzung gespeichert. Dadurch ist es möglich mehrere Vergleichsvarianten nacheinander auszuwählen.

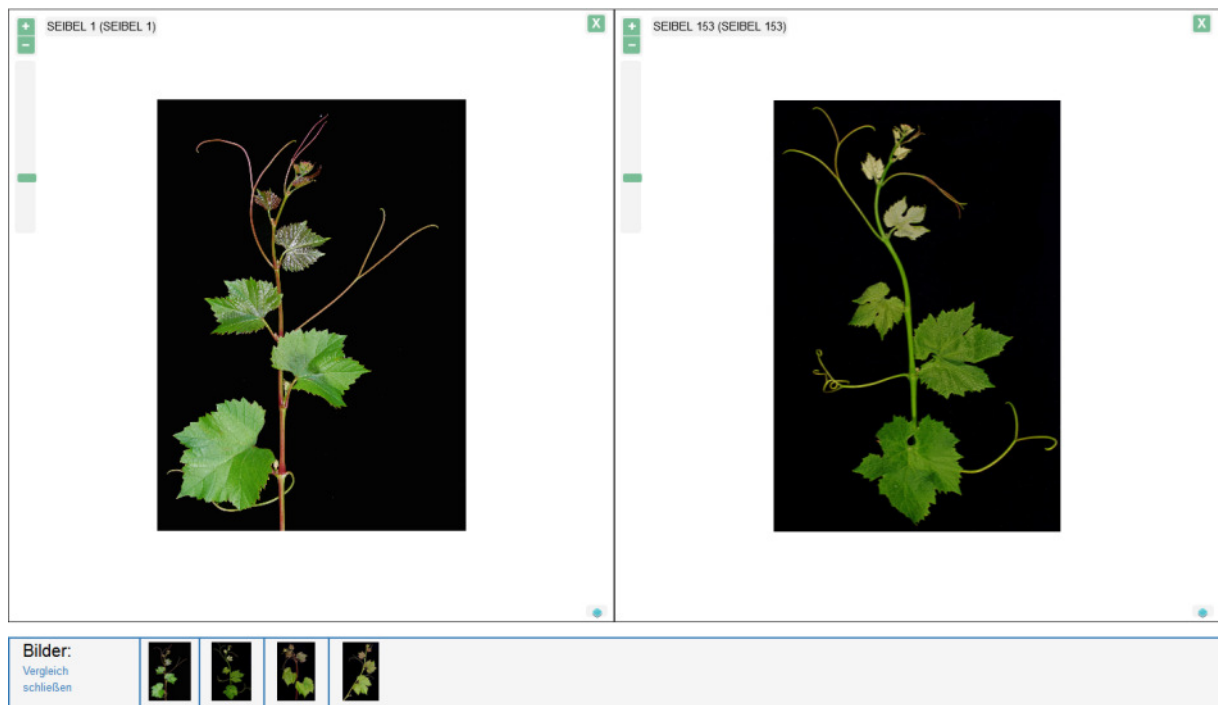
W - X - Y - Z
Seitengröße: 25 ▼

Species	Foto	Teil der Pflanze	
<input type="text"/>		<input type="text"/>	<input type="checkbox"/>
VITIS INTERSPECIFIC CROSSING		Triebsspitze	<input checked="" type="checkbox"/>
VITIS INTERSPECIFIC CROSSING		Triebsspitze	<input type="checkbox"/>

Anschließend erscheinen die in der letzten Spalte angehakten Fotos am unteren Ende der Seite.

SEIBEL 153	grün	SEIBEL 153	nicht geprüft	10905
Bilder: Auswahl löschen	 	 	 	 
	SEIBEL 1	SEIBEL 153	SEIBEL 444	SEIBEL 822

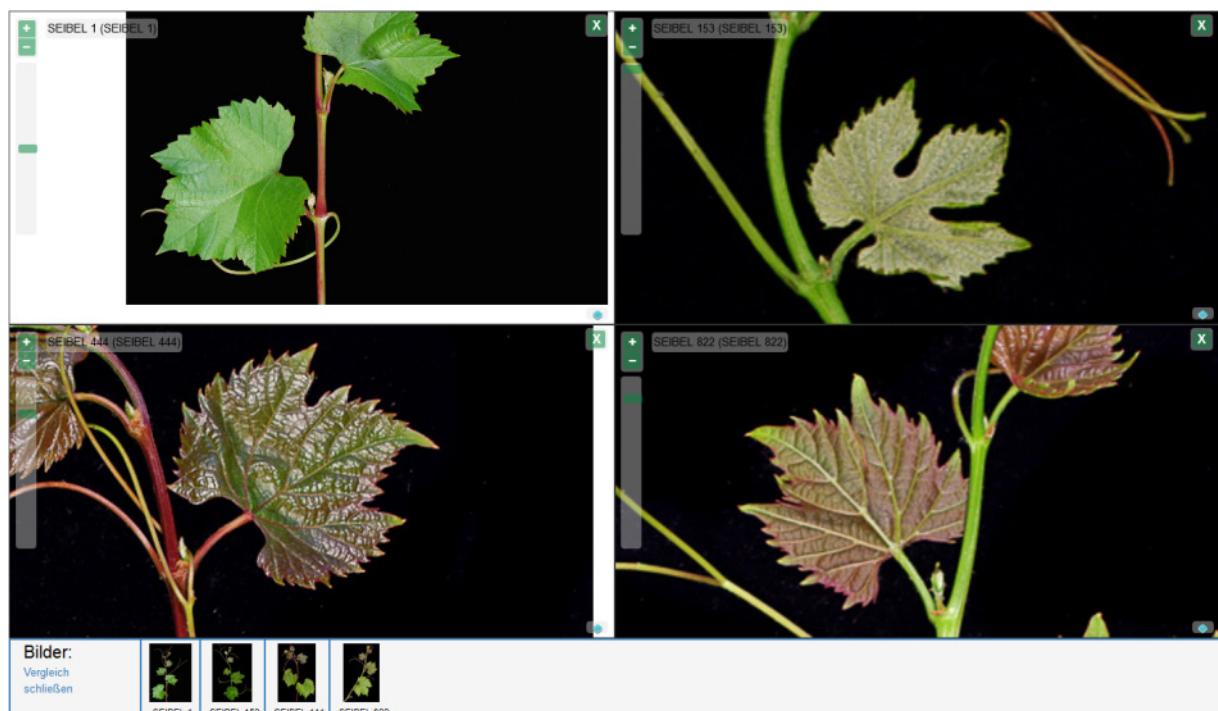
Mit einem Klick auf die einzelnen Bilder in der Leiste öffnen sich die entsprechenden Bilder in einer größeren Ansicht.



Abhängig von der Anzahl der Bilder steht natürlich unterschiedlich viel Platz zur Verfügung



Außerdem kann in jedes Bild beliebig weit hinein gezoomt werden. Auch die Position des Bildes innerhalb der einzelnen Teilbereiche ist frei verschiebbar, so dass immer das jeweils interessante Detail des Fotos in den Fokus gerückt werden kann. Dadurch lassen sich die Merkmale der verschiedene Akzessionen bzw. Sorten bestens untereinander vergleichen. Die Fotos sind ebenso nützlich für den Abgleich mit der bebilderten ampelographischen Referenzliteratur.



Modul für die Bestellung von Rebmaterial

Jeder Nutzer der DGR kann zielgerichtet Akzessionen anhand der Beschreibungsdaten auswählen und die Sorten über eine „Standardisierte Materialtransfer-Vereinbarung“ (SMTA) bestellen. Dafür wurde eine Bestelloption entwickelt, inklusive automatischer Datenerfassung zur Weiterleitung der SMTAs an die BLE.

Der Nutzer dieser Option hat ein mehrstufiges Formular auszufüllen. Im ersten Schritt lässt sich mittels der in dem nächsten Bildschirm Ausdruck gelisteten Deskriptoren nach Akzessionen suchen.

SMTA

Materialsuche **Suchergebnisse** Materialauswahl Anforderung

Suchformular

Züchtungseinrichtung

Akzessionsnummer

Akzessionsname

Sortenname

Vivc Kenn Nummer

Gattungs-/ Artenname

Sobald man Eingaben tätigt werden im Reiterfeld „Suchergebnisse“ die Anzahl der ausgewählten Akzessionen angezeigt. Diese Liste ist durch einen Klick aufklappbar. Die Auswahl der gewünschten Akzession erfolgt durch Setzen eines Hakens in die letzte Spalte.

SMTA

Materialsuche **Suchergebnisse (79)** Materialauswahl (5) Anforderung

Zeige 1-20 von 79 Einträgen. Seitengröße: 25

Akzessionsname	Beerenfarbe	Sortenname	Sortenechtheit	VIVC Kenn-Nummer	Züchtungseinrichtung	Akzessionsnummer	Art	
BLAUER AFFENTALER	schwarz	AFFENTHALER	ja	79	DEU455	DEU455-8	VITIS VINIFERA LINNÉ	<input checked="" type="checkbox"/>
HUDLER	schwarz	GAENSFUESSER BLAU	ja	586	DEU455	DEU455-70	VITIS VINIFERA LINNÉ	<input checked="" type="checkbox"/>
ASPIRANT SANS PEPINS	grün	HEUNISCH WEISS SEEDLESS	ja	699	DEU455	DEU455-4	VITIS VINIFERA LINNÉ	<input checked="" type="checkbox"/>
AUBUN	schwarz	AUBUN	ja	761	DEU455	DEU455-5	VITIS VINIFERA LINNÉ	<input checked="" type="checkbox"/>
GREC ROUGE	rot	GREC ROUGE	ja	4962	DEU455	DEU455-57	VITIS VINIFERA LINNÉ	<input checked="" type="checkbox"/>
LIMBERGER BLAUER (ROT)	schwarz	BLAUFRAENKISCH	ja	1459	DEU455	DEU455-90	VITIS VINIFERA LINNÉ	<input type="checkbox"/>
FINDLING	grün	BOUVIER	ja	1625	DEU455	DEU455-37	VITIS VINIFERA LINNÉ	<input type="checkbox"/>

Sobald man einen Haken einträgt, wird die Akzession in der Tabelle Materialauswahl hinterlegt.

SMTA

Materialsuche Suchergebnisse (79) **Materialauswahl (5)** Anforderung

		Akzessionsname	Akzessionsnummer	Leitname
<input type="checkbox"/>	1	BLAUER AFFENTALER	DEU455-8	AFFENTHALER
<input type="checkbox"/>	2	HUDLER	DEU455-70	GAENFUESSER BLAU
<input type="checkbox"/>	3	ASPIRANT SANS PEPINS	DEU455-4	HEUNISCH WEISS SEEDLESS
<input type="checkbox"/>	4	AUBUN	DEU455-5	AUBUN
<input type="checkbox"/>	5	GREC ROUGE	DEU455-57	GREC ROUGE

Diese Tabelle wird über den Reiter „Materialauswahl“ geöffnet. Löschungen sind auf dieser Ebene noch möglich, angezeigt durch den roten Papierkorb in der ersten Spalte. Anschließend ist noch das Bestellformular auszufüllen.

Bestellformular
 Nach dem Öffnen des Bestellformulars muss man sich für den gewünschten Zeitraum und die Anzahl der Exemplare entscheiden.

Formularfelder:

- Materialauswahl:** [Dropdown-Liste]
- Material:** [Dropdown-Liste]
- Bestellperiode:** [Dropdown-Liste]
- Bestellzeitraum:** [Dropdown-Liste]
- Bestellmenge:** [Textfeld]
- Bestellzeitpunkt:** [Textfeld]
- Bestellzeitraum:** [Textfeld]
- Bestellzeitpunkt:** [Textfeld]
- Bestellzeitraum:** [Textfeld]
- Bestellzeitpunkt:** [Textfeld]

Wichtige Hinweise:

- Das Bestellsystem benötigt die Angabe der Bestellmenge für die Erstellung der Aufstellung. Die Angabe der Bestellmenge ist für die Erstellung der Aufstellung erforderlich.
- Das Bestellsystem benötigt die Angabe der Bestellzeitraum für die Erstellung der Aufstellung. Die Angabe der Bestellzeitraum ist für die Erstellung der Aufstellung erforderlich.

