

Variabilität innerhalb der Rebsorte 'Grüner Veltliner'

FERDINAND REGNER¹, ROBERT HACK¹, KAREL HANAK¹, ANDREAS SCHREINER¹, BEATA BEISERT²
und DORIS RAUHUT²

¹ Höhere Bundeslehranstalt und Bundesamt für Wein- und Obstbau
A-3400 Klosterneuburg, Wiener Straße 74
E-mail: Ferdinand.Regner@weinobst.at

² Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Mikrobiologie und Biochemie
D-65366 Geisenheim, Von-Lade-Straße 1

'Grüner Veltliner' ist mit ca. 33 % Flächenanteil die wichtigste Sorte des österreichischen Weinbaus. In einigen Weinbaugebieten werden die reinsortigen Weine auch mit einer Herkunftsbezeichnung angeboten (Districtus Austriae Controllatus - DAC). Um dem Gebietstypus zu entsprechen, werden die Weine auf ein Geschmacksleitbild hin selektiert. Um in Zukunft eine höhere Quote an akzeptierten Weinen zu erreichen, wäre eine bessere Abstimmung der weinbaulichen und kellerwirtschaftlichen Methoden vonnöten. Ein wesentlicher Schritt der Vereinheitlichung wäre die Verwendung desselben Pflanzgutes von dazu geeigneten Klonen. Daher wurden Grüne Veltliner-Klone auf ihre genetische und sensorische Unterschiedlichkeit getestet. Dabei wurden eine Aromenbeschreibung und eine Gesamtbewertung durchgeführt. Jene Grüner Veltliner-Weine, die einen Geschmack nach Würze, Pfeffer oder Steinfrucht hatten, wurden am besten bewertet. Die stärksten geschmacklichen Unterschiede ergaben sich durch die verschiedenen Jahrgänge. Innerhalb eines Jahrganges konnten mittels quantitativer Analysen einige Aromasubstanzen, Phenole und schwefelhaltige Aromen als unterschiedlich registriert werden. Diese Substanzen dürften aber auch als Reaktion der Rebe auf die spezifische Umweltsituation entstehen und entsprechen keinem stabilen Klonenmerkmal. Die genetischen Unterschiede der Klone wurden mittels 270 SSR-Markern untersucht. Mittels dieser Daten wurde eine Ähnlichkeitsstudie der Klone vorgenommen.

Schlagwörter: 'Grüner Veltliner', Klone, Genanalyse, SSR-Marker, Inhaltsstoffe, Sensorik

Variability within the grapevine variety 'Grüner Veltliner'. With a share of approx. 33 % 'Grüner Veltliner' is the most important Austrian grapevine. Recently, in some wine districts 'Grüner Veltliner' has been used for producing varietal wines with denomination of origin (Districtus Austriae Controllatus - DAC). In order to reach a typical sensory profile of the wine, two of the most decisive steps are to improve the homogeneity of the planting material and to use the recommended clones. Therefore, we analysed clones and types of 'Grüner Veltliner' according to their sensory behaviour, their differences in aroma compounds and their genetic profiles. Sensory descriptions were done by a panel test. The desired type is a spicy and peppery wine with stone-fruit aromas. The compounds that differentiated the clones were mostly found in aromatic derivatives, phenolics and sulphur related compounds. These differences were not stable over the years and could be attributed to clonal reactions to specific environmental situations. The genetic differences of the clones were investigated using 270 SSR markers. Based on these data, the relationship between the types was calculated and their differences demonstrated.

Keywords: 'Grüner Veltliner', clone, genetic analysis, SSR marker, composition, sensory analysis

La variabilité à l'intérieur du cépage 'Grüner Veltliner'. Avec une part aux surfaces viticoles de près de 33 %, 'Grüner Veltliner' est le cépage le plus important de la viticulture autrichienne. Dans quelques régions viticoles, les vins authentiques sont également vendus avec une indication d'origine (Districtus Austriae Controllatus - DAC). Afin de répondre au type de la région, les vins sont sélectionnés en vue d'obtenir un «goût modèle». Une meilleure coordination des méthodes vitiviticoles serait nécessaire afin d'obtenir à l'avenir une quote-part plus élevée de vins ac-

ceptés. Une mesure importante en vue de l'harmonisation serait l'utilisation des mêmes semences issues de clones appropriés. De ce fait, des clones 'Grüner Veltliner' ont été testés afin de déterminer leurs différences génétiques et sensorielles. Dans ce contexte, une description des arômes et une évaluation totale ont été effectuées. Les vins 'Grüner Veltliner' qui présentaient un goût d'épices, de poivre ou de fruits à noyau ont reçu les meilleures appréciations. Les principales différences de goût étaient dues aux différents millésimes. À l'intérieur d'un millésime, quelques substances aromatiques, des phénols et des arômes sulfureux ont pu être enregistrés comme présentant des différences. Ces substances sont toutefois vraisemblablement générées comme réaction de la vigne à la situation environnementale spécifique et ne correspondent donc pas à une caractéristique stable du clone. Les différences génétiques des clones ont été examinées à l'aide de marqueurs 270 SSR. Une étude de similarité des clones a été effectuée sur la base de ces données.

Mots clés: 'Grüner Veltliner', clones, analyse génétique, marqueurs SSR, composants, analyse sensorielle

'Grüner Veltliner' ist mit einem Anteil von ca. 33 % der Produktion die bei weitem wichtigste Rebsorte im österreichischen Weinbau. Neben den 16700 ha in Österreich gibt es noch nennenswerte Flächen in Ungarn (2000 ha), in der Slowakei (4000 ha) und in Tschechien (1800 ha) sowie Pflanzungen kleineren Ausmaßes in Italien (REGNER, 2007). Damit gehört 'Grüner Veltliner' zu den bedeutenden Sorten Mitteleuropas. Erste zaghafte Versuche, die Sorte in den USA zu etablieren, sind im Umpqua Valley im Gange (www.wine.appellationamerica.com). Auch in Neuseeland wurden bereits erste Anlagen mit der Sorte ausgepflanzt. Rebsorten mit großer Anbaufläche und langer Tradition kommen üblicherweise in sehr verschiedenen Weinqualitäten und Geschmacksrichtungen vor. Diese Vielgestaltigkeit bei 'Grüner Veltliner' ist auch wegen der Schaffung gebietstypischer Weine in Diskussion gekommen. Die Strategie, dass Weine mit bestimmter Herkunft dem Konsumenten eine klare Erwartungshaltung bzw. Erfüllung der geschmacklichen Erwartungen ermöglichen sollten, wird zunehmend in „Herkunftsweinen“ eingesetzt. Je heterogener gebietstypische Weine sind, umso weniger wird die DAC-Herkunft für den Konsumenten Orientierung bieten und ihn an ein Produkt binden können. Daher werden DAC-Weine über die Sortentypizität hinausgehend auch einer Prüfung auf Gebietstypizität unterzogen. Die Ablehnungsrate der Weine, die diesem Weintyp nicht entsprechen, ist viel zu hoch und überstieg im Weinbaugebiet Weinviertel meist 60 % der Einreichungen (JORDAN, 2005).

