

DNA-markers ontdekt in onderzoek naar druivengenetica onthullen wat de perfecte bloem maakt

By Erin Rodger, Cornell University

Wijn- en tafeldruiven bestaan dankzij een genetische uitwisseling die zo zeldzaam is dat het in de afgelopen 6 miljoen jaar maar twee keer in de natuur is voorgekomen. En sinds de domesticatie van de wijnstok 8000 jaar geleden, is kruisen nog steeds een gok.

Wanneer telers tegenwoordig nieuwe variëteiten kweken - in een poging om beter smakende en meer ziektebestendige druiven te produceren - duurt het twee tot vier jaar voordat veredelaars weten of ze de genetische ingrediënten hebben voor de perfecte bloem.



Vrouwtjes zetten vrucht, maar produceren steriel stuifmeel. Mannetjes hebben meeldraden voor stuifmeel, maar missen fruit. De perfecte bloem heeft echter beide geslachtsgenen en kan zichzelf bestuiven. Deze tweeslachtige variëteiten leveren over het algemeen grotere en beter smakende bessenclusters op, en zij zijn degenen die onderzoekers gebruiken voor extra kruising.

Nu hebben Cornell-wetenschappers samengewerkt met de University of California, Davis, om de DNA-markers te identificeren die het geslacht van druivenbloemen bepalen. Daarbij hebben ze ook de genetische oorsprong van de perfecte bloem vastgesteld. Hun artikel, "Meerdere onafhankelijke recombinaties leidden tot hermafroditisme in Grapevine", gepubliceerd op 13 april 2021 in de Proceedings of the National Academy of Science.

"Dit is het eerste genomische bewijs dat seks met wijnstokbloemen meerdere onafhankelijke oorsprong heeft", zegt Jason Londo, corresponderende auteur van de paper en een onderzoeksgeneticus bij de Grape Genetics Unit van de USDA-Agricultural Research Service (USDA-ARS), gevestigd bij Cornell AgriTech

"Deze studie is belangrijk voor de veredeling en productie, omdat we genetische markers hebben ontworpen om je te vertellen welke exacte bloemseks-signatuur elke wijnstok heeft," zei Londo, "zodat veredelaars ervoor kunnen kiezen om alleen de combinaties te behouden die ze willen voor de toekomst."

Tegenwoordig zijn de meeste gecultiveerde wijnstokken tweeslachtig, terwijl alle wilde leden van het geslacht *Vitis* alleen mannelijke of vrouwelijke bloemen hebben. Terwijl veredelaars proberen ziekteresistentie-genen van wilde soorten op te nemen in nieuwe veredelingslijnen, is het vermogen om zaailingen te screenen op bloemseks steeds belangrijker geworden. En aangezien het geslacht van de druiven niet alleen uit zaden kan worden bepaald, besteden fokkers veel tijd en middelen aan het kweken van wijnstokken, om ze een aantal jaren later weg te gooien als ze erachter komen dat het rassen van hetzelfde geslacht zijn.

In de studie onderzocht het team de DNA-sequenties van honderden wilde en gedomesticeerde wijnstokgenomen om de unieke geslachtsbepalende regio's voor mannelijke, vrouwelijke en hermafrodiete soorten te identificeren. Ze herleidden het bestaande hermafrodiete DNA naar twee afzonderlijke recombinatiegebeurtenissen, die ergens tussen de 6 miljoen en 8.000 jaar geleden plaatsvonden.

Londo theoretiseert dat oude wijnbouwers deze hoogproductieve wijnstokken tegenkwamen en zaden of stekken verzamelden voor hun eigen behoeften - het bevroeren van de hermafrodiete bloemeigenschap in gedomesticeerde wijnstokken die tegenwoordig worden gebruikt.

Veel wijndruiven zijn terug te voeren tot de genenpool van de eerste of tweede gebeurtenis. Cultivars zoals cabernet franc, cabernet sauvignon, merlot en Thompson seedless komen allemaal uit de eerste genenpool. De pinotfamilie, sauvignon blanc en gamay noir zijn afkomstig uit de tweede genenpool.

Wat chardonnay en riesling uniek maakt, is dat ze genen van beide gebeurtenissen dragen. Londo zei dat dit erop wijst dat oude wijnbouwers druiven kruisten tussen de twee genenpools, die enkele van de belangrijkste cultivars van vandaag creëerden.

Het documenteren van de genetische merkers voor het identificeren van mannelijke, vrouwelijke en perfecte bloemsoorten zal uiteindelijk de ontwikkeling van cultivars helpen versnellen en de kosten van veredelingsprogramma's verlagen.

"Hoe meer druiven-DNA-markers worden geïdentificeerd, hoe meer veredelaars de wijn- en druivenindustrie vooruit kunnen helpen", zegt Bruce Reisch, co-auteur en professor in zowel de afdeling Tuinbouw als Plantenveredeling en Genetica van SIPS. "Moderne technologieën voor genetische sequencing en multi-institutionele onderzoekssamenwerkingen zijn essentieel om betere druiven beschikbaar te maken voor telers."