Abgeschickt

Sind die geforderten Angaben eingetragen und wird das Formular abgeschickt, bekommt jeder Kurator der von der Bestellung betroffen ist, eine E-Mail mit den Formulardaten und einer Auflistung des Materials. Zusätzlich enthält die Nachricht nochmals die Excel-Datei mit der Auflistung. Ist in der DGR ein Standort für die Akzessionen hinterlegt, wird dieser nur in der automatisch an die Sammlung geschickten Excel-Datei ebenfalls aufgeführt. Diese Art der Holzbestellung entlastet die Kuratoren wesentlich, da jeden Winter die Bearbeitung der Bestellungen eine sehr arbeitsintensive Angelegenheit darstellt.

neue SMTA Bestellung

noreply@julius-kuehn.de

Gesendet: Do 08.06.2017 10:28

An: toni.schreiber@jki.bund.de



Neue SMTA Bestellung



Sehr geehrte Damen und Herren,
es ist eine neue Bestellung eingegangen.

folgendes Pflanzmaterial wurde erbeten:

Akzessionsname	Akzessionsnummer	Leitname
SEIBEL 1	DEU098-1980-639	SEIBEL 1
SEINOIR	DEU098-1991-081	SEINOIR
SENECA	DEU098-1980-549	SENECA
CASTOR	DEU098-1980-587	CASTOR

Das Material wurde angefordert von:

Partner der DGR

Institution: **Julius Kühn-Institut (JKI) Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen**
Anschrift: **76833 Siebeldingen**
PLZ Ort: **76833 Siebeldingen**

Empfänger

Institution: **Julius Kühn-Institut (JKI) Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen**
vertreten durch: **Toni Schreiber**
Anschrift: **06484 Quedlinburg**
PLZ Ort: **06484 Quedlinburg**
Telefon:
Email: toni.schreiber@julius-kuehn.de

On-Farm Erhaltung seltener historischer Rebsorten im Weingut

Winzer, die seltene historische Rebsorten erhalten, werden in der DGR-Webseite aufgeführt. Unter dem Kapitel „On-Farm Erhaltung“ können Weinkunden beispielsweise nach Sorten suchen, die in ihrer Nähe erzeugt werden, siehe das Suchformular auf der nächsten Seite. Das Datenblatt, das über einen Klick auf den Sortennamen aufklappt enthält 49 Kriterien, die die Sorte, das Weingut, die Weinbergsanlage und sonstiges beschreiben.

Sie sind [Startseite](#) / [On-Farm Erhaltung seltener historischer Sorten im Weingut](#) hier.

Startseite
Einführung
On-Farm Erhaltung
Datenbanksuche

Login
Nutzername

Passwort

On-Farm Erhaltung seltener historischer Sorten im Weingut

Suchformular

Sortenname

VIVC Leitname

VIVC KennNr

Winzer

Stadt / Dorf (Winzer)

Bundesland (Winzer)

Datenblatt:

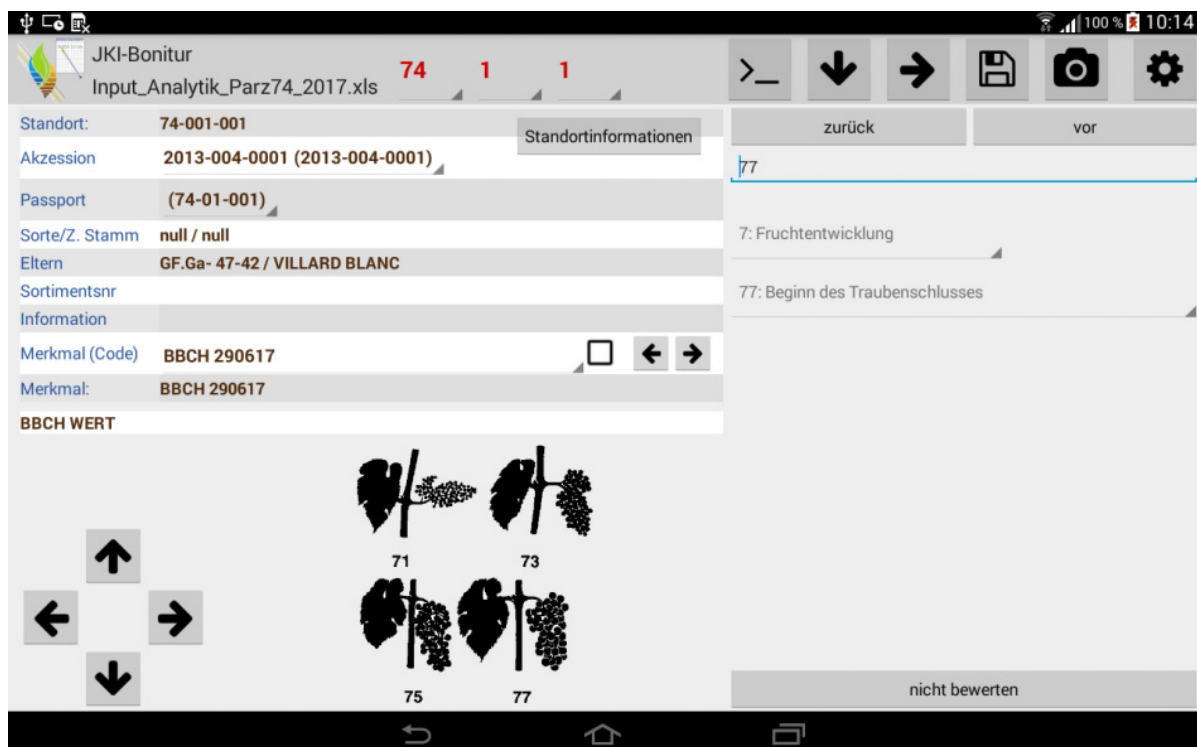
On-Farm Erhaltung seltener historischer Sorten im Weingut	
Sorte	
Sortenname	Adelfränkisch
Beerenfarbe	Weiss
VIVC - Sortenname	ADELFRAENKISCH
VIVC - Sortennummer	23324
Warum wird die Sorte erhalten? (historische Gründe)	Rarität des deutschen Weinbaus. Traminerkind.
Warum wird die Sorte erhalten? (Anbaueigenschaften)	Bewertung der Anbaueigenschaften
Herkunft des Pflanzmaterials	Zappendorf /Saale Unstrut
Akzessions-Nr, falls aus DGR	DEU098-2011-085
Wer identifizierte die Sorte?	Andreas Jung, Lustadt
Wann wurde die Sorte identifiziert?	2007
Wie wurde die Sorte identifiziert?	Ampelographische Referenzliteratur
Handelt es sich um eine klassifizierte Sorte?	nein
Ist die Sorte in einem anderen Land klassifiziert?	nein
Winzer	
Winzer	Julius Kühn-Institut, Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof
Eigentümer ist Winzer, Genossenschaftsmitglied o.ä.	Forschungsinstitut
Status als Produzent: Wein, Tafeltrauben, Amateur oder sonstiges	Wein
Stadt / Dorf	D-76833 Siebeldingen
Straße	
Weinbaugebiet	Pfalz
Kreis	Südliche Weinstraße
Bundesland	Rheinland-Pfalz
Weinberg	
Lagenamen	Mönchspfad
Stadt / Dorf	D-76833 Siebeldingen
Allgemeine Beschreibung der Anlage	normale Ertragsanlage
Historische Daten zum Weinberg	Neuanlage
Anlage des Weinbergs	2015

4.2.2. Android-App

Die Android-App zur unmittelbaren digitalen Erfassung von Merkmalen im Rebsortiment hat den Namen JKI-Bonitur erhalten. Sobald sich diese Applikation öffnet sieht der Nutzer zunächst eine Auflistung von verfügbaren Versuchen, sowie bereits begonnene Boniturrexperimente.



Sobald ein Versuch/Bonitur ausgewählt wurde, erscheint die Hauptbonitursansicht:





Diese ist dreigeteilt. In der oberen Leiste finden sich Informationen zum geöffneten Versuch, dem aktuellen Standort, die Fortbewegungsrichtung in der Parzelle, sowie Speicherbutton und Fotomöglichkeit. Um einen Entwicklungszustand oder observierte Besonderheiten festzuhalten wurde die Möglichkeit eingerichtet individuumbezogene Bilder von einer Pflanze zu machen, z. B. auch wenn Unsicherheit bezüglich der Ausprägungsstufe eines Deskriptors besteht. In diesem Fall wird das gemachte Bild mit einem Dateinamen gespeichert in dem Standort und Deskriptor kodiert sind.

Ist ein Bonitur abgeschlossen wird das Ergebnis in einer Excel-Datei gespeichert. Eine solche Datei sieht wie folgt aus:

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
1	Parzelle	Reihe	Pflanze	Akzession	Akzession	Kenntnr	Leitname	StandortInfo	Charakterist	Triebe-Stock		Erfrorrene Triebe		BBCH	
1200	74	12	11	RIESLING	RIESLING	74-12-011			3		27.04.2017	2	27.04.2017	13	27.04.2017
1201	74	12	12	RIESLING	RIESLING	74-12-012		am weitesten	3		27.04.2017	0	27.04.2017	15	27.04.2017
1202	74	12	13	SAUVIGNI	SAUVIGNI	74-12-013		Ente Blatt bonitirt	3		27.04.2017	2	27.04.2017	13	27.04.2017
1203	74	12	14	SAUVIGNI	SAUVIGNI	74-12-014		im Erfrierstadium	4		27.04.2017	4	27.04.2017	13	27.04.2017
1204	74	12	15	2014-032	2014-032	74-12-015			2		27.04.2017	2	27.04.2017	15	27.04.2017
1205	74	12	16	2014-032	2014-032	74-12-016			7		27.04.2017	0	27.04.2017	13	27.04.2017
1206	74	12	17	2014-032	2014-032	74-12-017			2		27.04.2017	2	27.04.2017	15	27.04.2017
1207	74	12	18	2014-032	2014-032	74-12-018			10		27.04.2017	10	27.04.2017	15	27.04.2017
1208	74	12	19	2014-032	2014-032	74-12-019			6		27.04.2017	2	27.04.2017	15	27.04.2017
1209	74	12	20	2014-032	2014-032	74-12-020			7		27.04.2017	2	27.04.2017	15	27.04.2017
1210	74	12	21	2014-032	2014-032	74-12-021			9		27.04.2017	6	27.04.2017	15	27.04.2017
1211	74	12	22	2014-032	2014-032	74-12-022			8		27.04.2017	6	27.04.2017	15	27.04.2017
1212	74	12	23	2014-032	2014-032	74-12-023			8		27.04.2017	6	27.04.2017	15	27.04.2017
1213	74	12	24	2014-032	2014-032	74-12-024			7		27.04.2017	3	27.04.2017	15	27.04.2017
1214	74	12	25	2014-032	2014-032	74-12-025			6		27.04.2017	2	27.04.2017	15	27.04.2017
1215	74	12	26	2014-032	2014-032	74-12-026			8		27.04.2017	5	27.04.2017	15	27.04.2017
1216	74	12	27	2014-032	2014-032	74-12-027			8		27.04.2017	1	27.04.2017	14	27.04.2017
1217	74	12	28	2014-032	2014-032	74-12-028			6		27.04.2017	0	27.04.2017	15	27.04.2017
1218	74	12	29	2014-032	2014-032	74-12-029			2		27.04.2017	2	27.04.2017	11	27.04.2017
1219	74	12	30	2014-032	2014-032	74-12-030			7		27.04.2017	1	27.04.2017	15	27.04.2017
1220	74	12	31	2014-032	2014-032	74-12-031			7		27.04.2017	7	27.04.2017	15	27.04.2017
1221	74	12	32	2014-032	2014-032	74-12-032			7		27.04.2017	1	27.04.2017	15	27.04.2017
1222	74	12	33	2014-032	2014-032	74-12-033		tot							
1223	74	12	34	2014-032	2014-032	74-12-034			8		27.04.2017	3	27.04.2017	15	27.04.2017
1224	74	12	35	2014-032	2014-032	74-12-035			6		27.04.2017	6	27.04.2017	15	27.04.2017
1225	74	12	36	2014-032	2014-032	74-12-036			8		27.04.2017	4	27.04.2017	15	27.04.2017
1226	74	12	37	2014-032	2014-032	74-12-037			8		27.04.2017	2	27.04.2017	15	27.04.2017

In dieser Datei sieht zusätzlich zu den Boniturwerten an welchem Tag die jeweilige Eingabe gemacht wurde. Diese Information wird immer in der internen Datenbank gespeichert und nur auf Wunsch des Nutzers mit in die Ausgabedatei geschrieben.

	A	B	C	D	E
1	OIV CODE	Descriptor	Type (1=Bonitur,2=Messen)	Werte	
2	Triebe-Stock	Anzahl der Triebe pro Stock		1 999: Nachbonitur erforderlich; 0: 0: 1: 1; 2: 2; 3: 3; 4: 4: Feststellung der Anzahl von Trieben an einem Stock	
3	Erfrorrene Triebe	Anzahl der erfrorrenen Triebe pro Stock		1 999: Nachbonitur erforderlich; 0: 0: 1: 1; 2: 2; 3: 3; 4: 4: Feststellung der Anzahl von ERFRORRENEN Trieben an einem Stock	
4	BBCH	Aktuelles BBCH-Entwicklungsstadium		1 00: Winterruhe; 01: Beginn des Knospenschwell	

Damit ein Experiment überhaupt in der Applikation auftaucht, muss zunächst eine Excel-Datei erstellt werden, die ein bestimmtes Format aufweist. Im ersten Tabellenblatt werden alle zu bewertenden Standorte aufgelistet und im zweiten Tabellenblatt werden alle Deskriptoren in einem bestimmten Format aufgelistet. Anschließend muss die Datei noch in einen dafür eingerichteten Ordner auf dem Tablett kopiert werden. Zusätzlich zu der Excel-Datei lassen sich auch Grafiken oder Bilder zu den einzelnen Deskriptoren in einem bestimmten Ordner ablegen, die dann beim jeweiligen Deskriptor angezeigt werden. Dies objektiviert die Merkmals erfassung.