Die Unterschiedlichkeit der Weine hat zahlreiche Ursachen, wobei individuelle Lage, charakterisiert durch Boden und Kleinklima, die Bewirtschaftungsmethodik und ebenso Sorte und Genotyp dafür angeführt werden können. Kürzlich wurden Arbeiten präsentiert (SCHREINER et al., 2007; FLAK et al., 2007), die sehr wohl erkennen ließen, dass das Differenzierungspotenzial innerhalb eines Weinbaugebiets wie dem Weinviertel zwar

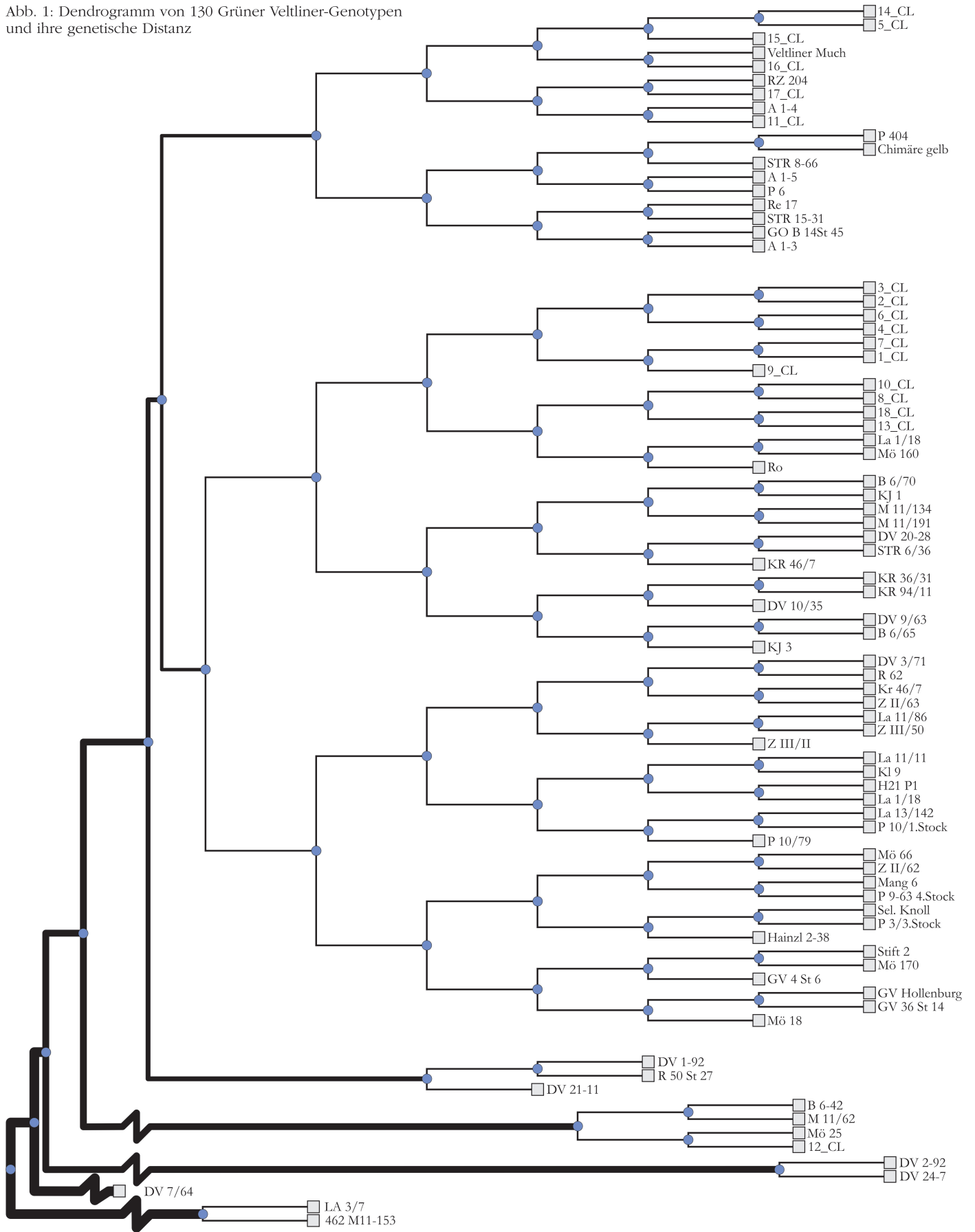
vorhanden ist, aber eben nur geringfügige analytische Möglichkeiten bietet. Ein Ersetzen der sensorischen Bewertung durch Analytik scheint nach wie vor unmöglich. Ein weiterer Ansatzpunkt, die Weine stärker in ein ähnliches Geschmacksprofil zu bekommen, wäre die Entwicklung einer Standardprozedur der Rebenkultivierung und ein Definieren von Vermehrungsgut in Form von einzelnen ausgewählten Klonen. Pflanzgut, das über Jahre hinweg auf verschiedenen Standorten geeignet war, akzeptierte gebietstypische Weine hervorzu bringen, sollte bevorzugt gepflanzt werden.

In der vorliegenden Arbeit wurden gleichzeitig verschiedene Ansätze verfolgt, um die Variabilität der Rebsorte 'Grüner Veltliner' einerseits auf genetische und ampelographische Unterschiede der Reben, und andererseits auf chemisch-analytische und sensorische Merkmale im Wein zurückführen zu können.

Im Bereich der genetischen Analyse von Rebsorten haben sich Mikrosatelliten-Marker als sehr stabile und verlässliche Erkennungsbereiche bewährt (REGNER et al., 2000). Allerdings befinden sich diese Regionen vorwiegend in den nicht codierenden Bereichen und sind eher wenig variabel. Trotzdem können diese SSR-Marker zur individuellen Erkennung eines Genotyps eingesetzt werden. Es muss jedoch zur Kenntnis genommen werden, dass die Mehrzahl dieser Orte innerhalb einer Sorte ident ist (TECHERA et al., 2004). Hypervariable Regionen müssten mit anderen Techniken, wie z. B. RAPD oder AFLP, aufgespürt werden, diese haben aber den Nachteil, dass sie nicht gut reproduzierbar sind. Bei Mikrosatelliten können die Ergebnisse auch andernorts reproduziert werden (HACK, 2007).

Die unterschiedlichen Weine lassen sich in ihre analytischen Komponenten zerlegen und zeigen einerseits die typischen Inhaltsstoffe von 'Grüner Veltliner', andererseits kann erkannt werden, welche Substanzen eine Klonunterscheidung ermöglichen. Die sensorischen Bewertungen sollten aufzeigen, welche Unterschiede sich

Abb. 1: Dendrogramm von 130 Grüner Veltliner-Genotypen und ihre genetische Distanz



Tab. 1: Genotypen und Klone der Sorte 'Grüner Veltliner', die für die genetischen Analysen verwendet wurden (Zusätzlich für die chemischen, sensorischen und ampelographischen Untersuchungen ausgewählte Klone sind fett gedruckt)

