



Tim Höschele, LVWO

## Falscher Mehltau im Weinbau – Wildreben gene sichern den Ertrag und reduzieren den Fungizideinsatz

### Das Projekt

Ermöglicht wird das vom Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg (MLR BW) mitgeförderte Projekt zur Identifikation und genetischen Kartierung neuer Resistenzen gegen *Plasmopara viticola* (Falscher Mehltau) vom Forschungsring des Deutschen Weinbaus (FDW). Es besteht aus einer Kooperation zwischen der Lehr- und Versuchsanstalt für Wein- und Obstbau Weinsberg (LVWO) und dem Julius Kühn-Institut Siebeldingen (JKI). Ziel des Projekts ist es, neue genetische Merkmale zur Resistenz gegen den Falschen Mehltau bei Reben zu finden. Diese Resistenzmerkmale sollen in zukünftigen Züchtungen genutzt werden, um den Anbau von pilzwiderstandsfähigen Rebsorten zu fördern.

Abb. 1: Blatt- und Beerennekrosen an der Rebe hervorgerufen durch den Befall von *P. viticola*  
Bildautor aller Abbildungen und Bilder: Tim Höschele

### Einschleppung und Bekämpfung

Seit dem feuchten Sommer im Jahr 2016 ist das Rebenpathogen *P. viticola* wieder in den Mittelpunkt der Schädlingsbekämpfung im Weinbau gerückt. Bereits 1878 kam es zur Einschleppung des Falschen Mehltaus durch den Import von reblausresistenten Unterlagen aus den USA. Durch den Befall (Abbildung 1), der durch hohe relative Luftfeuchtigkeit begünstigt wird, werden erhebliche Ernteaussfälle verursacht (Müller & Sleumer 1934). Zwar besitzen Pflanzen komplexe Systeme zur Abwehr von Pathogenen, diese sind im Falle unserer heimischen europäischen Rebenart *Vitis vinifera* jedoch nicht ausreichend zur Abwehr der Krankheit des Falschen Mehltaus ausgeprägt. Daher wird der Anbau der Kulturreben seit vielen Jahren durch den Einsatz von Pflanzenschutzmitteln in Form von Fungiziden un-

terstützt. Durch den Fortschritt in der klassischen Resistenzzüchtung bei Reben, in Kombination mit neuen Verfahren der Molekularbiologie konnten in den vergangenen Jahren neue Möglichkeiten zum Schutz vor dem Pathogen entwickelt werden. Dabei macht man sich die natürliche Resistenz, die durch bestimmte Gene vermittelt werden kann, zunutze. Diese Resistenzgene findet man im Genom von Wildreben, die mögliche Resistenzmechanismen in Folge einer Koevolution mit dem Pathogen entwickelt haben. In der Rebenzüchtung werden etablierte Qualitätssorten mit Wildreben (z.B.: *Vitis rupestris*, *Vitis amurensis*) gekreuzt, um sie dann wiederholt mehrfach mit Qualitätssorten der europäischen Kulturrebe zurückzukreuzen (Abbildung 2). Dadurch soll neben der erworbenen Resistenz auch die Qualität erhalten bleiben (Töpfer et al. 2011).

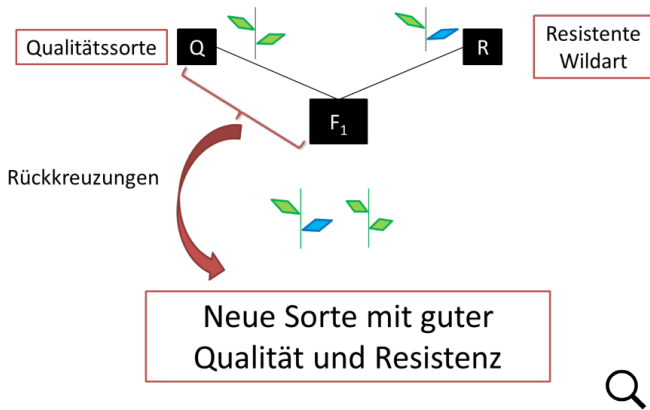


Abb. 2: Einkreuzen von Resistenzgenen (durch blau gefärbtes Blatt dargestellt) aus Wildreben

'Cabernet franc' x 'Triomphe d'Alsace' - Bonitur auf *Plasmopara viticola* Befall vom 18.06.19