4.2.3. PLA

Mit Hilfe der „Pflanzen Lage Administration“, kurz PLA, lassen sich Parzellen und Einzelstöcke geographisch erfassen und verwalten. Ein Blick auf die Liegenschaft Siebeldingen zeigt die bereits eingetragenen Parzellen. Mit einem Klick auf die grünen Flächen gelangt man zur jeweiligen Parzelle.

Liegenschaft Siebeldingen

Name	Siebeldingen
Koordinaten	430563.000, 5452153.000, 0.000
Ausgewählte Parzelle	



Hat man eine Parzelle ausgewählt sieht man zunächst sämtliche Rebstöcke dieser Parzelle. Bei Bedarf kann man diese noch einzeln anschauen und bearbeiten.

Parzelle 23

Nummer	23
Zeilen	43
Stoecke	72
Parzellen Typ	Reben Parzelle
Liegenschaft	Siebeldingen
Zeilenabstand	2.0
Stockabstand	1.2



Jedoch werden die Individuen einer Parzelle meist mittels einer Excel-Datei gepflegt. Dazu gibt es die Möglichkeit sich zunächst den aktuellen Datenbestand einer Parzelle als Excel-Datei herunter zu laden.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
1	Standort ID	Zeile	Stock	X-Koordinate	Y-Koordinate	H-Koordinate	Koordinaten-Zone	gemessen (0/1)	Pflanzjahr	Rodejahr	Information	Datenquelle	DatenquelleID	Unterlage	Pflanzart	Zuchtstamm
2	7973	1	1	430471,952	5452213,893	210,112	32	0			DEU098-1980-639	BreedingNo				
3	7974	1	2	430472,094	5452212,648	210,078	32	0			DEU098-1980-639	BreedingNo				
4	7975	1	3	430472,149	5452211,469	209,998	32	0			DEU098-1980-639	BreedingNo				
5	7976	1	4	430472,215	5452210,198	209,989	32	0			DEU098-1990-325	BreedingNo				
6	7977	1	5	430472,286	5452209,042	209,952	32	0			DEU098-1990-325	BreedingNo				
7	7978	1	6	430472,335	5452207,825	209,92	32	0			DEU098-1990-325	BreedingNo				
8	7979	1	7	430472,448	5452206,013	209,889	32	0			DEU098-2001-035	BreedingNo				
9	7980	1	8	430472,556	5452204,846	209,821	32	0			DEU098-2001-035	BreedingNo				
10	7981	1	9	430472,609	5452203,713	209,786	32	0			DEU098-2001-035	BreedingNo				
11	7982	1	10	430472,638	5452202,425	209,774	32	0			DEU098-2003-002	BreedingNo				
12	7983	1	11	430472,71	5452201,232	209,73	32	0			DEU098-2003-002	BreedingNo				
13	7984	1	12	430472,753	5452200,161	209,678	32	0			DEU098-2003-002	BreedingNo				
14	7985	1	13	430472,869	5452198,236	209,64	32	0			DEU098-1990-327	BreedingNo				
15	7986	1	14	430472,891	5452197,27	209,619	32	0			DEU098-1990-327	BreedingNo				
16	7987	1	15	430473,003	5452196,015	209,598	32	0			DEU098-1990-327	BreedingNo				
17	7988	1	16	430473,075	5452194,681	209,561	32	0			DEU098-2003-003	BreedingNo				
18	7989	1	17	430473,079	5452193,628	209,558	32	0			DEU098-2003-003	BreedingNo				
19	7990	1	19	430473,281	5452190,575	209,523	32	0			DEU098-2003-004	BreedingNo				
20	7991	1	20	430473,338	5452189,339	209,514	32	0			DEU098-2003-004	BreedingNo				
21	7992	1	21	430473,414	5452188,123	209,486	32	0			DEU098-2003-004	BreedingNo				
22	7993	1	22	430473,514	5452187,089	209,457	32	0			DEU098-2003-005	BreedingNo				
23	7994	1	23	430473,578	5452185,702	209,475	32	0			DEU098-2003-005	BreedingNo				
24	7995	1	24	430473,635	5452184,501	209,45	32	0			DEU098-2003-005	BreedingNo				
25	7996	1	25	430473,714	5452182,915	209,437	32	0			DEU098-2003-006	BreedingNo				
26	7997	1	26	430473,774	5452181,53	209,414	32	0			DEU098-2003-006	BreedingNo				
27	7998	1	27	430473,9	5452180,385	209,391	32	0			DEU098-2003-006	BreedingNo				

Die in dieser Datei vorgenommenen Änderungen können wieder in die Datenbank hochladen und gespeichert werden.

4.3. On-Farm Management

4.3.1. Ausgangslage

Europaweit sind Tendenzen für eine Renaissance der seltenen historischen Sorten erkennbar. Allerdings stehen rechtliche Hürden dem unmittelbaren Anbau im Wege, da die alten Sorten keinen Erhaltungszüchter aufweisen, dadurch auch nicht in der Sortenliste stehen und nur selten klassifiziert sind. Die alten Sorten, viele davon wurden in Weinbergen oder an alten Gebäuden wiederentdeckt, stellen genetisch, önologisch und kulturell eine Bereicherung dar. Durch den Anbau unter Praxisbedingungen kann das Potential der Sorten bewertet und eine größere Anzahl Klone erhalten werden.

Die folgenden drei von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) geförderten Projekte stellen durch die Identifikation von seltenen historischen Rebsorten in alten Weinbergen und die Sammlung und Bereitstellung von Rebholz eine wichtige Grundlage für die Erhaltung seltener historischer Rebsorten On-Farm, das heißt im Weingut dar:

(1) Durch das Projekt „Erfassung rebengenetischer Ressourcen in Deutschland“ (2007 – 2009), stehen längst vergessene und verschollene Rebsorten mit überraschend hohem Qualitätspotential wieder für den Anbau zur Verfügung,

(2) Das Projekt „Erhaltung genetischer Ressourcen von *Vitis vinifera* L. durch innovative, nachhaltige Nutzung historischer Sorten in den Weinbaugebieten Saale-Unstrut und Sachsen“ (2013 - 2017) trug zu einer Bereicherung der Klonvielfalt seltener historischer Rebsorten bei. Virusfrei gemachtes Material steht zur Verfügung und wurde der Weinbaupraxis und dem JKI Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof übergeben.

(3) Das BÖLN-Projekt „Weiterentwicklung von Wissenstransfer- und Informationssystemen zur nachhaltigen Nutzung reben-genetischer Ressourcen“ (2014-2017) ermöglichte die Genotypisierung der Sammlungen der Deutschen Genbank Reben (DGR) und die Feststellung der Sortenechtheit. In diesem Zusammenhang wurden auch die genetischen Profile der seltenen historischen Sorten des Erfassungsprojekts (1) erstellt, die am Geilweilerhof aufgepflanzt werden.

4.3.2. Neue Erkenntnisse zu seltenen historischen Rebsorten

Noch Anfang des 20. Jahrhunderts gab es in Deutschland vielerorts Weinberge mit gemischtem Rebsortensatz. Außer den heute bekannten und angebauten Sorten beherbergten diese Anlagen namenlose Reben, die glücklicherweise über die Jahrhunderte mitvermehrt wurden. Mittels der im Rahmen des Projekts analysierten 25 Marker konnte gezeigt werden, dass einige diese wieder entdeckten historischen Sorten sogar eng miteinander verwandt sind und darüber hinaus sogenannte „missing links“ darstellen. So kannte man von Affenthaler, Tauberschwarz und Heunisch Schwarz bislang nur den Elternteil Heunisch Weiß. Die fehlenden Allellängen lieferte der wiederentdeckte Süßschwarz und wurde damit eindeutig als zweiter Elternteil identifiziert. Die in einem alten Weinberg in Rheinhessen aufgespürte Blaue Zimmettraube ist ein Elternteil vom Blauen Portugieser und dem Blauen Lemberger. Hier konnte sogar der Nachweis geführt werden, dass der Blaue Portugieser nicht aus Portugal, sondern aus der Untersteiermark stammt, die im heutigen Nordostslowenien liegt. Adelfränkisch, Burgunder Gross und Süßschwarz stammen vom Traminer ab. Da das würzige Aroma des Gewürztraminers bei diesen Sorten nicht spürbar ist, könnte Savagnin blanc = Traminer weiß als Elternteil in Frage kommen. Der Lagler weiss entstand durch eine Kreuzung von Heunisch Weiß und Hartblau. Auch der Hartblau ist ein Traminersämling.

Somit war der Traminer als eine mindestens 2000 Jahre alte Qualitäts-Rebsorte bei drei seltenen und fünf wiederentdeckten historischen Rebsorten das Eltern- oder Großelternteil. Dies erklärt die besondere Weinqualität von Adelfränkisch, Burgunder gross und Hartblau. Ihre Weine wurden am 18. November 2016 einem großen Publikum im Rahmen des Geisenheimer Symposiums Historische Rebsorten vorgestellt. Die rund 250 Teilnehmer zeigten sich beeindruckt von der Stoffigkeit und Aromafülle der Gewächse.

Geschichten, die sich um Rebsorten sprichwörtlich ranken und die Seltenheit der hier angesprochenen Produkte bieten für die Winzer neue Chancen um den Weinkunden etwas Einmaliges zu offerieren. Beides hilft dem Winzer bei der Vermarktung seiner Weine.

4.3.3. Erstellung einer neuen On-Farm Anlage am Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof

Im Jahr 1993 entstand die erste On-Farm Anlage am Geilweilerhof. Von den im Nachfolgenden genannten Sorten wurden damals jeweils 20 Rebstöcke gepflanzt: Gaensfuesser Blau, Gelbhoelzer Blau, Pinot Cioutat, Heunisch Weiß, Lamberttraube, Orleans Gelb, Orleans Gruen, Putzscheere, Raeuschling Weiß und Rohrtraube Blaurot. Nach der Entdeckung alter Weinberge an der Hessischen und Badischen Weinstraße kam 2005 eine weitere Anlage hinzu, die 23 Elbling Blau (7 Klone) und 50 Heunisch Weiss (16 Klone) Stöcke zählt.

Im Rahmen des BÖLN-Projekts wurde eine weitere Parzelle mit alten Rebsorten erstellt. Die Übersicht in Tabelle 11 listet die 25 historischen Sorten, Klone und die Herkunft des Pflanzgutes. Der größte Teil des Holzes wurde 2014 veredelt (39 Akzessionen) und 2015 gepflanzt. Im Jahr 2015 wurde Holz von zwei weiteren und im Jahr 2016 von vier zusätzlichen Akzessionen veredelt, die jeweils im darauffolgenden Jahr ausgepflanzt wurden. Eine visuelle Bonitur des Gesundheitsstatus wurde vorgenommen, siehe Tabelle 11. Das Material für den ELISA-Test wurde gesammelt und ist in Auftrag gegeben (siehe Kapitel 4.5).

Aus dem Erhaltungsprojekt Saale-Unstrut und Sachsen sind 15 Klone von 11 Sorten für die On-Farm Parzelle vorgesehen, siehe Tabelle 12. Außerdem werden noch die Sorten Grünfränkisch sowie Urban Schwarz ergänzt.

Tabelle 11: Historische Sorten, die zur On-Farm Erhaltung in eine neue Parzelle am Geilweilerhof gepflanzt wurden.

