

# DAS GEHEIMNIS DER WEINREBE

GENAUER KANN MAN DEM WEIN NICHT IN DIE KARTEN SCHAUEN. DAS GENOM ZWEIER SPÄTBURGUNDERKLONE GIBT ERSTE AUFSCHLÜSSE ÜBER DIE FUNKTIONSWEISE DER REBE. DAS KÖNNTE IN ZUKUNFT DIE ZÜCHTUNG REVOLUTIONIEREN.

Wer es ganz genau wissen wollte, wie Aroma und Farbe und Bukett in einem Weinglas zustande kommen, warum die eine Rebsorte rot, die nächste weiß, die dritte grün trägt, warum die eine Lage so und dann im nächsten Jahrgang doch dann wieder anders ist, der müsste eigentlich in die Reben hineinschauen können. Der müsste das Leben und das Wachstum der Pflanzen im feinsten Detail nachverfolgen, um ganz genau zu wissen,

welches Enzym in der Pflanze welche biochemischen Reaktionen reguliert und kontrolliert, und in welchen Genen der Bauplan aller beteiligten Eiweiße festgeschrieben ist, in welchen wiederum „programmiert“ ist, wie diese unter dem Einfluss der jeweiligen Umweltbedingungen ein- und ausgeschaltet werden. Den Stoffwechsel auch nur einer einzigen Zelle einer Pflanze – zum Beispiel von *Vitis vinifera* zu verstehen oder gar die Ent-

wicklung bis zur reifen Traube zu erfassen – ist selbst für die Wissenschaftler, deren Metier die Erforschung der Pflanzen, Tiere und Mikroben ist, bisher ein Ding der Unmöglichkeit.

Die physischen Grundlagen einer einzelnen Erbanlagen, ein ‚Gen‘, ist im Sinne der Molekularbiologen nichts anderes als ein Abschnitt eines Moleküls Desoxyribonukleinsäure (DNS), beschrieben durch die spezifische Abfolge seiner einzelnen Bauelemente, der Kernbasen Adenin, Cytosin, Guanin und Thymin (A, C, G, T). Ein Text aus diesen Buchstaben liefert für den Forscher den Bauplan zu einem bestimmten Eiweiß eines Lebewesens – und vielleicht auch einen Schlüssel zum Verständnis der von diesem Eiweiß abhängigen Körperfunktion, sei es



FOTOS: DWI, PRIVAT

*Riccardo Velasco und seine  
Forscher haben einen Pinot  
noir-Klon sequenziert*

eine Resistenz gegen eine Krankheit oder die Anreicherung bestimmter Zucker, die Form der Blätter oder die Größe, Form und Farbe der Früchte.

Schon seit Jahrzehnten können einzelne Gene isoliert werden und ihre Funktion in einem lebenden Organismus getestet werden, indem sie in einfache Modellorganismen, in Bakterienzellen oder in Hefe transferiert werden. Wir können von einem einzelnen Gen experimentell testen, welche Aufgabe es erfüllen könnte, jedoch nicht, welche Bedeutung ihm im Kontext, in der Zusammenwirkung mit anderen zukommt. Ein Gen allein ist wie ein einzelnes Wort aus einem Gedicht, eine einzelne Ziffer aus einer Gleichung. Das Auswendiglernen einzelner Vokabeln einer Fremdsprache ist einfach. Das Büffeln einzelner Grammatikregeln ist einfach. Die eigentliche Herausforderung besteht im Verstehen ganzer Texte – und die sind im Falle der genetischen „Sprache“ der Pflanzen lang und hochkompliziert.

Wer es ganz genau wissen wollte, was im Inneren einer Pflanze vor sich geht, bräuchte den ganzen Text, von der ersten bis zur letzten Base aller DNS-Moleküle. Doch leider ist ein Genom kein ordentlich gebundenes Buch, sondern eher ein Knäuel langer Fäden, auf die die Kernbasen A, C, T, und G aufgefädelt sind. Jeweils zwei dieser Ketten hängen wie die zwei Hälften eines Reißverschlusses zusammen und sind mehrfach spiralförmig zusammengedreht und aufgewickelt – die Struktur der berühmten Doppelhelix.

Um auch nur ein Stück der Buchstabenabfolge lesen zu können, muss es herausgeschnitten und gewissermaßen „entwirrt“ werden. Dann wird es in ein handliches, ringförmiges DNS-Molekül verpackt und jeder Abschnitt, Kernbase für Kernbase, in einem enzymatischen Prozess vervielfältigt und so alle „Buchstaben“, einer nach dem anderen, in ihrer Abfolge sichtbar gemacht.

