

# FOKUS // PRÄZISIONSZÜCHTUNG

## PRÄZISIONSZÜCHTUNG

- ✓ Hier geht es darum, Stämme mit Eigenschaften, die in der Önologie von Bedeutung sind, zu kreuzen.
- ✓ Der so erhaltene Stamm vereint die Leistungen zweier oder mehrerer verschiedener Stämme.

Anhand von Forschungsarbeiten, die Genetik und Physiologie kombinieren, konnten genetische Merkmale nachgewiesen werden, die in direktem Zusammenhang mit für die Önologie wichtigen physiologischen Eigenschaften stehen: sogenannte QTLs (POF-Beschaffenheit, Bildung flüchtiger Säure, Bildung von SO<sub>2</sub>, Aromenbildung...). Es ist also möglich, Hefen mit besonders interessanten Genotypen zu ermitteln, um sie anschließend zu kreuzen: **es handelt sich hier um eine Marker-gestützte Selektion (SMART-Breeding).**

### WUSSTEN SIE SCHON?

Die Elternstämme können nach physiologischen Kriterien (Gärfähigkeit, geringe Bildung flüchtiger Säure oder SO<sub>2</sub>, Freisetzung von Aromen...) oder nach genetischen Kriterien ausgewählt werden. Heute wissen wir nämlich, dass gewisse genetische Merkmale – die man QTL nennt – mit physiologischen Eigenschaften (Phänotypen) Hand in Hand gehen.

### DER EINSATZ

#### VON QTL-MARKERN

Er geht über die Ergebnisse von Analysen, die einzig und allein auf Gärungsphänotypen basieren, hinaus und bietet erheblich mehr Selektionsmöglichkeiten von Elternsporen und eine genaue Bestimmung der Optimierungssachsen für die Selektion.

**FX10**

Gärleistung -  
Volumen

**X5**

Thiol  
Aromen

**XPURE**

wenig flüchtige  
Säure, wenig  
SO<sub>2</sub> Volumen

**RX60**

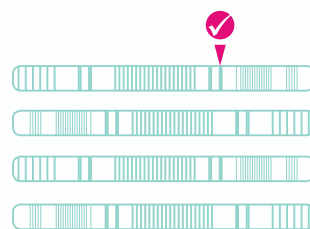
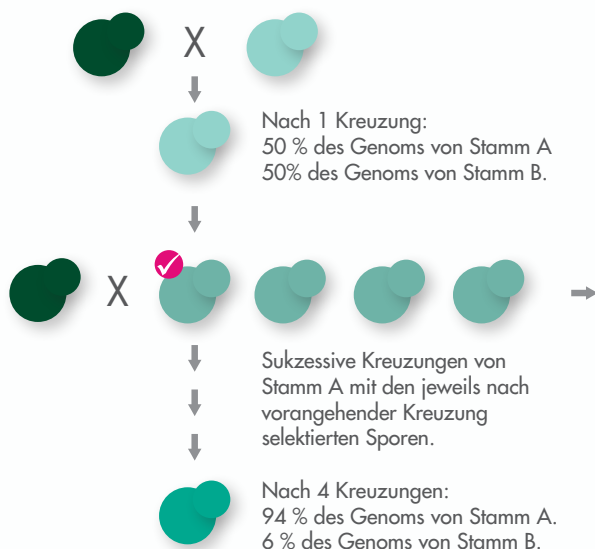
Fruchtausdruck

**X16**

Ester,  
Gärleistung

## QTL-MARKER-GESTÜTZTE RÜCKKREUZUNG

Wenn ein Stamm A hinsichtlich einer bestimmten Eigenschaft, die Stamm B aufweist, verbessert werden soll, kann eine Rückkreuzung, die sich auf genetische Marker stützt, vorgenommen werden. Nach der Kreuzung von Stamm A mit Stamm B wird der Tochterstamm mit dem entsprechenden QTL identifiziert und erneut mit Stamm A gekreuzt. Dieser Vorgang wird sooft wiederholt, bis ein Stamm X erhalten wird, der einen Großteil des Genoms von Stamm A aufweist und überdies um die objektivierten Leistungen von Stamm B reicher ist.



Identifizierung des interessanten QTL nach jeder Kreuzung

Am Ende kommt ein Stamm heraus, der zum Großteil das Genom von Stamm A und zudem die Fraktion des Stammes B mit dem interessanten QTL besitzt.