Leitname	VVC-Kennnummer	Akzessionsname	Akzessionsnummer	Reben	Pflanzjahr	Herkunft der Pflanzen	Virusstatus - visuelle Bonitur
AELFRAENKISCH	23324	AELFRAENKISCH	DEU098-2011-085	20	2015	Zappendorf /Saale Unstrut	-
AELFRAENKISCH	23324			20	2015	Veitshöchheim	LRV
AFFENTHALER	79	KAISERSBACH MITTE 287	DEU098-2007-080	20	2015	Kaisersbach	LRV
AFFENTHALER	79	AFFENTHALER	DEU098-2012-151	20	2015		-
AFFENTHALER	79	AFFENTHALER	DEU098-2010-100	20	2015	Großbottwar	-
AFFENTHALER	79	UNBEKANNT DEU098-2010-206	DEU098-2010-206	20	2015	Kaisersbach	LRV
AFFENTHALER	79	AFFENTHALER	DEU098-2011-086	20	2015	Freyburg	LRV
BEERHELLER	1084	BEERHELLER	DEU098-2001-084	20	2015	HUN045	-
BEERHELLER	1084	BEERHELLER	DEU098-1998-136	20	2015	DEU454	-
BURGUNDER FRAENKISCHER KLEINER	24712	HARTIG 366	DEU098-1997-043	20	2015	Weimar	LRV
BURGUNDER GROSS	24704	STOLLE 502	DEU098-1997-063	20	2015	Nebra	GFLV
BURGUNDER GROSS	24704	ABONDANCE	DEU098-2011-080	20	2015	Höhnstedt	GFLV
CEP ROUGE	5184	MOHRENKÖNIGIN	DE/WÜ 057 339 15	20	2016	Veitshöchheim	zu jung
GEWUERZTRAUBE	41598	GEISENHAWN 30/96	DEU098-1997-037	20	2015	Nebra	-
GEWUERZTRAUBE	41598	UNBEKANNT DEU098-2011-098	DEU098-2011-098	20	2015	Freyburg	-
GEWUERZTRAUBE	41598	UNBEKANNT DEU098-2011-099	DEU098-2011-099	20	2015	Naumburg	LRV
HARTBLAU	24633			12	2015	ergänzen mit jeweils 4 Stöcken Hartschwarz und Scheuchner aus der Schweiz, übrige Pflanzen in P.66	GFLV
HEUNISCH BLAU	5370	UNBEKANNT WILDTYP 701 N	DEU098-2007-059	20	2015	Heidelberg/Liedvogel	-
FITZREBE	5370	FITZREBE	DEU098-2007-058	20	2015	Heidelberg/Burgstaller	-
HEUNISCH SCHWARZ	12555	HOHMANN 21/23/24/96	DEU098-2001-109	20	2015	Kathert'scher Weinberg	-
KLEINBERGER GELBER	24639	KLEINWEISS	DEU098-2010-093	20	2015	Badische Bergstrasse	LRV
KLEINBERGER GELBER	24639	KLEINWEISS / KLEINBERGER	DEU098-2011-103	20	2015	Nussloch, Baden	GFLV
KOELNER BLAU	6344	KOELNER BLAU	DEU098-2010-106	20	2015	Bad Abbach	GFLV
KOELNER BLAU	6344	BLAUER KÖLNER (KL. WÜ0401)	DE/WÜ 057 338 15	20	2016	Veitshöchheim	zu jung

LAGLER WEISS	24537			12	2015	ergänzen mit jeweils 2x2 Kirsch-Jena und 4 Stöcken Ahorntraube aus der Schweiz, übrige Pflanzen in P.66	LRV / GFLV
MEHLWEISS	25191	MEHLWEISS	DEU098-2011-093	20	2015	Höhnstedt	-
MEHLWEISS	25191	MEHLWEISS = Augster weiss in DEU454		20	2015	DEU454	GFLV
MOEHRCHEN	24744	UVA RARA	DEU098-2011-095	20	2015	Höhnstedt	GFLV
OESTERREICHISCH WEISS	16840	OESTERREICHISCH WEISS	DEU098-2001-075	20	2015	AUT024	-
OESTERREICHISCH WEISS	16840	OSZTRAK FEHER	DEU098-2001-089	20	2015	HUN045	-
PINOT PRECOCE NOIR	9280			10	2015	Heidelberg	LRV
PURCSIN	9822	PURCSIN SCHWARZER ROEMER	DEU098-2001-114	20	2015	CHE101	-
PURCSIN	9822	PURCSIN	DEU098-2010-202	20	2015	CHE101	LRV
RIESLING ROT	10076	RIESLING ROT	DEU098-1998-129	10	2015	DEU456	
SILVANER BLAU	11804	SCHWARZER SILVANER	DEU456-863	10	2015	Veitshöchheim	LRV
SILVANER ROT	11807		DEU456-861	10	2015	Veitshöchheim	LRV
VELTLINER WEISS	20305	VELTLINER WEISS	DEU098-2010-180	20	2015	Franken	-
VOGELFRAENKISCHE	24640			20	2015	Veitshöchheim	GFLV
ZIMMETTRAUBE BLAU	24493	ZIMMETTRAUBE BLAU	DEU098-2010-151	20	2015	Flörsheim Rheinhessen	GFLV
ZIMMETTRAUBE BLAU	24493	UNBEKANNT DEU098-2011-102	DEU098-2011-102	20	2015		GFLV

Tabelle 12: Zur On-Farm Erhaltung vorgesehene Sorten.

VVC-Kenn- nummer	Leitname	Akzessionsname
11807	SILVANER ROT	Blauer Silvaner
11807	SILVANER ROT	Blauer Silvaner
22464	EICHELTRAUBE BLAU	Eicheltraube
17316	MEDOC NOIR	Medoc Noire
5111	GUEUCHE NOIR	BLAUER GAMAY
11807	SILVANER ROT	ROTER SILVANER

24704	BURGUNDER GROSS	GROSSER BURGUNDER
24904	KOENIGSTRAUBE WEISS	WEISSER VELTLINER
24537	WEISSER LAGLER	WEISSER LAGLER
24537	TAUBERSCHWARZ	BLAUE CHAMPAGNER TRAUBE
24704	BURGUNDER GROSS	GROSSER BURGUNDER
24704	BURGUNDER GROSS	GROSSER BURGUNDER
5374	HEUNISCH WEISS	HEUNISCH WEISS
767	AUGSTER WEISS	HARSLEVELÜ
25191	MEHLWEISS	MEHLWEISS

4.3.4. Bewerbung der On-Farm Erhaltung

Die Bewerbung der Erhaltung von seltenen historischen Sorten im Weingut geschah durch Weinproben, das Aufstellen von Postern und durch Vorträge.

Weinproben

Jedes Jahr im August werden an zwei Tagen die Weine der pilzfesten Neuzüchtungen des Geilweilerhofs einer breiten Öffentlichkeit (ca. 300 Besuchern) vorgestellt und probiert. Im Rahmen dieser Veranstaltung wurden im Jahr 2016 auch die Weine von folgenden Rebsorten zur Verkostung angeboten: Barthainer Weiß, Gelbhoelzer Blau, Gruenling Weiß, Heunisch Weiß, Oesterreichisch Weiß und Orangetraube. Die Resonanz war sehr ermutigend.

Um Winzer für den Anbau der seltenen historischen Rebsorten zu gewinnen bedarf es der Bewerbung mit hochwertigen Produkten, die das ganze Qualitätspotential offenlegen. Deshalb war in den zwei vorausgegangenen Jahren auf eine Vorstellung der Weine verzichtet worden. Aufgrund des verregneten Herbstes im Jahr 2013 und einem nassen Juli und August 2014 entstanden Säuerlinge, die zudem von Botrytisbefall gekennzeichnet waren. Außerdem beförderte 2014 die Kirschessigfliege die Beerenfäulnis noch ehe die Vollreife erreicht war.

Anfang Juli 2015 und 2017 wurde am Geilweilerhof die „Nacht der Weinforscher“ veranstaltet. Zu diesem Anlass wurden den Gästen jeweils fünf Weine von seltenen historischen Rebsorten zur Verkostung angeboten. Im Jahr 2015 waren dies

Gänsfüßer Blau, Heunisch Weiß, Riesling Rot, Silvaner Blau sowie Gutedel Rot und 2017 Elbling Weiß, Räuschling Weiß, Grünfränkisch, Tauberschwarz sowie Rosenmuskateller. Die Weine stammten von Weingütern. Auch hier bewerteten die Besucher die Weine durchgehend positiv und sie zeigten sich sehr interessiert an der jeweiligen Sortengeschichte.

Poster

Zwei Poster wurden erstellt, und bei den Weinproben und am Tag der offenen Tür des Geilweilerhofs aufgestellt:

„*On-Farm-Erhaltung von historisch bedeutenden Rebsorten*“. Es beschreibt die Ziele des Vorhabens wie z. B. die Bereicherung des Sortenspektrums, die Erhöhung der genetischen Vielfalt durch Klonerhaltung und die Notwendigkeit der Erhaltung der Diversität für nachfolgende Generationen und das BÖLN-Projekt.

„*On-Farm Weinberge: Listung in der Deutschen Genbank Reben*“, das die Initiative bewirbt, die Weingüter in die Deutsche Genbank Reben aufzunehmen und das BÖLN-Projekt vorstellt.

Vorträge

Zwei Vorträge hatten die On-Farm Erhaltung zum Thema:

„*Die Sicherung genetischer Ressourcen als gesellschaftliche Aufgabe. Das Beispiel des Weinbaus*“. Symposium historische Rebsorten. Hochschule Geisenheim University, 18. November 2016. Hier wurden vor allem die positiven Aspekte der Erhaltung seltener historischer Sorten im Weingut dargelegt:

- Erhaltung einer großen Anzahl Rebstöcke
- Erhaltung mehrerer unterschiedlicher Klone
- Erweiterung der genetischen Basis durch Mutationen ist denkbar
- Anbau unter Praxisbedingungen zur Bewertung der Eigenschaften und Weinqualität
- Bereicherung des Qualitätsweinbaus
- Spezialitäten / Nischenerzeugnisse erzielen eine höhere Wertschöpfung

- Dem Marketing nutzen historische Aspekte und Attribute wie "einheimisch, historisch, selten, vernachlässigt, verschollen, vergessen, wiederentdeckt, Rarität".

Die Listung der Weingüter in der Deutschen Genbank Reben hat zum Ziel:

- Erfahrungen weiterzugeben und sich mit anderen auszutauschen
- Historische Sorten weiterzuvermitteln
- Zugang zu Vermehrungsmaterial zu erleichtern
- Das Finden von Weinen seltener historischer Rebsorten zu erleichtern.

Die Listung der Weingüter in der Deutschen Genbank Reben stützt die Interessen von mehreren Akteuren gleichermaßen: Winzer, Weinkunden, Weinhändlern, Rebveredlern und Journalisten dieses Fachbereichs.

„Nationale Vernetzung und europäische Vernetzung im Bereich On-Farm bei Reben“.
 Vortrag an der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, anlässlich des Fachgesprächs zum Thema „On-Farm-Kompetenzzentren“ am 15. und 16. Februar 2017. Das Vorhaben On-Farm Erhaltung im Weingut und das Vorhaben der Dokumentation der Sorten und der Betriebe die in der Deutschen Genbank Reben wurde vorgestellt. Die Notwendigkeit eines vereinfachten Verfahrens wurde diskutiert, das den Anbau von nicht klassifizierten alten Rebsorten ohne Verwaltungsaufwand ermöglicht.

4.3.5. Dokumentation der On-Farm Weingüter in der DGR

Die Aufgabe war Winzerbetriebe zu finden die seltene historische Rebsorten anbauen, deren Weine vermarkten und die eine Aufnahme in die Deutsche Genbank Reben wünschen. Eine kurze Beschreibung sollte auf das Vorhaben aufmerksam machen und man erhoffte das Interesse von Winzern zu wecken. Ein Artikel erschien in der Fachzeitschrift „Der Deutsche Weinbau“, Mai 2016, Heft 11, siehe Anhang 1. Es erfolgte keinerlei Resonanz. Damit waren die Weichen gestellt: die Kontaktaufnahme konnte nur direkt erfolgen. Es galt Winzer ausfindig zu machen, die seltene Sorten anpflanzen, diese direkt anzusprechen und für das Projekt zu gewinnen.

Beschreibungskriterien für die On-Farm Erhaltung

Zur Einrichtung einer On-Farm Webseite in der Deutschen Genbank Reben wurde analog der FAO / ECPGR Multi Crop Passportdeskriptoren ein Fragekatalog für die Beschreibung der On-Farm erhaltenen Rebsorten, Weingüter und Rebanlagen erstellt. Eine Orientierung lieferten die Merkmale, die im Europäischen Projekt GrapeGen06 (008 AGRI GEN RES 870/2004) entwickelt wurden. Hilfreich war in diesem Zusammenhang ein auf ein Jahr befristetes Projekt des Europäischen Kooperationsprogramms für Pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR-Aktivität „Grant Scheme“ - 2017) mit dem Titel: „On-Farm-Inventar von seltenen Rebsorten in der Europäischen *Vitis* Datenbank“. Zwölf Länder sind daran beteiligt. Es wird vom Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof koordiniert. Bereits im Vorfeld der Antragstellung wurde mit den Partnern des Projekts über die Inhalte der Deskriptorenliste befunden.

Mit dem On-Farm Fragekatalog für die Deutsche Genbank Reben werden die Kontaktdaten der Winzer (11 Deskriptoren), die Methode der Feststellung der Sortenechtheit, die Gründe für die Sortenwahl (13 Deskriptoren), eine detaillierte Beschreibung der Weinbergsanlage und des Pflanzmaterials (19 Deskriptoren) und Sonstiges (6 Deskriptoren) erfasst (siehe Anlage 2).