Die Sequenzierung ist ein aufwändiger und teurer Prozess, und das umso mehr, je größer das Genom ist, d. h. je mehr einzelne Basenpaare der DNS einzulesen sind. Begonnen hat die Wissenschaft deshalb im Kleinen, mit Organismen, die über nur wenige Gene verfügen, die ein kleines, übersichtliches Genom

besitzen, mit Modellorganismen anhand derer Rückschlüsse auf die Biologie anderer Lebewesen geschlossen werden können. Die ersten Organismen, deren Genom sequenziert wurden, waren Bakterien, wie *Escherichia coli*, bei denen es nur ein paar Dutzend Gene zu finden gibt. Dann folgte die Hefe – auch nicht uninteressant für das Verständnis der Entstehung eines guten Weines – und später die Fruchtfliege *Drosophila*, die Maus und schließlich erste Organismen die mehr als nur Labormodell waren: die Pappel, der Reis, die Malariaecke und der Malariaerreger Plasmodium, die Honigbiene und selbstverständlich, als Kernstück und Meisterwerk, das menschliche Genom.

Im vergangenen Jahr kam als bisher erst vierte Blütenpflanze, die Weinrebe dazu. Im August 2007 erschien in der Zeitschrift *Nature* das Resultat der Arbeit des französisch-italienischen Konsortiums Vigna/Vigne. Gegenstand ihrer Arbeiten war ein Klon des Pinot noir, der durch mehrere Generationen der Inzucht über ein vereinfachtes Genom verfügte, und sich daher, wenn auch wirtschaftlich unbedeutend, ganz besonders für die Sequenzierung eignete. Gleichzeitig lief

## “WIRD DER WEINBAU ZU EINEM GRÜNEN HIGH-TECH-UNTERNEHMEN?”

jedoch ein Konkurrenzprojekt unter Leitung des italienischen Forschers Riccardo Velasco in Zusammenarbeit mit einer Firma in den USA. Hier wurde eine andere, tatsächlich im Weinbau verwendete Linie Pinot noir sequenziert und unabhängig von Vigna/ Vigne im Dezember 2007 in der Zeitschrift *PLoS One* publiziert. Nun liegen also Daten von zwei unterschiedlichen Klonen vor, so dass Vergleiche möglich sind.

Abgeschlossen sind die Arbeiten noch lange nicht. Anders als eine zum Puzzle zerschnittene Zeitung erlaubt ein Textbruchstück, das nur aus den Buchstaben A, C, T und G besteht kaum Rückschlüsse auf den vorangegangenen oder folgenden Text oder auf eventuell fehlende Abschnitte. In einer zweiten Runde der Sequenzierung muss also eine



identische Kopie in anders geschnittene, lesbare Bruchstücke aufgeteilt werden. Jedes Mal, wenn diese mit einem anderen Fragment aus der vorangegangenen Runde überlappen und so Unterbrechungen überbrücken, ist ein weiteres, größeres Stück Text, und, wenn dies oft genug wiederholt wird, der gesamte Inhalt restauriert. Erst wenn der gesamte Text wiederholt identisch „abgelesen“ wurde, kann davon ausgegangen werden, dass man dem Inhalt ein gutes Stück näher gekommen ist.

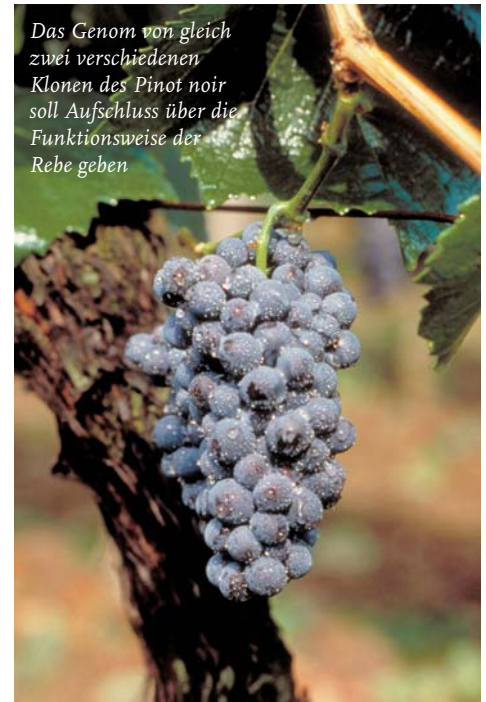
Was ist die Konsequenz der Gensequenz? Welchen praktischen Nutzen kann ein solches Projekt erbringen? Von besonderem Interesse für die beteiligten Firmen dürfte die Tatsache gewesen sein, dass sich mit Hilfe der Genomsequenz in Zukunft möglicherweise die Ursachen für Krankheiten besser verstehen lassen.