La7/44	B 6-51	Kl 2	Kr 46/7	P 9
La 10/83	B 6-39	Kl 5	Kl 9	Re 14
Mö 160	La 7/44 Sub 126	Kr 46/7	Kl 12	STR 15-31
Kr 100	35 - 10	Kr 94/11	Kl 18	Re 17
La 1/18	28-99	M11-134	DV 3/71	A 1-5,
Mi 94/6	B 6-70	HI 4-51	La 1/18	A 1-3,
Mö144	Z11/208	DV 7/64	La 11/86	GV Mittelbach
Kr 383	M 11/62	DV 24-7	La 11/11	GV Sel. Knoll
Mi 3/195	M 11/191	DV 2-70	La 13 - 15	GV Mang 3
RZ 204	M15-156	DV 20-28	Mö 67	GV Ka 1/4
GV Much	MÖ 25	B6-42	h21 P1	GV Klon Hainzl
GV Udine	STR 8/65	DV 1-92	P10 - 79	Grauer V. K2 16
GV Chimäre gelb	STR 6/36	DV 10-35	Z III/11	GV Hainzl 2-38
Ro	STR 9/32	DV 2-92	STR 15-52	VG Mö 66
GV J.R 2	RE 141	KJ 3	P7	VG Mö 34
GV J.R 1	Z11-39	DV 21-11	P 10 1. Stock	VG Mö 170
KJ 1	M 11-153	DV 2/64	La 13/142	VG Mö 18
GV A1-2	R50 (ST 27)	Kr 36/31	P 6	GV Mang 2
KJ II 38-7	La 3/7	B 6/65	P 404	GV Mang 5
KJ - 2	KJ 4 Stock3	Z II/29	P3 3. Stock	GV Mang 6
A1-1	KJ 1/40	DV 9/63	Z II/194	GV Ka 1/11
A1-4	KJ 12	Z II/63	STR 8-66	GV Mang 4
La7/44 Sub. 124	Kr 36/31	R62	P 8	GV Stift 6
B 10-80	Kr 44-27	Z III/50	P 9 63	GV Mang 1
GV Stift 2	VG Mö 145	GV GO B 14	GV 36 St 14	GV W1
VG Mö 52	GV GO St 62	GV SMT St 8	GV 4 Stk 6	GV Hollenburg

auf Grund der individuellen Klongenetik im Geschmack widerspiegeln.

Material und Methoden

Das Rebmateriale für die vorliegende Arbeit stammt vom Versuchsgut Götzhof der Höheren Bundeslehranstalt und Bundesamt für Wein- und Obstbau Klosterneuburg in Langenzersdorf. Die Reben gehören zu einer randomisierten Versuchspartzele mit fünffacher Wiederholung jedes Klons. Die ursprünglichen, später selektierten und vermehrten Einzelpflanzen wurden in den verschiedenen niederösterreichischen Weinbaugebieten aufgefunden. Zusätzlich wurden für die genetischen Analysen Genotypen aus lokalen Sammlungen (Retz, Langenlois, Krems) und Einzelreben von Winzerbetrieben in die Studie mit aufgenommen (Tab. 1). Die Weine aus Klonmateriale stammen aus der schon erwähnten Versuchsanlage und wurden unter gleichen Bedingungen kultiviert und gekeltert. Um die Anzahl überschaubar zu halten, wurden nur jene zehn Klone (Abb. 2) vinifiziert, die auch ökonomische Relevanz haben. Drei Jahrgänge wurden in die Analysen einbezogen.

Die morphologische Beschreibung wurde unter Zuhilfenahme der wichtigsten OIV-Deskriptoren (<http://rebsortenkatalog.weinobstklosterneuburg.at>) ausgeführt. Die Beschreibung wurde auf Grund des enormen Zeitaufwands auf die zehn wichtigsten alten Klone beschränkt, aber über mehrere Jahre hinweg durchgeführt.

Molekularbiologische Analysen

Die DNA-Analyse der Klone wurde mittels Extraktion aus jungen Blättern nach der Methode von THOMAS und SCOTT (1993) durchgeführt. Die Klone wurden mit 300 SSR-Markern untersucht. Der überwiegende Teil dieser Genorte stammt vom Internationalen Vitis Mikrosatelliten Konsortium (VMC). Die anderen SSR-Marker sind schon älter und wurden bereits in zahlreichen Arbeiten, insbesondere zur Sortenerkennung und Abstammung, eingesetzt (REGNER et al., 1998). Die Vielfältigung der einzelnen Fragmente wurde so durchgeführt, dass bei Fehlen genauer Protokolle eine Standardprozedur angewandt wurde. Dieser Vorgang wurde als dreistufige Temperaturabfolge ausgeführt, wobei der mittlere Teil aus 40 Zyklen mit drei unterschiedlichen Temperaturen (15 sec 92 °C, 30 sec 50 °C, 30 sec

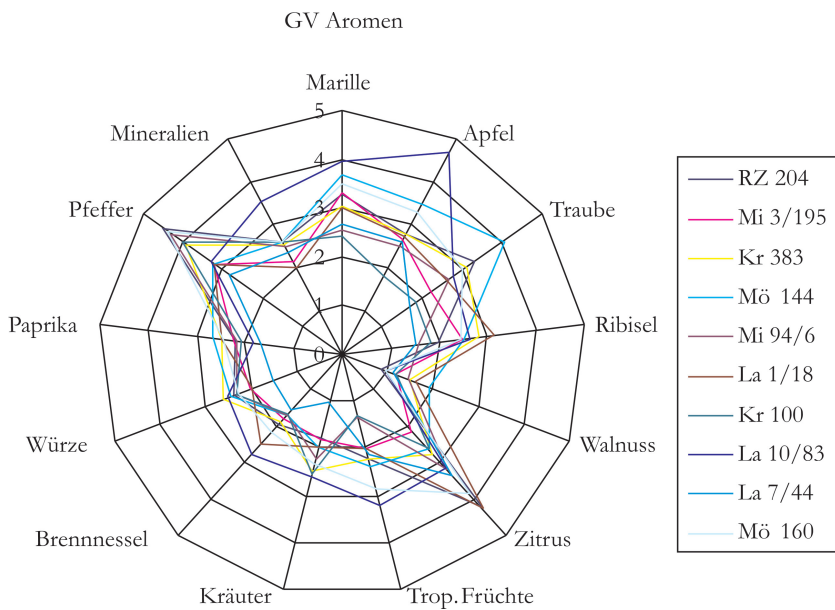


Abb. 2: Sensorisches Profil der zehn Hauptklone von 'Grüner Veltliner' (Jahrgang 2003; Mittelwerte einer achtköpfigen Kommission; jede Linie entspricht einem Klon)

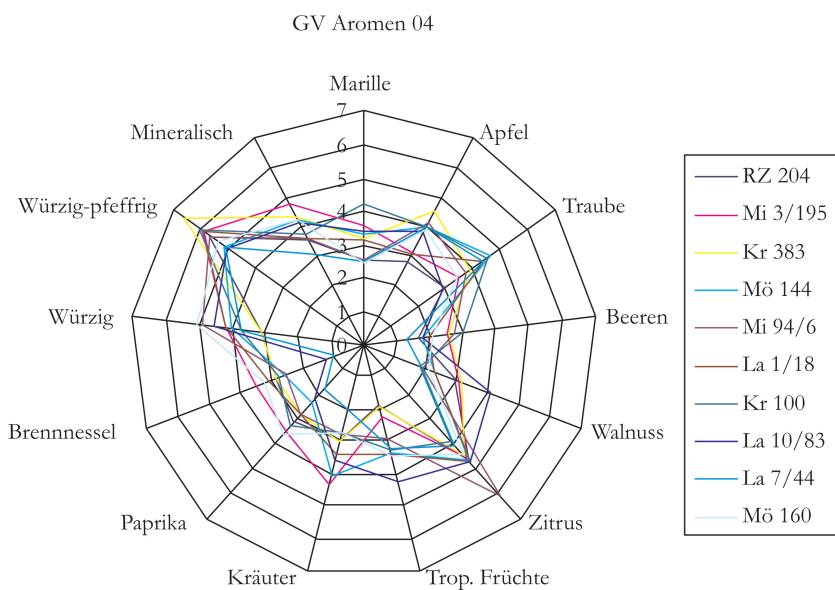


Abb. 3: Sensorisches Profil der zehn Hauptklone von 'Grüner Veltliner' (Jahrgang 2004; Mittelwerte einer achtköpfigen Kommission; jede Linie entspricht einem Klon)

72 °C) bestand. Der Beginn war mit einer zwei Minuten langen Denaturierung bei 94 °C und der Abschluss mit fünf Minuten bei 72 °C gestaltet. Die Primer waren mit den Fluoreszenzfarbstoffen 6-Fam, HEX, TET (Fa.