4.4. Duplikaterhaltung

Die Duplikaterhaltung von bedrohten historischen Sorten stellt eine zentrale Maßnahme zur Verhinderung der Generosion dar. Dazu wurde während des Projekts nach der Sortenidentifikation eine Prioritätenliste erstellt, um die Sicherung bestimmter Akzessionen an mindestens einem zweiten Standort zu gewährleisten (siehe Tabelle 13). Alle Akzessionen sind dabei weltweit kaum noch zu finden oder stellen sogar komplette Unikate dar und bedürfen deshalb einer besonderen Schutzmaßnahme. Mit einem Teil der zu erhaltenden Sorten wurde bereits am JKI Geilweilerhof in Siebeldingen während des Projekts begonnen (siehe Tabelle 14). Die Duplizierung eines weiteren Teils erfolgt im Jahr 2017 und 2018, so dass

voraussichtlich 2018 alle besonders zu schützenden Akzessionen an mindestens einem weiteren Standort dupliziert sein sollten.

Tabelle 13: Zur Duplikaterhaltung vorgesehene Akzessionen.

Erhaltende Einrichtung	Akzessionsnummer	Akzessionsname	Leitname	VVC-Kennnummer	Sortenechtheit	Anmerkung
DEU098	DEU098-2000-019	FRAUELER	BARTHAINER WEISS	1014	ja	existiert nur noch in ITA362
DEU098	DEU098-1998-100	BATTTRAUBE	BATTTRAUBE	1041	unklar	existiert nur noch in FRA139 und CHE120
DEU098	DEU098-1998-128	BLATTERLE	BLATTERLE	1455	ja	existiert nur noch in ITA014
DEU098	DEU098-2001-113	PLANTSCHER	BOURGOGNE GROS	1614	ja	existiert an vier weiteren Standorten
DEU454	DEU454-L-25-6-2	FINTENDO	FINTENDO	4132	ja	2017_Duplizierung in DEU098
DEU098	DEU098-2006-102	GRUENLING WEISS	GRUENLING WEISS	5090	ja	existiert nur noch in BGR013
DEU454	DEU454-L-15-7-2	TUSALI KARA	GUZAL KARA	5150	ja	2017_Duplizierung in DEU098
DEU454	DEU454-L-16-8-2	AK SHEKEREK	KARA UZYUM NUKHURSKII	5975	ja	2017_Duplizierung in DEU098
DEU098	DEU098-1980-218	RAZAKI DUMANLI	RAZAKI DUMANLI	9946	keine Referenz	existiert nur noch in TUR035
DEU098	DEU098-2006-140	RAZAKI UFAK	RAZAKI UFAK	9951	keine Referenz	existiert nur noch in TUR035
DEU098	DEU098-2001-109	HOHMANN 21/23/24/96	HEUNISCH SCHWARZ	12555	ja	existiert nur noch in FRA139
DEU098	DEU098-1998-133	URBANITRAUBE	URBANITRAUBE BLAU	12786	ja	existiert nur noch in FRA139 und AUS034
DEU454	DEU454-L-28-6-3	MEUNIER TETE DE NEGRE	MEUNIER TETE DE NEGRE	15031	ja	2017_Duplizierung in DEU098
DEU098	DEU098-1980-170	RAZAKISI ANTEP	RAZAKISI ANTEP	16673	keine Referenz	existiert nur noch in TUR041
DEU098	DEU098-1980-385	KONYA BOZKIR	RAZAKISI KONYA BOZKIR	20527	keine Referenz	Unikat weltweit
DEU098	DEU098-2006-087	ROT-WEISSER VELTLINER	VELTLINER ROTWEISS	22521	ja	Unikat weltweit
DEU098	DEU098-2001-118	STOLLE 514	PERIDAC	24242	ja	existiert nur noch in FRA139
DEU098	DEU098-2007-019	RAEUSCHLING ROT	RAEUSCHLING ROT	24627	ja	existiert nur noch in CHE120
DEU098	DEU098-1997-063	STOLLE 502	BURGUNDER GROSS	24704	keine Referenz	Unikat weltweit
DEU098	DEU098-1998-097	JAVOR WEISS	JAVOR WEISS	24944	ja	existiert auch in DEU454 - ohne DGR-Eintrag
DEU098	DEU098-1980-200	MAROC GROS	GEISDUTTE BLAU	40836	keine Referenz	Unikat weltweit
DEU098	DEU098-1997-037	GEISENHAHN 30/96	GEWUERZTRAUBE	41598	keine Referenz	Unikat weltweit

Tabelle 14: Akzessionen die bereits erfolgreich am IRZ Geilweilerhof dupliziert wurden.

Erhaltende Einrichtung	Akzessionsnummer	Akzessionsname	Leitname	VVC-Kennnummer	Sortenechtheit	Anmerkung
DEU456	DEU456-841	AGOSTENGA ROSA	ERLENBACHER SCHWARZ	22845	ja	Duplizierung in DEU098 erfolgt
DEU457	DEU457-281	AELFRAENKISCH WUE 0814	AELFRAENKISCH	23324	ja	Duplizierung in DEU098 erfolgt
DEU457	DEU457-297	WEISSER LAGLER WUE 0819	LAGLER WEISS	24537	ja	Duplizierung in DEU098 erfolgt
DEU457	DEU457-285	HARTBLAU WUE 0802	HARTBLAU	24633	ja	Duplizierung in DEU098 erfolgt
DEU457	DEU457-295	VOGELFRAENKISCH WUE 0815	VOGELFRAENKISCHE	24640	keine Referenz	Duplizierung in DEU098 erfolgt
DEU454	DEU454-L-22-6-2	AUGSTER WEISSER	MEHLWEISS	25191	ja	Duplizierung in DEU098 erfolgt
DEU454	DEU454-L-9-3-3	PINOT TETE DE NEGRE	PINOT TETE DE NEGRE	15091	ja	Duplizierung in DEU098 erfolgt
DEU456	DEU456-1157	DABOUKI	DABOUKI	3309	ja	Duplizierung in DEU098 erfolgt
DEU456	DEU456-1393	MUSKA	MUSKA	8262	ja	Duplizierung in DEU098 erfolgt

4.5. Virustests

Um eine dauerhafte Qualitätssicherung des genetischen Materials der DGR zu gewährleisten, wurden nach erfolgreicher Sortenidentifikation seltene und historische Akzessionen zur Virustestung ausgewählt. Bei Befall soll anschließend eine Virusfreimachung veranlasst werden. Die zur Virustestung vorgesehenen 91 Akzessionen sind in Tabelle 15 aufgeführt. Dazu wurden im Winter 2016 Schnittholzproben jeder Akzession angefertigt und nach Geisenheim gesendet. Im Rahmen der amtlichen Prüfung sollen folgende Viren mittels ELISA-Test überprüft werden.

- a) Komplex der Reisigkrankheit: Grapevine fanleaf virus (GFLV);
Arabis mosaic virus (ArMV)
- b) Blattrollkrankheit: Grapevine leafroll-associated virus 1 (GLRaV-1);
Grapevine leafroll-associated virus 3 (GLRaV-3)
- c) Fleckkrankheit: Grapevine fleck virus (GFkV)
(nur bei Unterlagsreben)

Die Ergebnisse werden bis Ende 2017 erwartet, entsprechend in die DGR-Datenbank eingepflegt und die nötigen Maßnahmen ergriffen.

Tabelle 15: Akzessionen, die für einen Virustest vorgesehen sind.

Akzessionsnummer	Akzessionsname	Leitname	VVC-Kennnummer
DEU098-1980-118	ABJOSH	ABJOUCH	17
DEU098-1993-319	GAENSFUESSER BLAU	GAENSFUESSER BLAU	586
DEU098-1992-087	ASPIRANT	HEUNISCH WEISS SEEDLESS	699
DEU098-1992-087	ASPIRANT	HEUNISCH WEISS SEEDLESS	699
DEU098-1997-049	HOHMANN 24/29/96	AUGSTER WEISS	767
DEU098-2000-019	FRAUELER	BARTHAINER WEISS	1014
DEU098-1998-100	BATTTRAUBE	BATTTRAUBE	1041
DEU098-1990-131	BAYAN SHIREI	BAYAN SHIREI	1049
DEU098-2001-084	BEERHELLER	BEERHELLER	1084
DEU098-1998-136	BEERHELLER	BEERHELLER	1084
DEU098-1998-128	BLATTERLE	BLATTERLE	1455
DEU098-2001-113	PLANTSCHER	BOURGOGNE GROS	1614
DEU098-2000-037	EICHELTRAUBE	COARNA ALBA	2724
DEU098-2000-031	KOENIGSTRAUBE	COARNA NEAGRA	2726
DEU098-2001-086	CSOMORIKA	CSOMORIKA	3281
DEU098-2007-079	FISCHTRAUBE 24	CSOMORIKA	3281

DEU098-2006-101	GROBRIESLING	ELBLING WEISS	3865
DEU098-1997-045	HARTIG 382	FERDINAND DE LESSEPS	4088
DEU098-2006-111	SILBERWEISSE	FURMINT	4292
DEU098-2001-007	SHAFEI	GORDIN VERDE	4903
DEU098-2006-102	GRUENLING WEISS	GRUENLING WEISS	5090
DEU098-1993-301	HANS	HANS	5286
DEU098-1993-302	HANS WEISS	HANS	5286
DEU098-1997-020	??? 4/3	HANS	5286
DEU098-2006-106	LAEMMERSCHWANZ	HARSLEVELUE	5314
DEU098-2007-058	UNBEKANNT WILDTYP 701	HEUNISCH BLAU	5370
DEU098-2007-059	UNBEKANNT WILDTYP 701 N	HEUNISCH BLAU	5370
DEU098-1997-014	HEUNISCH ROT	HEUNISCH ROT 1	5372
DEU098-1990-142	PEKASORE	HEUNISCH ROTGESTREIFT	5373
DEU098-1990-142	PEKASORE	HEUNISCH ROTGESTREIFT	5373
DEU098-1993-303	HEUNISCH WEISS	HEUNISCH WEISS	5374
DEU098-1980-227	KANDAHARI SAFID	KANDAHARI SAFID	5955
DEU098-1980-230	KATAH SAFID	KHALDAR	6139
DEU098-2006-108	SCHAIBKERN	KOELNER BLAU	6344
DEU098-2006-117	URREBE STEIRISCHE	KOELNER BLAU	6344
DEU098-2006-113	SLANKAMENKA WEISSE	KOEVIDINKA FEHER	6355
DEU098-2006-099	GOLDMUSKATELLER	MOSCATO GIALLO	8056
DEU098-2006-115	STEINSCHILLER WEISSER	MUSTOASA DE MADERAT	8311
DEU098-1980-382	ZIMSKO BELO	OPSIMOS EDESSIS	8789
DEU098-1993-312	ORLEANS GELB	ORLEANS GELB	8805
DEU098-1993-313	ORLEANS GRUEN	ORLEANS GRUEN	8806
DEU098-2006-112	SLANKAMENKA ROTE	PAMID	8899
DEU098-2006-114	STEINSCHILLER ROTER	PAMID	8899
DEU098-2006-152	SCHOENE BLAUE VON QUINTA	PELOURSIN NOIR	9107
DEU098-2006-154	GRUENER PORTUGIESER (ROTGIPFLER)	PORTUGIESER GRUEN	9624
DEU098-2006-156	KADARKA WEISSE	POZSONYI	9653
DEU098-2001-114	PURCSIN / SCHWARZER ROEMER	PURCSIN	9822
DEU098-2000-029	RAEUSCHLING LLANER	RAEUSCHLING WEISS	9874
DEU098-1993-316	RAEUSCHLING WEISS	RAEUSCHLING WEISS	9874
DEU098-2001-108	LANG'S FRUEHTRAUBE	RASTIGNIER	9926
DEU098-2006-138	RAZAKI PEMBE	RAZAKI PEMBE	9948
DEU098-2006-140	RAZAKI UFAK	RAZAKI UFAK	9951
DEU098-2006-104	KOENIGSTRAUBE	CHAOUCH BLANC	10196
DEU098-1998-111	JUNGFERLEN	JUNGFERLEN	20531
DEU098-2002-003	FARBTRAUBE	TEINTURIER	12304
DEU098-2001-109	HOHMANN 21/23/24/96	HEUNISCH SCHWARZ	12555
DEU098-2006-098	GELBLING	VELTLINER BRAUNWEISS	12929
DEU098-2006-118	WILDBACHER BLAU	WILDBACHER BLAU	13234
DEU098-2001-092	WILDBACHER BLAU	ZAZINAK	13400
DEU098-1997-016	??? 13/2	ZIMMETTRAUBE GRAU RAUCHFARBIG	13449
DEU098-2001-111	CORTHUMTRAUBE	TAUBERSCHWARZ	16156
DEU098-2000-040	CORTHUM	TAUBERSCHWARZ	16156
DEU098-1997-034	SUESSROT 11/1	TAUBERSCHWARZ	16156