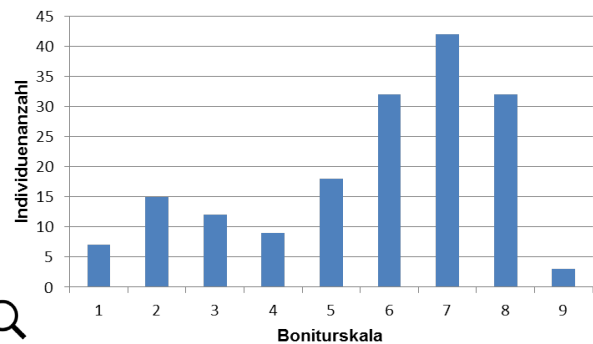


Abb.: 3 Boniturdaten (OIV Schlüssel 452: 1 resistent; 9 sehr stark befallen) der Kreuzungspopulation 'Cabernet franc' x 'Triomphe d'Alsace' auf den Befall durch *Plasmopara viticola*

### Aufspaltung einer Kreuzungspopulation

Das Auffinden neuer Resistenzbereiche wird derzeit weltweit in verschiedenen Arbeitsgruppen durchgeführt. Dazu werden Boniturdaten aus dem Freiland oder in Form von Blattscheibentests im Labor mit genetischen Daten zur Vererbung bestimmter Genabschnitte verglichen. Die Bonitur erfolgt nach der Ausprägung des Befalls (OIV Schlüssel 452: 1 resistent; 9 sehr stark befallen). Abbildung 3 zeigt die erhobenen Boniturdaten eines Blattscheibentests. Blattscheiben (Ø 15 mm) von 170 Individuen der Kreuzung 'Cabernet franc' x 'Triomphe d'Alsace' wurden mit einer Suspension aus Sporangien von *P. viticola* infiziert und für 5 Tage inkubiert. Man erkennt eine deutliche Aufspaltung der Population in eine Gruppe von Individuen, die eher Resistenzen gegen *P. viticola* aufweist (Peak: Boniturnote 2), sowie eine Gruppe von Individuen, die eher anfällig zu sein scheint (Peak: Boniturnote 7). Des Weiteren wird mit Hilfe der mittels Molekularbiologie gewon-

nenen genetischen Daten berechnet, mit welcher Wahrscheinlichkeit auf einem bestimmten Chromosom Resistenzgene liegen könnten. Diese potentiellen Resistenzgene wurden durch das Einkreuzen einer nichteuropäischen Wildrebe an zufällige Individuen der Population über Generationen hinweg vererbt. Im Grunde werden also bestimmte vererbte Genmuster einzelner Individuen mit ihrer phänotypischen Reaktion auf eine Infektion durch das Pathogen verglichen.

### Finden neuer Kandidatengene

Durch erste Arbeiten wurden bereits Resistenzbereiche gefunden und für neue Züchtungen benutzt. Allerdings gibt es ebenfalls schon Berichte, die auf erste Resistenzüberwindungen hindeuten. Um den Ertrag und die Qualität im Weinbau aufrecht zu erhalten, ist es wichtig, neue Resistenzbereiche zu finden und in neuen Züchtungen zu etablieren. Eine Kombination von mehreren verschiedenen Resistenzen in einer Züchtung soll es dem Pathogen zusätzlich erschweren, diese erneut zu überwinden (Eibach et al. 2007). Obwohl durch den molekulargenetischen Fortschritt und die Einbringung von natürlichen Resistenzen aus Wildreben die Behandlung mit Pflanzenschutzmitteln verringert werden soll, ist es ratsam, weiterhin in reduziertem Umfang Pflanzenschutz zu betreiben, um die Selektion resistenzbrechender Pathogenstämme zu verhindern. ■

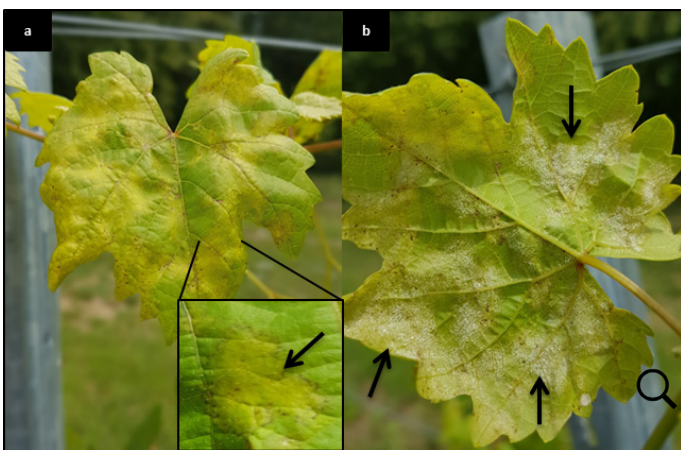


Abbildung 1 (a) Ölflecken (Blattoberseite) und (b) Sporangienträger (Blattunterseite) als Symptome des Befalls durch *P. viticola*

Literatur



**Tim Höschele**  
**LVWO Weinsberg**  
 tim.hoeschele@lvwo.bwl.de  
 Tel.: 07134 / 504-157