Perkin Elmer) markiert, und die Auftrennung der Allele wurde auf einem 6 % Polyacrylamidgel in einem automatischen Sequenzierer (ABI 373, Perkin-Elmer) durchgeführt. Marker ohne Markierung wurden händisch nach einer Silberfärbung anhand eines Längenstandards ausgewertet. Genetische Unterschiedlichkeit wurde mit dem Programm PhyQuest (TIEFENBRUNNER et al., 2002) berechnet. Die Matrix der genetischen Distanz wurde mittels 'hierarchal weight' ermittelt und schließlich ein Stammbaum der Klone errichtet.

Sensorische Analysen

Die sensorischen Bewertungen wurden von einer achtköpfigen Kommission vorgenommen, wobei nur Fachleute eingesetzt wurden. Die Verkostung war verdeckt und wurde anonym durchgeführt, sodass keine gegenseitige Beeinflussung möglich war. Die gezeigten Werte stellen Durchschnittswerte der Kommission dar. Einerseits wurden die klonalen Weine über eine Gesamtbeurteilung mittels unstrukturierter Skala bewertet. Dabei wurde jeder Wein in vierfacher Wiederholung vorgelegt. Andererseits wurden die Weine einzeln mit einfacher Wiederholung über eine unstrukturierte Aromenskala bewertet (Abb. 3).

Chemische Analysen

Die Aromaanalysen der flüchtigen Substanzen wurden mittels Gaschromatographie über zwei Jahrgänge hinweg für zehn Klone durchgeführt (SCHREINER et al., 2007). Die detektierten Substanzen waren zuvor mittels einer Festphasenextraktion angereichert worden, und der Nachweis erfolgte mittels GC mit Flammen-

ionisationsdetektor (FID).

Die Analyse der niedrigsiedenden schwefelhaltigen Verbindungen wurde gaschromatographisch in Verbindung mit einem Headspace-Injektionsverfahren und einem

gepulsten flammenphotometrischen Detektor (PFPD) durchgeführt (RAUHUT et al., 2005; IRMLER et al., 2008). An weiteren Inhaltsstoffen wurden über drei Jahrgänge hinweg Phenole mittels HPLC aufgetrennt (VRHOVSEK et al., 1997) und das Säurespektrum mittels FTIR bestimmt (PATZ et al., 2004).

Ergebnisse und Diskussion

Genetische Charakterisierung

Von 300 eingesetzten SSR-Markern konnten nur an 15 Genorten (Tab. 2) nachhaltig polymorphe DNA-Fragmente aufgefunden werden. Insgesamt konnte aber in allen verwendeten 130 Grüner Veltliner-Genotypen ein Muster gefunden werden, welches vom Hauptprofil abweicht. Am häufigsten traten so genannte Nullallele auf, die ein Verschwinden des zweiten Allels durch Mutationen in der Primerregion beinhalten. Sehr oft verschwinden auch beide Allele und lassen damit eine Veränderung der DNA-Sequenzen an den Anlagerungsstellen der Primer vermuten. Da der Umstand einer missglückten Amplifikation im selben Ergebnis resultiert, wurden die doppelten Nullallele mehrfach wiederholt.

Tab. 2: Genetische Marker zur Unterscheidung von Typen der Sorte 'Grüner Veltliner'

VNG 2c2.1	SCU 3	VMC 9f2
VMC 5b3	VMC 2f10	VMC 3f8
VMC 3d12	VMC 2a1	VMC 2b1
VMC 2c3	VMC 2h3	VVIP 09
VVIP 28	VVIQ 61	GK 1

Als zweitwichtigster Polymorphismus konnte Chimärenbildung mit drei oder vier Allelen entdeckt werden. Abgeschlossene Alleländerungen in Form von zwei neuen Allellängen waren sehr selten zu beobachten. Allelabweichungen wurden nur dann berücksichtigt, wenn sie in einem unabhängigen Ansatz reproduziert werden konnten. Dazu wäre zu bemerken, dass viele Polymorphismen nicht stabil reproduziert werden konnten, obwohl es sich um spezifische Primer, eben um SSR-Marker handelt (HACK, 2007). Eine strukturelle Beeinflussung der DNA durch die Manipulation der Proben wird nicht ausgeschlossen und könnte Ursache dieser Remodifizierung sein.

Der Genotyp DV 7/64 zeigte am Locus VNG2c2.1 ein Bandenmuster, welches bei keinem sonstigen Klon der Sorte 'Grüner Veltliner' beobachtbar war. Durch diesen

glücklichen Fall kann dieser Genotyp von allen anderen GV-Genotypen unterschieden werden. Am Genort VNG2c2.1 zeigt der Klon DV 7/64 mit den Banden bei 275/280 Basenpaaren (bp) ein polymorphes Allelmuster. Alle anderen Klone zeigen ein einheitliches Profil (138/140/145/147/255bp).

Der Genort SCU3 zeigt mit sechs verschiedenen Bandenmustern ein wesentlich höheres Differenzierungspotenzial. Der Klon Kr46/7 zeigt als Einziger eine Bande bei 248bp, der Klon DV 21-11 hat zwei Allele (240/248bp). Die beiden Klone Ro und M 11/191 zeigen ein Bandenprofil von 215/240/248bp. Drei Klone (Mö 160, DV 9/63 und P 404) sind durch das Bandenmuster 135/240/248bp charakterisiert. Die überwiegende Mehrheit der Genotypen zeigt ein Profil von 135/215/240/248bp. Acht Proben haben offensichtlich die Bindungsstelle für das Primerpaar verloren und zeigen keine Banden.

Am Genort VMC 9f2 werden fünf Klone (P6, P 404, P3, Z II/194 und Mö 34) durch das Bandenmuster 350/380bp charakterisiert. Der Rest zeigt ein Bandenmuster von 300/350/380.

Der Genort VMC5b3 liefert beim überwiegenden Teil der getesteten Klone Banden bei 175/195bp. Lediglich 15 Genotypen zeigen keine Banden.

Die Klone RZ 204, RE 141, Z11-39, DV 7/64, DV 1-92 und DV 10-35 zeigen am Genort VMC 2f10 eine Bande bei 70bp und Klon M11-134 das Bandenpaar 70/80bp. Der Großteil wird charakterisiert durch das Profil 70/80/98/105bp. Die Klone La 1/18 und Z II/63 zeigen keine Banden an diesem Locus.

Am Genort VMC 3f8 wurden vier verschiedene Allelmuster festgestellt. Die Klone A1-4, STR 8-66, STR 15-31, A1-3 Sub.64/13, Mö 145, GO St 62 und GV SMT haben eine Bande bei 280bp. 23 weitere Klone zeigen das Profil 280/340bp, und bei 35 Genotypen hat keine Primerbindung stattgefunden. Die restlichen Klone zeigen eine Bande bei 290bp.

Der Locus VMC 3d12 liefert fünf unterschiedliche Profile. Der Klon Z III/50 zeigt Banden bei 220/224/240bp. Die Fragmentlänge bei den Klonen Chimäre gelb, DV 10-35 Selektion Knoll, Mö 18 und GV36 beträgt 224bp. 45 Genotypen werden durch das Bandenmuster 220/224/240/250bp charakterisiert. Bei den Klonen La 1/18, KJ 1, STR 6/36, La 3/7, Kr 94/11, DV 2-92, DV 9/63, Z II/63, R 62, Kl 9 und GV zeigt sich keine Bande und bei den anderen Klonen wurden Fragmentlängen von 220/224bp gefunden.