DEU098-1998-132	SUESSROT (TAUBERSCHWARZ)	TAUBERSCHWARZ	16156
DEU098-1993-299	GELBHOELZER BLAU	GELBHOELZER BLAU	16158
DEU098-2000-027	RAEUSCHLING BLAUER	GELBHOELZER BLAU	16158
DEU098-2001-075	OESTERREICHISCH WEISS	OESTERREICHISCH WEISS	16840
DEU098-2001-089	OSZTRAK FEHER	OESTERREICHISCH WEISS	16840
DEU098-1993-315	ORANGETRAUBE	SAVAGNIN BLANC	17636
DEU098-1980-385	KONYA BOZKIR	RAZAKISI KONYA BOZKIR	20527
DEU098-1980-311	RASHEH	KHOSHNAV	22832
DEU098-1998-094	LUEBECK	TEINTURIER LUEBECK	23366
DEU098-1997-029	MALVASIER WEISS 6/4	MALVOISIE DE LASSERAZ	23556
DEU098-2007-004	SANTA PAULA	SANTA PAULA	23941
DEU098-1980-145	BOGDANUSA	RAZACHIE ALBA	24130
DEU098-2000-020	GEISDUTTE WEISS	GEISDUTTE WEISS	24149
DEU098-1998-103	GEISDUTTE WEISS	GEISDUTTE WEISS	24149
DEU098-1997-025	GEISDUTTE WEISS 3/8	GEISDUTTE WEISS	24149
DEU098-2001-118	STOLLE 514	PERIDAC	24242
DEU098-2007-018	HEUNISCH DREIFARBIG	HEUNISCH DREIFARBIG	24544
DEU098-2007-018	HEUNISCH DREIFARBIG	HEUNISCH DREIFARBIG	24544
DEU098-2007-019	RAEUSCHLING ROT	RAEUSCHLING ROT	24627
DEU098-1997-063	STOLLE 502	BURGUNDER GROSS	24704
DEU098-1998-125	NR. 366	BURGUNDER FRAENKISCHER KLEINER	24712
DEU098-1997-043	HARTIG 366	BURGUNDER FRAENKISCHER KLEINER	24712
DEU098-1998-097	JAVOR WEISS	JAVOR WEISS	24944
DEU098-2007-002	MENAVACA BIANCA	MENAVACA NERA	40736
DEU098-1997-037	GEISENHAHN 30/96	GEWUERZTRAUBE	41598
DEU098-1998-121	SCHLOSSWEINBERG VITZENBURG NR. 34	FOSTER'S WHITE SEEDLING	4204
DEU098-1980-436	GOLDBURGER	GOLDBURGER (NON IDENTIFIED)	42094
DEU098-1980-233	SIAGAG	SIAGAG (NON IDENTIFIED)	42125

5. Diskussion der Ergebnisse

Schon das UN-Übereinkommen über die biologische Vielfalt (Agenda 21: zentrales, rechtlich allerdings nicht verbindliches Abschlussdokument der Konferenz der Vereinten Nationen für Umwelt und Entwicklung in Rio de Janeiro – 1992), steht für die koordinierten internationalen Bemühungen aktiv die genetischen Ressourcen zu schützen. Das Bundeskabinett beschloss deshalb am 7. November 2007 die „Nationale Strategie zur biologischen Vielfalt“ als Teil der staatlichen Vorsorgepolitik. Zusätzlich verfasste das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV, heute BMEL) eine weitere umfassende Maßnahme zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung der „Agrobiodiversität“ in Deutschland.

5.1. Sortenidentifizierungen

Bis Projektende konnten für alle Akzessionen der DGR die genetischen Fingerabdrücke erstellt werden. Die Allelgrößen wurden mit Hilfe von allelischen Leitern angepasst und mit der Markerdatenbank abgeglichen.

Die Sortenechtheitsfeststellung der genetisch besonders diversen Resistenzträger mit genetischem Hintergrund aus Nordamerika und Asien ist jedoch für den Standort JKI Geilweilerhof noch im Gange (14 Marker komplett ausgewertet; 13 Auswertung im Gange). Die Besonderheit der Resistenzträger, die mehr als die Hälfte des Sortimentsbestandes ausmachen, liegt in der schwierigeren Auswertung der Profile im Vergleich zu *Vitis vinifera*. Zunächst lag der Fokus internationaler Sortenidentifizierungen hauptsächlich auf *Vitis vinifera*-Sorten, so dass es kaum Referenzprofile für Resistenzträger mit hohem Wildartanteil gibt und auch ampelographisch ist dieses Material oft kaum beschrieben. Infolgedessen kann eine eindeutige Identifikation sehr komplex und zeitintensiv sein. Die vollständige Bearbeitung der Sortenechtheitsfeststellung ist deshalb noch im Gange und wird schnellstmöglich abgeschlossen. Nach weiteren ampelographischen Überprüfungen im Sommer 2017 und 2018 sollten voraussichtlich die Arbeiten diesbezüglich abgeschlossen sein, so dass bis Ende des Jahres 2018 mit einem umfangreichen Update der DGR-Datenbank zu rechnen ist.

Insgesamt konnten von den 2521 bisher analysierten Akzessionen 94,6% eindeutig identifiziert werden; 278 (11,65%) waren falsch benannt. Dies deckt sich ungefähr mit den 5-10% vorhergesagten Falschbenennungen pro Sortiment von Dettweiler (1992).

Bedingt durch die umfangreiche Markerdatenbank des JKI Geilweilerhof und die vielen vorangegangenen Projekte konnten nur 135 Akzessionen (5,36%) nicht eindeutig zugeordnet werden. Dieser Wert ist deutlich geringer als erwartet und steht symbolisch für die großen Erfolge und Notwendigkeit der internationalen Vernetzung im Weinbau.

5.2. Programmierungen

Durch die Verwendung von Yii-Framework wurde eine sichere und zukunftsweisende Anwendung geschaffen. Die DGR ist bereits kompatibel mit der neusten PHP-Version, die im nächsten Jahr mit der neusten Long Term Support Version vom Linux Debian Betriebssystem auf den Webserver eingespielt werden wird. Auch Sicherheitsrisiken die heute noch gar nicht bekannt sind, können mit einer hohen Wahrscheinlichkeit lediglich durch Update des Yii Frameworks behoben werden.

Außerdem ist die Anwendung sehr flexibel gestaltet, sodass auch zukünftige Anpassungen relativ schnell und einfach durchführbar sind. Dadurch ist die Zukunftssicherheit der DGR-Webanwendung in einem weiten Punkt gewährleistet.

Zudem bietet die neue DGR den Nutzern mehr Komfort als die vorangegangene Web-Anwendung. So können bei den meisten tabellarischen Suchergebnissen einfache weitere Einschränkungen ausgeführt werden oder einzelne Suchkriterien in der Ergebnisansicht auch wieder gelöscht werden.

Neben der zu Beginn einer Recherche zur Verfügung stehenden Passportsuche sind noch weitere Suchmöglichkeiten für die Nutzer der DGR verfügbar. So können jetzt auch Virus-, Merkmals-, Mikrosatellitendaten und Fotos der DGR-Akzessionen gefunden werden.

Die SMTA-Bestellung ist nun sehr komfortabel geregelt, da nun die SMTA-Verträge bereits automatisch als PDF erzeugt werden und diese den Antragsstellern direkt per Email zugeschickt werden erleichtert dies den Mitarbeitern an den verschiedenen Sammlungseinrichtungen die Arbeit. Zusätzlich erhalten die Mitarbeiter direkt eine Excel-Datei mit den Standorten des Pflanzenmaterials, so dass die Suche nach Standorten der Akzessionen im Sortiment ebenfalls entfällt. Alle Bestellungen werden

außerdem in der Datenbank gespeichert, sodass für die BLE direkt ein Bericht erstellt werden kann.

Desweiteren wurde eine eigenständige Webanwendung mit dem Namen „Pflanzen Lage Administration“ (PLA) entwickelt. Mit PLA werden die Standorte der einzelnen Reben verwaltet. Sie bietet Schnittstellen für weitere Anwendungen, die ebenfalls Standortinformationen benötigen. Die Anwendung wurde zwar für die Bedürfnisse des Instituts für Rebenzüchtung entwickelt, jedoch wird auch über einen Einsatz für andere Institute des JKI nachgedacht.

Auch mit der Bonitur-Applikation für die Android Tablets wird sich der zeitliche Aufwand für die Anwender verringern, da diese nun wesentlich effektiver arbeiten können. Aufwendige Nachbereitungszeiten von Feldbonituren entfallen, denn die Ergebnisse werden nun direkt in einer Excel-Datei gespeichert. Im Vergleich zu dem vorherigen Übertragen der handschriftlichen Notizen ist die Fehlerquote gering und ein spürbarer Zeitgewinn geschaffen.

5.3. On-Farm Management

Aus der Sicht der Bewahrung der genetischen Diversität seltener historischer Rebsorten ist der Anbau im Weingut zwangsläufig ein Muss. Anstelle der wenigen Pflanzen in staatlichen Sammlungen stehen in den Weinbergen eine größere Stockanzahl und günstigenfalls auch unterschiedliche Klone. Ältere Sorten, wie z. B. die Burgunder, neigen häufiger zur Mutantenbildung. Auch solche Phänomene lassen sich bei größeren Beständen beobachten. Somit geht es bei der On-Farm Erhaltung außer den ökonomischen und kulturellen Aspekten noch um die Sicherung einer breiten genetischen Basis auch für zukünftige Winzer- und Weingenießer-Generationen. Diese neue Aktivität der Branche entlastet die öffentliche Hand und legt einen Teil der Erhaltungsverantwortung in die Hände des Berufsstandes.

Für die Erhaltung in einem Weingut eignen sich vornehmlich diejenigen seltenen historischen Rebsorten, die den Ansprüchen der Praxis entsprechen. Weinbauliche Merkmale wie Austriebs- und Reifezeitpunkt, Wüchsigkeit und Ertrag spielen eine Rolle. Höchste Priorität genießt jedoch die Weinqualität.

Die Weinprobe, die im Anschluss an das „Symposium Historische Rebsorten“ in Geisenheim stattfand, belegte welche eigenständige Produkte erwartet werden können. Insbesondere die in erster oder zweiter Generation vom Traminer abstammenden Sorten sind imstande ausgezeichnete Gewächse zu produzieren. Somit konnte die im Rahmen dieses BÖLN-Projekts vorgenommene genetische Analyse der verwandtschaftlichen Beziehungen die organoleptische Perzeption bestätigen. Agronomische Merkmale der 25 Rebsorten in der 2015 aufgebauten On-Farm Anlage werden in den nächsten Jahren bewertet. Die Evaluierungsergebnisse sollen über die Deutsche Genbank Reben zugänglich gemacht werden.

Die On-Farm Anlage am Geilweilerhof wurde mit vermutlich einigen Jahrhunderten alten seltenen historischen Rebsorten bestockt. Das hohe Alter der Ursprungsstöcke erklärt ihren starken Virusbefall. Die erfassten ampelographischen Merkmale und die Beurteilung der weinbaulichen Eigenschaften ist dadurch verfälscht und entspricht nicht dem wahren Erscheinungsbild und dem Leistungspotential der Sorten. Die Erzeugung von gesundem Pflanzgut ist ein dringendes Anliegen (1) um den Sortenerhalt langfristig zu sichern und (2) um der Praxis virusfreies Pflanzgut anbieten zu können.

Ein Anliegen dieses BÖLN-Projekts war die Listung der On-Farm Weingüter in der Deutschen Genbank Reben. Auf den im Mai 2016 in der Fachzeitschrift „Der Deutsche Weinbau“ veröffentlichten Text blieb die Resonanz der Weinbaupraxis aus. Erste Kontakte zu Winzern entstanden anlässlich des „Symposiums Historische Rebsorten“ in Geisenheim. Elf Winzer zeigten sich sehr interessiert an einer Listung in der Deutschen Genbank Reben. Die schon weitestgehend ausgefüllte Deskriptorenliste mit Kontaktdaten, Weinbergslage, etc. wurde ihnen zugestellt. Trotz weiterer Gespräche kamen auch hier nur zwei Rückläufe. Die Ursache dafür mag in der chronischen Zeitnot der Winzer liegen. Monetäre Anreize für die Umstellung auf seltene historische Rebsorten wie zum Beispiel im Rahmen des von der EU finanzierten Umstrukturierungsprogramms böten eine Möglichkeit Winzer für diese Aktion zu gewinnen und zur aktiven Mitarbeit zu motivieren.