Der Gedanke liegt nahe, dass die genetische Information für die Weiterentwicklung der grünen Biotechnologie im Weinbau verwendet werden kann. Mit wachsendem Wissen um die physiologischen Zusammenhänge, um Stoffwechselforgänge und Entwicklungsprozesse und mit Information über die relevanten Erbinformationen und der Verfügbarkeit der Gensequenzen lassen sich wesentlich leichter gentechnische Instrumente der Verbesserung von Pflanzen entwickeln – ein Thema, zu dem besonders in Europa auch kritische Fragen laut werden dürften. Bedeutet die Sequenzierung des Rebengenoms also, dass es in Zukunft möglich sein wird, gentechnisch veränderte Reben zu züchten? Besteht also die Gefahr, dass der Weinbau zu einem grünen High-Tech Unternehmen werden könnte, wie viele Bereiche der Agrarindustrie der USA und Asiens?

Die meisten der heute wirtschaftlich verwendeten Linien gentechnisch veränderter Nutzpflanzen entstanden, bevor diese sequenziert wurden, und auf der Grundlage noch deutlich geringeren molekularbiologischen Wissens als heute für die Rebe vorhanden. Gleiches gilt übrigens für die ersten gentechnisch veränderten Reben, die bereits vor mehreren Jahren in Versuchen entwickelt wurden. Aus heutiger Sicht sind viele gentechnisch veränderte Pflanzen recht krude Artefakte. Mit Hilfe der Genomsequenz ließen sich für viele Probleme weitaus elegantere, risikoärmere und umweltfreundlichere Lösungen finden. Mit Hilfe besserer Kenntnis von Genfunktionen wäre es möglich, die Wirkung eigener Gene der Rebe zu bestimmten Zwecken zu verstärken oder abzuschwächen, wodurch letztlich das Ergebnis klassischer Züchtungen wesentlich beschleunigt werden könnte.

Eine erfreulichere Perspektive ist es zudem, dass möglicherweise gerade die Verfügbarkeit derselben Informationen, dasselbe molekulare Grundlagenwissen über die Biologie der Rebe dazu verwendet werden kann, den potenziellen zukünftigen Einsatz gentechnisch veränderter Pflanzen überflüssig zu machen. Durch die bessere Kenntnis der molekularen Grundlagen von Eigenschaften wie der Resistenz gegen bestimmte Krankheiten, der Anfälligkeit gegen Insektenbefall oder Klimafaktoren ist zu erwarten, dass in Zukunft anhand von Markergenen hierzu zu bestimmten Sorten und Neuzüchtungen Aussagen gemacht werden können, ohne dass diese langwierigen und teuren Prüfungen unterzogen werden müssen.

Hiermit könnten traditionelle Zuchtverfahren neuen Aufschwung erhalten. Möglicherweise könnten Sorten, die aufgrund geringen Ertrages oder besonderer Anfälligkeit gegen Schadinsekten und Krankheitserreger aus den Weinbergen der Welt verschwunden sind ein Comeback feiern, und möglicherweise auch Weine die aus dem Bewusstsein verschwunden sind zurückkehren. Selbstverständlich wäre es auch denkbar, dass sich auf Grundlage der molekularen Daten neue Ansätze in der Erforschung des Sekundärstoffwechsels der Rebe herausbilden könnten und somit auch ein wachsendes Verständnis der genetischen Grundlagen der Bildung und Anreicherung eben der Substanzen, die



*Das Genom von gleich zwei verschiedenen Klonen des Pinot noir soll Aufschluss über die Funktionsweise der Rebe geben*

einem bestimmten Wein sein charakteristisches Aroma verleihen. Somit wäre auch durchaus vorstellbar, dass dereinst neue Züchtungsversuche auf Grundlage molekularer Daten durchgeführt werden können. So könnte letztlich auch die Produktpalette der Zukunft vom klugen Einsatz des neuen Grundlagenwissens profitieren.

Ein weiterer Gesichtspunkt ist historischer Natur. Da die Züchtung von Rebsorten über die Jahrtausende nicht sorgfältig in Laborbüchern aufgezeichnet wurde, ist der Stammbaum interessanter Rebsorten oft kaum bekannt. Mit Hilfe genetischer Daten – besonders wenn weitere Sorten sequenziert werden – ließe sich Licht in die Abstammung von Rebsorten bringen. Abgesehen vom rein kulturhistorischen Interesse könnten hier wertvolle Daten für die Zucht gewonnen werden.

Mit der Genomsequenz der Weinrebe liefert die Wissenschaft also ein Werkzeug mit bisher noch kaum abschätzbaren Möglichkeiten, die Arbeit der Winzer zu verändern. Es liegt an der Zusammenarbeit von Industrie und Wissenschaft, dieses Werkzeug in einer Weise zu entwickeln, die statt den Weinbau in eine industrielle Produktionsmaschinerie zu transformieren, neue Möglichkeiten für Kunst und Handwerk des Weinbaus eröffnet. <

MARCEL ROBISCHON