Am Genort VMC 2a1 konnten vier verschiedene Profile ermittelt werden. Der Großteil der Proben zeigte

Tab. 3: OIV-Deskriptoren im Vergleich - Sortenmorphologie mit zehn einzelnen Klonen.

Die Bedeutung der Werte ist dem Deskriptor zu entnehmen. Mehrere Werte bedeuten eine größere Variabilität innerhalb der untersuchten zehn Stöcke eines Genotyps. Die kursiven Werte zeigen die morphologischen Unterschiede auf, die erkennbar waren.

OIV-Nr.	Deskriptor	GV	Mö 144	Mö 160	La 7/44	RZ 204	Kr 100	Kr 383	Mi 94/6	Mi 3/195	La 10/83	La 1/18
Junger Trieb												
001	Triebspitzenöffnung	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7
003	Intensität der Anthocyane	3	3	3	3,5	3	3	1,3	3	1,3	<i>1</i>	3
004	Dichte der Behaarung	7	7	7,9	7,9	7	7,9	7	7,9	7,9	7,9	7
Trieb												
006	Haltung	3	3	3	3	3	3,5	3	3,5	3	3,5	3
007	Farbe der Internodienvorderseite	1	1,2	1	1,2	1	1	1	1,2	1	1	1
008	Farbe der Internodienrückseite	1	1,2	1	1	1	1	1	1	1	1	1
015-1	Verteilung der Anthocyane	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
015-2	Intensität Anthocyane Knospen	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
016	Verteilung Anthocyane am Trieb	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Junges Blatt												
051	Farbe der Oberseite	1	1,2	1,2	1	1,2	2	1	1,2	1,2	1	2
053	Dichte der Behaarung	7	7	7	7	7,9	7	7	7	7	7	5,7
Reifes Blatt												
067	Form der Spreite	3,4	2	2,3	2,3	3	2,3	2	2,3	2,3	2,3	2,3
068	Anzahl der Lappen	3,4	3,4	3,4	3,4	3	3,4	3	3	3,4	3	3
070	Färbung der Adern	1,2	1,2	2	2,3	1	2	3	1,2	1	2,3	1,2
072	Waffelung der Spreite	3	3	3,5	5	3	3	5	3,5	5	5	3,5
074	Profile des Blattquerschnitts	1,4	1	5	5	1	1,4	5	1	5	1,5	1,2
075	Blasigkeit der Spreite	3,5	1,3	3	5	3	3,5	5,7	3,5	5	3	5
076	Form der Zähne	3	3	2,3	3	3,4	2,3	3,4	2,3	3,4	2	2
079	Stielbuchtöffnung	3,4	3	2,3	2,3,4	2,3	2,3	2,3	2,3,4	2,3	2	2,3
080	Form der Stielbucht	3	1	3	1,3	1,3	1,3	1,2,3	1,3	1,3	3	1,3
081-1	Zähne der Stielbucht	1,2	2	2	2	2	2	1	2	2	2	1
081-2	Stielbuchtbegrenzung	1	1	1	1	2	1	1	1	1	2	1
083-2	Zähne der Seitenbuchten	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
084	Dichte der Haare	5	5,7	5,7	5,7	5,7	3,5	5,7	5,7	5	5,7	5,7
087	Dichte der Borsten	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
Traube												
202	Länge	3,5	3	3,5	3,5	3	5	3	3	3	3	5
204	Dichte	5	5	3,5	5,7	3	5	5	7	5	3	5
206	Länge des Stängels	3	3	3,5	3	5	3,5	3,5	3	3	3,5	3
208	Form	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
209	Anzahl der Flügel	2	2,3	2,3	2	2	2,3	2	2,3	2	2	2
Beeren												
220	Länge	3,5	3	3,5	3	3	5	3	3,5	3	3	5
221	Breite	3,5	3	3,5	3	3	5	3	3,5	3	3	5
503	Einzelbeerengewicht	1,3	1	1,3	1	1	3	1	1,3	1,3	1	3
223	Form	2,3	2	2,6	3	2,3	2	2,3	2	2	2	2,3
225	Beerenfarbe	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
230	Farbe des Beerenfleisches	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
236	Besonderer Geschmack	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
241	Samenausbildung	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3

ein Bandenmuster von 170/185/220bp. Die Klone La 1/18 und Chimäre gelb sind durch die Abwesenheit einer Bande gekennzeichnet. Neun Klone weisen eine Bande bei 220bp auf und 35 Genotypen zwei bei 185/220bp. Am Locus VMC 2b1 hat der Großteil der Klone eine Bande bei 95bp, nur bei 462 M11-153 zeigt sich eine

verkürzte Bande bei 94bp. Bei den Klonen La 1/18 und La 3/7 hat keine Anlagerung des Primerpaares stattgefunden.

Der Klon B6-70 weist am Genort VMC 2c3 ein Bandenmuster von 175/185/205bp auf, die restlichen Klone zeigten nur zwei Banden bei 175/185bp. Am Genort

Tab. 4: Freie Aromakomponenten ($\mu\text{g/l}$) der wichtigsten 'Grüner Veltliner'-Klone
 Die fettgedruckten Werte zeigen ein Differenzierungspotenzial innerhalb der Klone. Substanzen in Klammern sind nicht durch Standards gesichert, während nicht identifizierte Substanzen nicht enthalten sind.