5.4. Duplikaterhaltung / Virustests

Bei der Sortenwahl wurden folgende Aspekte berücksichtigt:

1. Seltene historische Rebsorten des deutschsprachigen Raums mit Potential für die On-Farm Erhaltung:

Es handelt sich um Akzessionen, die in deutschen Sammlungen existieren wie zum Beispiel Gänsfüsser Blau, Gelbhölzer Blau, Heunisch Weiß und Orleans Gelb, oder durch das Erfassungsprojekt reben-genetischer Ressourcen in Deutschland wiederentdeckt wurden, wie zum Beispiel Adelfränkisch, Hartblau, Burgunder Groß und Zimmettraube Blau. Vorausgesetzt die agronomischen Eigenschaften und die Weinqualität entsprechen den Vorstellungen der Winzer und Weinkunden, ist eine Empfehlung für den Anbau vorgesehen. Die Weinbaupraxis ist an gesundem Pflanzgut interessiert. Die visuelle Bonitur des Virusstatus in der On-Farm Anlage des Geilweilerhofs ergab, dass mehr als 50% der Akzessionen entweder mit der Reisigkrankheit oder der Blattrollkrankheit infiziert sind. Dies ist insbesondere dann bedenklich, wenn von einer Sorte überhaupt keine gesunden Klone mehr existieren, wie bei Burgunder Fränkischer Kleiner, Burgunder Groß, Hartblau und Kleinberger Gelber, Lagler Weiss, Vogelfränkische und Zimmettraube Blau. Hier sollten Wege gefunden werden, um gesundes Material zu erzeugen, entsprechend der im Projekt „Erhaltung genetischer Ressourcen von *Vitis vinifera* L. durch innovative, nachhaltige Nutzung historischer Sorten in den Weinbaugebieten Saale-Unstrut und Sachsen“ praktizierten Methode.

2. Seltene historische Rebsorten des deutschsprachigen Raums mit soziokulturellem Wert:

Darunter fallen beispielsweise die Mutanten von Heunisch Weiß: Heunisch Weiss Seedless, Rotgestreifter Heunisch (nachgewiesenes Unikat am Geilweilerhof mit Herkunft aus Belgrad. Das dortige Rebsortiment wurde im Krieg auf dem Balkan zerstört) und Dreifarbiges Heunisch und sämtliche Sorten, die mit Heunisch sprachlich assoziiert sind, wie zum Beispiel Heunisch Schwarz, Heunisch blau, Heunisch Rot.

Dazu gehören Rebsorten, die früher im deutschsprachigen Raum vorkamen, erkennbar an einer deutschsprachigen Bezeichnung, wie z. B. Eicheltraube = Coarna alba, Königstraube = Coarna neagra. Diese Sorten waren wegen ihrer länglichen Beerenform Exoten. Alle Coarna-Sorten tragen zudem ein weibliches

Blütengeschlecht. Weitere Beispiele sind Steinschiller = Pamid, Schwarzer Römer = Purcsin und Lang's Frühtraube = Rastignier. Ein deutsches Unikat ist die Geisdutte Weiß mit olivenförmigen Beeren, die in keinem anderen Land vorkommt.

3. Seltene Sorten aus Osteuropa und Asien und insbesondere aus Regionen, die heute nicht mehr zugänglich sind:

Besonders erwähnenswert sind Bayan Shirei, Khaldar, Kandahari Safid, Razaki Pembe, Razaki Ufak, Zazinak, Razakisi Konya Bozkir, Khoshnav Javor Weiß, Menavacca Nera und Siagag (Non identified).

Die Genotypisierung der Rebsorten und die Feststellung der Identität mittels Vergleich der genetischen Sortenprofile halfen somit auch bei der Auswahl der Sorten für den Virustest.

6. Angaben zum voraussichtlichen Nutzen und zur Verwertbarkeit der Ergebnisse

Eine Abstammungsüberprüfung von 67 Neuzüchtungen zeigte, dass nur bei ca. 60% der Sorten korrekte Angaben zu den Kreuzungseltern von den Züchtern angegeben wurden (Maul *et al.*, 2013). Durch die Bestimmung der Sortenechtheit in der DGR können nun zuverlässig die Kreuzungseltern ausgewählt und entsprechende Abstammungsangaben angegeben werden. Desweiteren kann eine Abgabe von Akzessionen / Rebsorten mit gesicherter Sortenechtheit national sowie international erfolgen. Die Organisation der Duplizierung seltener historischer Rebsorten und züchtungsrelevanter Resistenzträger in den Sammlungen der Partner der Deutschen Genbank Reben trägt zum Schutz der genetischen Ressourcen bei, um die Weichen für einen nachhaltigen Weinbau zu stellen.

Die frei zugängliche Datenbank Deutsche Genbank Reben beinhaltet nicht nur die Informationen zu den Akzessionen, die mit dem genetischem Fingerabdruck und Fotos referenziert sind, sondern auch Angaben zur On-Farm Erhaltung historischer Rebsorten in Deutschland. Dadurch entstand eine Plattform für On-Farm Weingüter, in der alle Aktivitäten öffentlich eingesehen werden können. Somit können Erfahrungen weitergegeben werden und der Zugang zu Vermehrungsmaterial wird erleichtert. Die Listung der Weingüter stützt dabei die Interessen von Winzern, Weinkunden, Weinhändlern und Rebveredlern gleichermaßen. Generell trägt dies zusätzlich zur Werbung für den Erhalt seltener Rebsorten bei und entlastet – neben all den anderen positiven Aspekten - deutlich die staatlichen Institutionen.

7. Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen; Hinweise auf weiterführende Fragestellungen

Überprüfung der Sortenidentität

Das gesetzte Arbeitsziel, den genetischen Fingerabdruck für den gesamten Bestand der Deutschen Genbank Reben anzufertigen, wurde erreicht. Die Mikrosatellitenanalyse der genomischen DNA und der Chloroplasten DNA ist für alle Akzessionen gelaufen und die genetischen Profile wurden für sämtliche *Vitis vinifera*-Akzessionen (4186 Individuen) erstellt. Die Auswertung der genetischen Profile der Resistenzträger ist für 14 Marker durchgeführt. Die restlichen 13 Marker befinden sich noch in der Aufbereitung. Der Grund für die Schwierigkeiten bei der Bestimmung der Allelgrößen liegt darin, dass die Resistenzträger hohen Anteile an Wildallelen aufweisen. Circa fünfzehn verschiedene *Vitis* Arten aus dem asiatischen und vor allem dem amerikanischen Genpool sind in die komplexen Stammbäume der Resistenzträger eingeflossen.

Die Genauigkeit der genetischen Fingerabdrücke ist für die Identifikation der Synonyme, Homonyme und Bezeichnungsirrtümer von hoher Relevanz. Fakt ist, dass für den Vergleich der genetischen Profile punktgenaue Allelwerte vonnöten sind. Abweichungen von bereits einem Basenpaar führen zu Fehlinterpretationen und Identifikationsverlusten. Aus diesem Grund sind Peakinterpretation und Allelfestlegung eng verzahnt und dadurch arbeitsintensiv.

Dadurch, dass die Profile der Resistenzträger noch nicht komplett ausgewertet vorliegen ist die Feststellung der Sortenidentität nur punktuell erfolgt, sobald sich diesbezüglich Fragestellungen ergaben. Zum Beispiel um Profile für die Anzeige im *Vitis* International Variety Catalogue (IVC) abzusichern oder für die Klärung der Abstammungen. Hier sei besonders die geklärte Abstammung von Portugieser Blau und Lemberger Blau erwähnt. Außerdem konnte der Stammbaum von Regent, einer pilzfesten Neuzüchtung des Geilweilerhofs korrigiert werden sowie der von anderen neuen pilzfesten Sorten, die seit kurzem in Deutschland klassifiziert wurden. Diese Ergebnisse werden in einer Fachzeitschrift veröffentlicht, sobald von den Resistenzträgern alle Marker ausgewertet und mittels Programmen Duplikate und Sortenechtheit bestimmt und in der Deutschen Genbank Reben eingetragen sind.

Die Bewertung der agronomischen Merkmale (Austriebs-, Blüte-, Farbumschlag- und Reifezeitpunkt) wurde 2015 von 43 überwiegend seltenen historischen Sorten erfasst. Diese Daten sind über die Deutsche Genbank Reben verfügbar. Die hinzugekommenen Sorten in der neuen On-Farm Parzelle waren für die Erfassung der phänologischen Merkmale noch zu jung. Diese werden 2018 aufgenommen.

Programmierungen

Die geplanten Arbeiten konnten komplett realisiert werden. Das open-source Programmierwerkzeug Yii-Framework wurde verwendet und diese sichert durch Objektorientierung und die Nutzung von vorgefertigten Komponenten ein effektives und sicheres Grundgerüst. Zudem wurde dadurch eine weitestgehend vor Angriffen geschützte zukunftsfähige Anwendung geschaffen. Damit wurde ein Status erreicht, der der Modernität und den aktuellen Sicherheitsstands entspricht.

Durch die flexible Gestaltung der Anwendung sind zukünftige Ergänzungen einpflegbar.

Prioritätenbildung

Eine Liste mit den besonders gefährdeten und erhaltenswerten *Vitis vinifera*-Sorten wurde erstellt, nachdem die Sortenidentität diesbezüglicher Akzessionen in allen Sortimenten eindeutig feststand. Im Anschluss wurde eine 31 Sorten umfassende Liste mit der Empfehlung für die Duplikaterhaltung erarbeitet. Durch Absprache zwischen den Betreuern der Sammlungen wurden neun Sorten bereits sicherheitsdupliziert. Für die restlichen 22 Sorten wird bis Ende 2017 ein Duplikationsstandort festgelegt. Zur Eintragung in die rote Liste bedrohter Kulturpflanzen bedarf es einer umfangreicheren Kenntnis der Sorten. Die ampelographische Überprüfung der Identität der Neufunde durch morphologische Studien und der Vergleich mit ausführlichen Sortenbeschreibungen aus dem 19. Jahrhundert werden in den nächsten Jahren vollzogen.

On-Farm Management

Die geplanten Arbeiten wurden mit der On-Farm Anlage von besonders gefährdeten seltenen historischen Rebsorten am Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof und der Werbung durch Vorträge, Poster und Weinverkostungen erfüllt. Außerdem wurde erreicht, dass in der Deutschen Genbank Reben ein Portal für On-Farm Erhaltung

geschaffen wurde. Die Bemühungen weitere Winzer zu gewinnen laufen. Dieses Unterfangen wird durch das laufende ECPGR-Projekt (2017) „On-Farm-Inventar von seltenen Rebsorten in der Europäischen Vitis Datenbank sehr gestützt.

Qualitätssicherung

Die in der DGR vereinbarten Qualitätsstandards genügen zur dauerhaften Sicherung der Akzessionen. Hier bestand kein Handlungsbedarf. Akzessionen-Neuzugänge werden zukünftig umgehend genotypisiert, um damit die Angaben zur Sortenechtheit in der Deutschen Genbank Reben auf dem aktuellen Stand zu halten. Die Ankündigung von Änderungen auf Sammlungsebene ist durch guten Informationsfluss zwischen den Betreuern gewährleistet.

Wissenstransfer

Die Kommunikation der Projektziele und der Ergebnisse war ein besonderes Anliegen. Vorträge, Poster, Weinproben und mehrere Artikel sind erschienen, die durch das BÖLN-Projekt erst möglich waren.

8. Zusammenfassung

Das 2010 gegründete dezentrale Genbanknetzwerk „Deutsche Genbank Reben“ spiegelt den aktuellen Stand aller national erhaltenen Rebakzessionen wieder. Aufgrund fehlender akzessionsbeschreibender Daten war jedoch die Sortenechtheit für einen Großteil der Akzessionen nicht belegt, so dass kein nachhaltiges Management der rebengenetischen Ressourcen erfolgen konnte.

Hintergrund des Vorhabens war es deshalb, Synonyme, Homonyme sowie Bezeichnungssirrtümer in den einzelnen Sortimenten der DGR zu identifizieren und entsprechend richtig zuzuordnen, um Rebsorten mit gesicherter Sortenechtheit zur Abgabe sowie zur Züchtung und für Forschungsvorhaben auswählen zu können. 94,6% aller untersuchten *Vitis vinifera*-Akzessionen konnten eindeutig bestimmt werden; für Akzessionen mit Wildartanteil sowie Resistenzeigenschaften steht eine Identifizierung zum Teil noch aus. Durch die Identifizierungsarbeiten konnten Listen mit besonders gefährdeten Akzessionen erstellt werden, die an einem zweiten Standort bereits dupliziert wurden oder für eine Duplizierung bis Ende 2018 vorgesehen sind. Zusätzlich wurden auch Akzessionen mit besonderer Bedeutung für eine Virustestung ausgesucht, um einen gesicherten Zugang zu gesundem Rebmaterial zu ermöglichen.