Freie Aromakomponenten	RZ 204	Mi 3/195	Kr 383	Mö 144	Mi 94/6	La 1/18	Kr 100	La 10/83	La 7/449	Median
Isobutylacetat	123	139	81	158	141	249	370	89	95	161
Isobutanol	11446	8627	7021	13188	12733	11966	14868	10733	1288	11488
Isoamylacetat	2009	2664	n.n.	2513	2426	3356	4512	n.n.	2281	2719
(3-Penten-2-ol)	10	12	13	15	16	15	17	9	11	13
(n-Pentanol)	26	28	32	33	29	34	40	24	22	30
(Acetoin)	23	26	26	26	26	20	n.n.	16	21	20
Hexylacetat	80	85	70	96	90	128	163	112	76	100
3-Hexenol-1-Acetat	11	10	13	11	9	14	11	8	7	10
4-Methyl-2-Pentanol	22	24	30	28	24	25	15	27	26	25
3-Methyl-2-Pentanol	3	3	3	4	3	n.n.	24	n.n.	3	5
4-Methyl-1-Pentanol	31	39	47	41	33	36	36	40	37	38
3-Methyl-1-Pentanol	18	20	16	25	17	31	30	12	14	20
Ethyllactat	1361	1459	1319	1554	1621	1909	1696	1133	1232	1476
Hexanol	533	566	532	575	596	626	818	797	619	629
trans-3-Hexenol	53	76	69	54	67	76	72	71	55	66
3-Ethoxypropanol	17	19	15	20	21	21	32	15	16	20
cis-3-Hexenol	66	50	57	80	52	68	49	36	43	56
(trans-2-Hexenol)	4	5	5	4	4	n.n.	5	5	4	4
(cis-2-Hexenol)	8	6	6	10	9	29	165	7	9	28
trans-furano-Linalooloxid	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	4	n.n.	n.n.	0,4
Essigsäure	14	17	21	14	17	11	18	18	15	16
(Furfurol)	8	6	4	7	7	7	8	5	4	6
cis-furano-Linalooloxid	2	1	n.n.	3	2	n.n.	4	n.n.	2	2
(2-Methyldihydrothiophen-3-on)	4	5	9	8	7	10	28	n.n.	4	8
(2,3-Butandiol Nr.1)	46	39	29	52	47	48	61	40	51	46
Linalool	2	3	3	5	3	n.n.	8	2	2	3
(2,3-Butandiol Nr.2)	8	9	10	10	9	17	37	7	8	13
(Hotrienol + gamma-Butyrolacton)	496	912	1013	984	1053	467	407	773	946	783
Isovaleriansäure	310	403	461	376	373	350	371	389	433	385
Diethylsuccinat	127	157	174	180	135	116	114	124	129	139
(alpha-Terpineol)	14	16	19	16	15	28	59	13	13	22
3-Methylthiopropanol	228	277	483	283	354	100	152	469	463	312
1,3-Propandiolacetat	195	257	212	265	244	400	461	223	208	274
Citronellol	13	12	14	11	8	9	10	11	10	11
Nerol	6	10	15	14	16	11	9	9	9	11
beta-Phenylethylacetat	213	310	317	268	232	238	280	256	247	262
Geraniol	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.
alpha-3-Methylbutylacetamid	48	115	150	134	134	19	35	83	67	87
Iso Butanole	188	281	227	269	239	341	425	219	218	268
1,4-Butandiolmonoacetat	12	16	17	15	16	24	73	12	11	22
iso-Pentanole	13408	18237	23980	14984	16410	11191	9977	18540	18289	16113
(Actinidol 1)	3	1	2	2	2	n.n.	6	n.n.	n.n.	2
(3,7-Dimethyl-1,5-Octadien-3,7-Diol)	7	8	4	12	5	18	27	14	13	12
(Actinidol 2)	4,3	74,3	88,3	70,3	4,9	7,6	105,2	3,4	5,2	40,4
(3,7-Dimethyl-1-EN-Octadien-3,7-Diol)	10	12	10	12	11	20	63	11	12	18
(2-Ethyl-Hexanolsäure)	3711	3887	3938	5797	4323	3885	3969	3393	3796	4078
4-Ethylguajakol	39	40	34	49	42	n.n.	97	33	39	41
(Pantolacton)	8	7	7	11	6	78	n.n.	6	5	14
Diethylmalat	277	353	373	430	365	338	307	201	257	322
Caprylsäure	3678	4002	4295	4326	3732	4302	4794	3264	3532	3992
3,7-Dimethyl-1,7-Octadien-3,7-Diol	5	8	5	10	7	8	11	6	7	8
(2-Hydroxy-Glutarsäurediethylester)	37	42	44	48	46	34	38	29	32	39

Fortsetzung nächste Seite

Tab. 4: Fortsetzung

Freie Aromakomponenten	RZ 204	Mi 3/195	Kr 383	Mö 144	Mi 94/6	La 1/18	Kr 100	La 10/83	La 7/449	Median
4-Ethylphenol	114	33	21	24	100	27	88	20	20	50
(4-Vinylguajakol)	56	96	91	96	39	83	138	84	76	84
4-Carboethoxy-gamma-Butyrolacton (Ethylphenyllactat)	155	215	211	216	214	211	262	164	172	202
	4	11	10	7	7	4	10	3	n.n.	6
8-Hydroxy-trans-Linalool	12	15	24	26	18	n.n.	11	14	17	15
Succinylmonoethylester	4844	6048	7181	6226	5789	4111	4185	5388	5421	5466
4-Vinylphenol	39	93	78	90	37	79	125	92	84	80

n.n. = nicht nachweisbar

VMC 2h3 zeigen die Klone P6 und P7 Allele bei 75/90/120bp. Beim Rest findet man statt der Bande bei 120bp eine solche mit 125bp.

Der Genort VVIP 09 weist vier verschiedene Allelmuster auf. Der Klon DV 24-7 zeigt als einziger vier Banden (125/235/250/285bp). Der überwiegende Teil der getesteten Individuen weist ein Profil von 125/250/285bp auf. 14 Genotypen zeigen Banden bei 125/285bp, und acht haben keine Banden.

Der Locus VVIP 28 liefert bei 13 Klonen eine Bande mit 300bp und zwei Klone (KL2 und KL5) mit vier Banden bei 248/265/275/300bp. Die Mehrheit der Proben zeigt ein Profil von 248/275bp, nur ein Klon hat keine Bande.

Am Genort VVIQ 61 haben 25 Klone nur eine Bande bei 400bp. Die Klone La 1/18, KJ 1 A1-4, La 1/18 und h21 P1 weisen keine Bande auf. Der Rest zeigt ein Profil von 360/400bp.

Der Locus GK-1 ist ein so genannter interSSR-Marker und wird nur durch eine einzige Sequenz definiert. Diese Markergruppe liefert normalerweise einen höheren Grad an Polymorphismus, weshalb sie häufig als Werkzeug zur Klonendifferenzierung Verwendung findet (IMAZIO et al., 2002). Im vorliegenden Fall zeigt der Klon Selektion Knoll ein Bandenmuster von 120/180/190/225/260/280bp. Zwei Klone (La 1/18 und KJ 1) liefern kein Allel. Die restlichen Klone haben ein Profil mit den Banden 120/180/215/225bp.

Einige der analysierten Genotypen zeigten gleiche Bandenmuster und konnten deshalb mit den zur Verfügung stehenden Markern nicht differenziert werden. Für die Erstellung des Dendrogramms (Abb. 1) wurden sie in Cluster zusammengefasst:

Cluster 1: La7/44, La10/83, DV2/64

Cluster 2: Mö144, 'Veltliner verde'

Cluster 3: Mi94/6, Kr383, J.R 1, 7/44 Sub. 124, B10-80, B6-39, 35-10, 28-99, Mi15-156, STR9/32, HI4-51

Cluster 4: Mi3/195, KJ II 38-7, KJ - 2, 7/44 Sub. 126, Z11/208

Cluster 5: A1-1, P9, Re 14, Klon Hainzl, Mö66

Cluster 6: Z II/29, KI 12, KI 18, La 13-15, STR 15-52, Mittelbach, K2 16

Cluster 7: DV 2-70, Mö 67

Cluster 8: Kr 100, B 6-51

Cluster 9: J.R 2, STR 8/65

Cluster 10: Re 141, Z11-39

Cluster 11: Ka 1/11, Mang 1

Cluster 12: KJ 4 Stock3, KJ1/40, KJ 12, Kr 36/31, Kr 44-27

Cluster 13: KI 2, KI 5

Cluster 14: Mang 4, Stift 6, Mö 52

Cluster 15: Mang 2, Mang 5, GV W1

Cluster 16: Mö 145, GV SMT

Cluster 17: A1-2, Mang 3

Cluster 18: P7, Ka 1/4

Auffallend bei einigen der verwendeten Marker ist, dass einige der getesteten Individuen keine Amplifikate zeigen. Das könnte darauf zurückzuführen sein, dass im Laufe der evolutionären Entwicklung nicht nur die in der Einleitung erwähnten repetitiven Sequenzen, sondern auch die Bindungsstellen der Primer, die diese Sequenzen flankieren, Mutationen unterworfen waren und so eine Bindung der Primer und damit die Amplifikation in der Polymerasekettenreaktion verhindert wird (REGNER et al., 2006).

Eine Probe wurde als nicht sortenecht erkannt und von der Darstellung der Grünen Veltliner-Typen ausgeschlossen. Von den ursprünglich 130 Klonen wurde nach ersten Analysen eine Anzahl von 59 Klonen als wahrscheinlich heterogen erkannt und weiter verfolgt. Die genetische Distanz wurde auch als Stammbaum dargestellt. Einerseits war die Ausbeute an Polymorphismen im Vergleich zu den Sorten der Traminer- (REGNER und KASERER, 2002) und Burgunder-Gruppe

Tab. 5: Gehalte an niedrigsiedenden schwefelhaltigen Substanzen in Weinen von 15 'Grüner Veltliner'-Klonen

		RZ 204	MI 3/195	KR 383	Mö 144	Mi 94/6	La 1/18	Kr 100	La 10/83	La 7/44	Mö 160	C 374	C 448	A 1-1	A 1-4	A 1-2
H ₂ S	(µg/l)	18,1	12,9	9,9	3,1	8,1	15,8	11,4	13,4	9,8	10,5	7,6	7,0	4,8	14,2	4,1
MeSH	(µg/l)	4,1	5,1	3,0	2,4	3,8	3,7	3,8	4,6	2,4	3,1	4,1	3,2	2,8	5,0	4,0
EtSH	(µg/l)	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.
DMS	(µg/l)	22,2	12,4	12,4	16,7	16,3	15,2	12,9	19,9	23,1	13,8	8,5	14,5	13,8	12,9	12,1
CS ₂	(µg/l)	3,3	0,9	1,1	2,0	2,7	3,8	10,2	9,5	1,7	1,0	8,4	0,4	1,3	0,7	1,4
Unbekannt	FS/FI*	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	0,2	n.d.	0,1	n.d.	0,2
MeSAc	(µg/l)	11,9	12,4	16,1	11,9	19,4	13,4	12,6	14,6	14,7	12,0	19,6	12,1	18,6	17,1	20,0
DMDS	(µg/l)	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.
EtSAc	(µg/l)	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	5,4	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	n.n.	6,6	n.d.	n.d.	n.d.	n.d.

n.n. = nicht nachweisbar

n.d. = nicht detektiert

* Relative Peakfläche = Fläche der Substanz / Fläche des internen Standards

(REGNER et al., 2006) enttäuschend gering, und andererseits gab es keine Gruppenbildung auf Grund der Herkunft. Das lässt den Rückschluss zu, dass es sich bei 'Grüner Veltliner' um eine eher jüngere und homogenere Rebsorte handelt. Andererseits können mittels polymorpher DNA im Zuge der Selektion tatsächliche Mutanten gegenüber scheinbaren Modifikationen unterschieden werden. Die geringen sensorischen Unterschiede trotz unterschiedlichster Produktionsbedingungen im Weinbaugebiet Weinviertel weisen auf eine ähnliche Situation hin. Die historische Nennung der Sorte datiert auch erst aus dem 19. Jahrhundert und könnte somit eine Bestätigung durch die geringe genetische Variabilität erhalten (BURGER, 1837).

Ampelographische Erfassung

Die ampelographische Erfassung der Merkmale stammt aus einer dreijährigen Beobachtung und ist somit von jährlichen Schwankungen einigermaßen bereinigt. Die einzelnen Merkmale wurden gemäß den OIV-Deskriptoren erfasst (Tab. 3), jedoch sind die geringen Unterschiede der ampelographischen Bestimmung nicht geeignet, um ein Wiederauffinden der einzelnen Klone zu gewährleisten. Nur im direkten Vergleich bekannter Klone sind diese morphologischen Abweichungen als Unterscheidungspotenzial nutzbar.

Aromaprofile

Die GC-Analyse erbrachte eine Auftrennung von über 170 Aromakomponenten, die aber nicht vollständig identifiziert werden konnten. Tabelle 4 zeigt einen Auszug von aromaaktiven Substanzen in den Weinen der verschiedenen GV-Klone. Die meisten der Inhaltsstoffe liegen unter denselben Produktionsbedingungen bei den verschiedenen Klonen sehr eng zusammen. Nur die Substanzen Isobutylacetat, Acetoin, 3-Methyl-2-Pentanol, trans-furano-Linalooloxid, 3-Methylthiopro-

panol, alpha-3-Methylbutylactamid, Actinidol-2, Ethylgajakol, 4-Ethylphenol und 4-Vinylphenol zeigen ein Differenzierungspotenzial auf. Diese Unterschiede bleiben aber nicht stabil über die Jahre hinweg aufrecht. Daher kann der Schluss gezogen werden, dass die Menge dieser Aromastoffe nicht primär durch die Genetik der Rebe, sondern durch den individuellen Stoffwechsel infolge einer spezifischen Umweltsituation determiniert wird. Letztendlich üben die Faktoren Klima und Boden einen stärkeren Einfluss auf die Zusammensetzung der Weine aus als die unterschiedlichen Genotypen einer nicht besonders stark aufgespaltenen Sorte. Zumindest bei den untersuchten GV-Klonen hat sich dieses Bild ergeben. Die komplexe Beziehung der verschiedenen Metaboliten zueinander verhindert somit eine genetisch bedingte Stabilität in den Aromen. Terpene, die als wesentlich für viele Sortentypizitäten erkannt wurden (RAPP, 1989), sind in 'Grüner Veltliner' fast nicht vorhanden (SCHREINER et al., 2007). Für die Klonenselektion interessant wären aber Genotypen, die sich sensorisch deutlich von den bestehenden Klonen unterscheiden lassen.

Nicht wesentlich anders konnten die Analysen von schwefelhaltigen Aromastoffen beurteilt werden. Auch hier war klar erkenntlich, dass sich Klone einer Sorte in mehreren schwefelhaltigen Substanzen unterscheiden können. Diese Unterschiede konnten aber im darauffolgenden Jahr nicht wiedergefunden werden (Tab. 5). Es wurden auch die Gehalte der schwefelhaltigen Substanzen Hydrogensulfid (H₂S), Methanthiol (MeSH), Ethanthiol (EtSH), Kohlenstoffdisulfid (CS₂), Dimethylsulfid (DMS), Thioessigsäure-S-methylester, (MeSAc), Thioessigsäure-S-ethylester (EtSAc), Dimethyldisulfid (DMDS), Diethyldisulfid (DEDS) und Dimethyltrisulfid (DMTS) ermittelt. Auch unbekannt Substanzen wurden detektiert. Das Unterscheidungspotenzial innerhalb der zehn wichtigsten Klone lag auf

Hydrogensulfid, Kohlenstoffdisulfid, Thioessigsäure-S-methylester und Thioessigsäure-S-ethylester sowie Dimethylsulfid. Eine erhöhte Biosynthese dieser Stoffe ist jedoch überwiegend auf den eingesetzten Hefestamm und auf eine zu geringe Versorgung mit hefeverwertbarem Stickstoff zurückzuführen (RAUHUT, 2003). Die Analyse der Säuren spiegelte vor allem den Reifezustand des Jahres wider und ließ innerhalb der Klone kein Differenzierungspotenzial erkennen. In guten Jahrgängen waren die Werte für Äpfel- und Zitronensäure deutlich geringer, aber dafür stieg die Menge an Bernsteinsäure deutlich an. Die Werte (Einzeldaten werden nicht gezeigt) der einzelnen Klone lagen innerhalb der zu erwartenden Streuung und zeigten über die Jahre hinweg keine konstanten Niveaus.