Ein weiterer wichtiger Projektpunkt war die Überarbeitung des veralteten Internetauftritts der DGR sowie Programmierung neuer Optionen wie z.B. einer Bestellmöglichkeit inklusive automatischer Datenerfassung zur Weiterleitung der SMTAs oder die Programmierung einer Oberfläche, die es den einzelnen Kuratoren der DGR ermöglicht, ihre eigenen Sortimentsbestände zu aktualisieren. Dabei wurde zusätzlich eine Webanwendung zur geographischen Erfassung von Parzellen und Einzelstöcken (PLA; Pflanzen Lage Administration) sowie eine Android-basierte Bonitur-Applikation entwickelt, um das fehlerfreie Arbeiten im Feld zu gewährleisten.

Eine weitere Grundlage des nachhaltigen Weinbaus stellen sogenannte On-Farm Anlagen historischer Rebsorten im Weingut dar, die durch die zusätzliche Sicherung des genetischen Materials die Erhaltungsarbeiten auf breitere Füße stellen und einen Praxisbezug herstellen. So wurde im Zuge dieses Projekts auf einer Vielzahl von Veranstaltungen Werbung betrieben, gezielt mit der Erstellung einer On-Farm Anlage am Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof begonnen und im Internetauftritt der DGR eine Plattform geschaffen, die alle Aktivitäten bereits teilnehmender Winzer öffentlich darstellt.

9. Veröffentlichungen

Artikel:

Huber F., Drenjancevic M., Schwander F., Röckel F., Eibach R., Maul E., Töpfer R. (2015a). Die Untersuchung ausgewählter Rebsorten mit Abstammung von der nordamerikanischen Wildart *Vitis labrusca*. *Geilweilerhof aktuell : Mitteilungen des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof* **43**, 17-22.

Huber F., Schwander F., Röckel F., Maul E., Eibach R., Töpfer R. (2015b). Die Abstammung von Catawba - eine Detektivgeschichte im Weinberg. *Geilweilerhof aktuell : Mitteilungen des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof* **43**, 9-16.

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* **55**, 53–56.

Maul E., Röckel F., Töpfer R. (2016a). The "missing link" 'Blaue Zimmettraube' reveals that 'Blauer Portugieser' and 'Blaufränkisch' originated in Lower Styria. *Vitis* **55**, 135–143.

Maul E., Röckel F., Töpfer R. (2016b). Portugieser und Blaufränkisch stammen aus Slowenien: Herkunftsfrage gelöst. *Der Winzer* **72**, 14-16.

Maul E., Röckel F., Töpfer R. (2017). Portugieser und Lemberger stammen aus Österreich. *Deutsches Weinbau Jahrbuch* **68**, 156-164.

Röckel F. (2014). Zum Erhalt der Rebenvielfalt in Deutschland. *Geilweilerhof aktuell : Mitteilungen des Instituts für Rebenzüchtung Geilweilerhof* **42**, 90-92.

Poster:

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

Maul E., Röckel F., Töpfer R. (2016). On-Farm Weinberge: Listung in der Deutschen Genbank Reben. *Winzerweinprobe am Geilweilhof*, 16.-17.08.2016.

Röckel F., Maul E., Töpfer R. (2015). Die On-farm-Erhaltung von historisch bedeutenden Rebsorten. *Nacht der Weinforscher*, 04.07.2015, Geilweilerhof.

Röckel F., Maul E., Töpfer R. (2016). Unique databases for a sustainable use and the management of *Vitis* genetic resources. *GPZ-Tagung - German Plant Breeding Conference*, 08.-10.03.2016, Bonn.

Vorträge:

Maul E. (2016). Die Sicherung genetischer Ressourcen als gesellschaftliche Aufgabe. Das Beispiel des Weinbaus. *Symposium historische Rebsorten*, 18.11.2016, Hochschule Geisenheim University.

Maul E. (2017). Nationale Vernetzung und europäische Vernetzung im Bereich On-farm bei Reben. *Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Fachgespräch zum Thema „On-farm-Kompetenzzentren“*, 16.02.2017, Bonn.

Röckel F. (2014a). BÖLN-Projekt: „Weiterentwicklung von Wissenstransfer- und Informationssystemen zur nachhaltigen Nutzung rebengenetischer Ressourcen“. *Mitgliederversammlung der Arbeitsgemeinschaft der staatlichen Rebenzüchter*, 13.03.2014, Geilweilerhof.

Röckel F. (2014b). BÖLN-Projekt: „Weiterentwicklung von Wissenstransfer- und Informationssystemen zur nachhaltigen Nutzung rebengenetischer Ressourcen“. *Tag der offenen Tür*, 21.09.2014, Geilweilerhof.

Röckel F. (2014c). BÖLN-Projekt: „Weiterentwicklung von Wissenstransfer- und Informationssystemen zur nachhaltigen Nutzung rebengenetischer Ressourcen“. *Seminar: Angewandte Pflanzengenetik*, 22.05.2014, Geilweilerhof.

Röckel F. (2015a). Deutsche Genbank Reben und EU-*Vitis*. *GPZ-Tagung - German Plant Breeding Conference*, 20.05.2015, Großhansdorf.

Röckel F. (2015b). Zum Erhalt der Rebenvielfalt in Deutschland. *Frühjahrstagung des FDW*, 28.04.2015, Oppenheim.

10. Anhang

Anhang 1: Werbung für alte Rebsorten erschienen in der Fachzeitschrift „Der Deutsche Weinbau“ (Mai 2016, Heft 11).

Julius Kühn-Institut für Rebenzüchtung

Alte Rebsorten gesucht!

Immer mehr Winzer reservieren kleine Rebflächen für alte Sorten und sichern so ihren Fortbestand. Der Anbau in der Weinbaupraxis, also sozusagen On-Farm, ist eine wertvolle Ergänzung zur langfristigen Erhaltung der Sortenvielfalt in staatlichen Rebsortimenten.

Ein Katalog, der die On-Farm Erhaltung historischer Rebsorten abbildet, ist für die Datenbank der Deutschen Genbank Reben vorgesehen. Hier können sich Betriebe eintragen lassen, die On-Farm Anlagen besitzen, den Wein anbieten und Erfahrungen im Anbau und Ausbau der alten Rebsorten gesammelt haben.

Das Julius Kühn-Institut für Rebenzüchtung Gellweilerhof

sucht Winzer, die an einem Eintrag in die Datenbank der Deutschen Genbank Reben interessiert sind. Ansprechpartner sind Dr. Erika Maul (Tel.: 06345 41122 oder E-Mail: erika.maul@jki.bund.de) und Franco Röckel (Tel.: 06345 41129).

Die Katalogisierung der On-Farm Erhaltung historischer Rebsorten ist Bestandteil des Projekts »Weiterentwicklung von Wissenstransfer- und Informationssystemen zur nachhaltigen Nutzung rebengenetischer Ressourcen« (2014-2016), das von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE), Bundesprogramm Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft (BÖLN) finanziert wird.

Mythos Mosel

Am 11. und 12. Juni 2016 findet bereits zum dritten Mal das Event Mythos Mosel statt. Mehr als 100 Weingüter präsentieren auf einer Strecke von 25 km zwischen Ürzig und Pünderich ihre Weine. Die von der Jungwinzervereinigung Mosel(ü)nger organisierte Veranstaltung lebt davon, dass sich Weingüter aus allen Verbänden und Vereinen zusammenschließen, um die Mosel zu repräsentieren, fernab eines Grenzdenkens. Ort der Präsentation sind 25 Weingüter, bei denen jeweils drei weitere Winzer zu Gast sind. Zwischen den Standorten verkehrt ein Shuttlebus, den die Besucher jederzeit nutzen können, um sich zwischen den Weingütern zu bewegen.

Tageskarte: 30 Euro, Zwei Tage: 50 Euro, inklusive Bus-Shuttle zwischen den Stationen. Tickets und weitere Informationen erhalten Sie unter info@mythos-mosel.de und www.mythos-mosel.de.



Im Weinort Ürzig an der Mosel beginnt die Route zu den 25 Weingütern

NEU

Orvego®

Ernten Sie das volle Potenzial!

Das flüssige Fungizid zur Bekämpfung von Peronospora im Weinbau

Mehr unter: www.agrar.basf.de/go/orvego

BASF
We create chemistry

Serviceland Tel.: 0 18 05 - 11 56 56 (14 Cent/Min. Festnetz + Mobilfunk max. 42 Cent/Min.)

11. Literaturverzeichnis

Alercia A., Diulgheroff S., Metz T. (2001). Multi-crop Passport Descriptors (MCPD). online unter: <http://www.biodiversityinternational.org>.

Arroyo-Garcia R., Ruiz-Garcia L., Bolling L., Ocete R., Lopez M.A., Arnold C., Ergul A., Soylemezoglu G., Uzun H.I., Cabello F., Ibanez J., Aradhya M.K., Atanassov A., Atanassov I., Balint S., Cenis J.L., Costantini L., Goris-Lavets S., Grando M.S., Klein B.Y., McGovern P.E., Merdinoglu D., Pejic I., Pelsy F., Primikirios N., Risovannaya V., Roubelakis-Angelakis K.A., Snoussi H., Sotiri P., Tamhankar S., This P., Troshin L., Malpica J.M., Lefort F., Martinez-Zapater J.M. (2006). Multiple origins of cultivated grapevine (*Vitis vinifera* L. ssp. *sativa*) based on chloroplast DNA polymorphisms. *Mol Ecol* **15**, 3707-3714.

Bowers J., Dangl G.S., Vignani R., Meredith C. (1996). Isolation and characterization of new polymorphic simple sequence repeat loci in grape (*Vitis vinifera* L.). *Genome* **39**, 628-633.

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**, 243-246.

Dettweiler E. (1992). The grapevine herbarium as an aid to grapevine identification-First results. *Vitis* **31**, 117-120.

Di Gaspero G., Peterlunger E., Testolin R., Edwards K., Cipriani G. (2000). Conservation of microsatellite loci within the genus *Vitis*. *TAG Theoretical and Applied Genetics* **101**, 301-308.

Fechter I., Hausmann L., Daum M., Sorensen T.R., Viehover P., Weisshaar B., Topfer R. (2012). Candidate genes within a 143 kb region of the flower sex locus in *Vitis*. *Molecular Genetics and Genomics* **287**, 247-259.

Lacombe T., Boursiquot J.M., Laucou V., Di Vecchi-Staraz M., Peros J.P., This P. (2013). Large-scale parentage analysis in an extended set of grapevine cultivars (*Vitis vinifera* L.). *Theor Appl Genet* **126**, 401-414.

Laucou V., Lacombe T., Dechesne F., Siret R., Bruno J.P., Dessup M., Dessup T., Ortigosa P., Parra P., Roux C., Santoni S., Vares D., Peros J.P., Boursiquot J.M., This P. (2011). High throughput analysis of grape genetic diversity as a tool for germplasm collection management. *Theor Appl Genet* **122**, 1233-1245.

Maul E., Schumann F., Hill B.H.E., Dörner F., Bennek H., Laucou V., Boursiquot J.M., Lacombe T., Zyprian E., Eibach R., Töpfer R. (2013). Die Kreuzungseltern deutscher Rebenneuzüchtungen im Fokus - Was sagt der genetische Fingerabdruck? *Deutsches Weinbau-Jahrbuch* **64**, 128-142.

Maul E., Sudharma K.N., Kecke S., Marx G., Muller C., Audeguin L., Boselli M., Boursiquot J.M., Bucchetti B., Cabello F., Carraro R., Crespan M., de Andres M.T., Dias J.E., Ekhvaia J., Gaforio L., Gardiman M., Grando S., Gyropoulos D., Jandurova O., Kiss E., Kontic J., Kozma P., Lacombe T., Laucou V., Legrand D., Maghradze D., Marinoni D., Maletic E., Moreira F., Munoz-Organero G.,

Nakhutsrishvili G., Pejic I., Peterlunger E., Pitsoli D., Pospisilova D., Preiner D., Raimondi S., Regner F., Savin G., Savvides S., Schneider A., Sereno C., Simon S., Staraz M., Zulini L., Bacilieri R., This P. (2012). The European Vitis Database (www.eu-vitis.de) - a technical innovation through an online uploading and interactive modification system. *Vitis* **51**, 79-85.

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. *Molecular Breeding* **15**, 349-366.

Sefc K.M., Regner F., Turetschek E., Glossl J., Steinkellner H. (1999). Identification of microsatellite sequences in *Vitis riparia* and their applicability for genotyping of different *Vitis* species. *Genome* **42**, 367-373.

This P., Jung A., Boccacci P., Borrego J., Botta R., Costantini L., Crespan M., Dangi G.S., Eisenheld C., Ferreira-Monteiro F., Grando S., Ibanez J., Lacombe T., Laucou V., Magalhaes R., Meredith C.P., Milani N., Peterlunger E., Regner F., Zulini L., Maul E. (2004). Development of a standard set of microsatellite reference alleles for identification of grape cultivars. *Theoretical and applied genetics* **109**, 1448-1458.

Zyprian E., Töpfer R. (2005). Development of microsatellite-derived markers for grapevine genotyping and genetic mapping. *NCBI, GeneBank*.