Phenol- und Säureprofile

Ein ähnliches Ergebnis wurde bei den mit HPLC ermittelten Phenolgehalten erlangt. Hier wurden die Mengen an Gallussäure, Caftarinsäure, Tyrosol, *cis*- und *trans*-Cutarsäure, Kaffeesäure, Ferulonsäure, Cumarinsäure, Ferulasäure, Epicatechin sowie Catechin und der Gesamtgehalt eruiert. Differenzierungspotenzial könnten zumindest zwei Phenole, nämlich Caftarinsäure und Tyrosol, haben. Während Caftarinsäure über die Jahre hinweg keine Konstanz erkennen lässt, scheint Tyrosol stabiler produziert zu werden. Vor allem in Jahrgängen mit höheren Werten waren es dieselben Klone, die dann die höchsten Werte erkennen ließen. Insbesondere der Klon Kr 383 zeigte im Vergleich mit den neun anderen klassischen Klonen (Tab. 1) beständig hohe Tyrosol-Werte.

Sensorische Profile

Das Aromenpotenzial wurde von einer Kostkommission in verdeckter Verkostung ermittelt. Die Geschmackseindrücke des österreichischen Weißwein-Aromenspektrums waren zusammengefasst auf 15 Geschmackskomponenten (Steinobst, Kernobst, Traube, Beerenobst, Nusstöne, Zitrus, tropische Frucht, blumige Aromen, Paprika, Brennnessel, Spargel, Würze, Pfeffer, Mineralien, Säure). Dabei konnte festgestellt werden, dass ein Grundeindruck von jeder dieser Aromakomponenten in fast jedem Wein vorhanden ist. Entscheidend sind aber jene Komponenten, die über den Schwellenwert hinaus eine massivere Beeinflussung ergeben. Diese Hauptkomponenten bestimmen letztendlich die Einstufung des Weines in eine Aromengruppe. Die häufigsten Aromentypen sind würzig-pfeffrig, Steinobst, krautig und vegetativ ('Sauvignon'-

Typ). Bei vielen Klonen sind die Hauptfaktoren des Geschmacksbildes Pfeffer und Säure, einzelne Klone aber lassen auch Fruchtbestandteile, wie Apfel, Traube oder Marille, erkennen. Außerdem wurde eine vergleichende Gesamtbewertung mittels unstrukturierter Skala vorgenommen. Auch hier konnte über die Jahre hinweg keine klare Dominanz eines oder mehrerer Klone erkannt werden.

Danksagung

Dank gebührt Frau CORNELIA EISENHELD für ihre technische Unterstützung. Dieses Projekt wurde finanziert aus Mitteln des BMLFUW.

Literatur

- BURGER, J. (1837): Systematische Klassifikation und Beschreibung der in den österreichischen Weingärten vorkommenden Traubenarten (Verhandlungen der k.k. Landwirtschafts-Ges. N.F. 6/1). - Wien: Gerold, 1837
- FLAK, W., KRIZAN, R., KUTSCHER, W., TSCHIEK, G. und WALLNER, E. 2007: Charakterisierung von Weinen der Sorte Grüner Veltliner aus verschiedenen Herkünften im Weinbaugebiet Weinviertel. Mitt. Klosterneuburg 57: 131-139
- HACK, R. (2007): Charakterisierung von verschiedenen Klonen der Rebsorte Grüner Veltliner mittels SSR Marker und Implementierung einer MySQL-Datenbank mit Webinterface zur Veröffentlichung der gewonnenen Daten. - Diplomarbeit FH Campus Wien, 2007
- IMAZIO, S., LABRA, M., GRASSI, F., WINFIELD, M., BARDINI, M. and SCIENZA, A. 2002: Molecular tools for clone identification: The case of the grapevine cultivar Traminer. Plant Breeding 121: 531-535
- IRMLER, S., RABOUD, S., BEISERT, B., RAUHUT, D. and BERTHOUD, H. 2008: Cloning and characterization of two *Lactobacillus casei* genes encoding a cystathionine lyase. Appl. Environm. Microbiol. 74: 99-106
- JORDAN, S. (2005): Analyse der Produktionsverfahren des Weinviertel DAC - Diplomarbeit HBLA und BA Klosterneuburg, 2005
- PATZ, C.D., BLIEKE, A., RISTOW, R. and DIETRICH, H. 2004: Application of FTIR spectrometry in wine analysis. Analytica Chimica Acta (513): 81-89
- RAPP, A. 1989: Aromastoffe des Weines. Weinwirtschaft-Technik 125(7): 17-27
- RAUHUT, D. (2003): Impact of volatile sulfur compounds on wine quality. In: DAVIDIAN, J.-C., GRILL, D., DE KOK, L.J., STULEN, I., HAWKESFORD, M.J., SCHNUG, E. and RENNINGER, H. (Eds.): Sulfur transport and assimilation in plants, pp. 121-131. - Leiden, Netherlands: Backhuys Publishers, 2003
- RAUHUT, D., BEISERT, B., BERRES, M., GAWRON-SCIBEK, M. and KÜRBEL, H. (2005): Pulse flame photometric detection: an innovative technique to analyse volatile sulfur compounds in wine and other beverages. In: HOFMANN, T., ROTHE, M. and SCHIEBERLE, P.: State-of-the-art in flavour chemistry and biology, pp. 363-368 (Proceedings 7th Wartburg Symposium). - Garching: Dt. Forschungsanstalt für Lebensmittelchemie, 2005
- REGNER, F. 2000: Die genetische Analyse von Rebsorten. Dt. Weinbau-Jb. 51: 125-132

- REGNER, F. 2007: Herkunft unserer Rebsorten: Grüner Veltliner, Blaufränkisch und St. Laurent. *Der Winzer* (4) 12-15
- REGNER, F. and KASERER H. 2002: Investigations into the genetic variability of Traminer clones. *Mitt. Klosterneuburg* 52:177-186
- REGNER, F., HACK, R. and SANTIAGO, J.L. 2006: Highly variable *Vitis* microsatellite loci for the identification of Pinot noir clones. *Vitis* 45(2): 85-89
- REGNER, F., STADLBAUER, A. und EISENHELD, C. 1998: Heunisch x Fränkisch, ein wichtiger Genpool europäischer Rebsorten (*Vitis vinifera* L. sativa). *Vitic. Enol. Sci.* 53: 114-118
- SCHREINER, A., BRANDES, W., VERSINI, G., BERGHOFER, E. und EDER, R. 2007: Herkunftsunterscheidung von Weinen der Sorte Grüner Veltliner anhand ihrer Aromaprofile mit Hilfe von Data Mining Techniken und Neuronalen Netzwerken. *Mitt. Klosterneuburg* 57: 3-22
- TECHERA, G.A., JUBANY, S., PONCE DE LEON, I., BOIDO, E., DEL-LACASSA, E., CARRAU, F.M., HINRICHSSEN, P. and GAGGERO, C. 2004: Molecular diversity within clones of cv. Tannat (*Vitis vinifera*). *Vitis* 43(4): 179- 185
- THOMAS, M.R. and SCOTT, N.S. 1993: Microsatellite repeats in grapevine reveal DNA polymorphism when analysed as sequence-tagged sites (STSs). *Theor. Appl. Genetics.* 86: 985-990
- TIEFENBRUNNER, A., TIEFENBRUNNER, M., TIEFENBRUNNER, W. and WAHRA, A. 2002: A software tool as an aid to the identification of species of *Longidorus* Micoletzky, (Nematoda: Dorylaimoidea). *Nematology* 4(7): 845-852
- VRHOVSEK, U., WENDELIN, S. und EDER, R. 1997: Quantitative Bestimmung von Hydroxyzimtsäuren und Hydroxyzimtsäurederivaten in Weißweinen mittels HPLC. *Mitt. Klosterneuburg* 47: 164-172

Manuskript eingelangt am 3. Juli 2008