

Zusammenfassung

Der Raps (*Brassica napus*) ist eine der wichtigsten Öl-Kulturpflanzen weltweit und eines der Hauptziele der Rapszüchtung ist die Optimierung des Blühzeitpunktes. Daher hat ein grundlegendes Verständnis der Regulationsmechanismen, die den Zeitpunkt der Blütenbildung steuern, eine erhebliche Bedeutung für Rapszüchtungsstrategien. Dafür wurden in dieser Studie umfassende physiologische und molekulare Analysen zur Blühinduktion beim Winterraps Express617 durchgeführt.

Im ersten Teil der Arbeit führte ich wöchentliche histologische Analysen der apikalen Sprossmeristeme von Winterrapspflanzen während der Vernalisation durch. Die Analysen ergaben, dass sich die Größe der apikalen Meristeme nach fünf Wochen Vernalisation veränderte. Innerhalb von acht Wochen hatte sich das Meristem zu einem Infloreszenzmeristem umgewandelt, das an seinen Flanken Blühmeristeme abgliederte. Für die Untersuchung der Blühinduktion auf molekularer Ebene habe ich während der Vernalisation eine Transkriptomanalyse der apikalen Sprossmeristeme durchgeführt. Es wurde drei Expressionsprofile analysiert, um Gene zu identifizieren, die mit verschiedenen Stadien der Blühinduktion am apikalen Sprossmeristem assoziiert sind. Mit den histologischen Untersuchungen und den Transkriptomanalysen konnte ich Expression von bestimmten Genen mit verschiedenen Stadien der Meristementwicklung korrelieren. Dabei wurden je zwei paraloge Gene von *Bna.SOC1* und *Bna.SPL5* identifiziert, die bei der Induktion und der Aufrechterhaltung der Blütenbildung beim Winterraps eine wesentliche Rolle spielen könnten.

Zusätzlich untersuchte ich den Einfluss des Pflanzenalters auf die vernalisationsabhängige Blühinduktion. Dazu analysierte ich die Genexpression in apikalen Sprossmeristemen vor, während und nach der Vernalisation. Die Expressions- und histologischen Untersuchungen zeigten, dass der Blütenübergang verzögert war, wenn die Pflanzen bereits 7 Tage nach der Aussaat vernalisiert wurden. Dabei war die Blühverzögerung unabhängig von der *Bna.FLC*-Expression, korrelierte aber mit der Expression der *Bna.SOC1* und *Bna.SPL5* Genen. Dies deutet darauf hin, dass diese Gene die altersabhängige kälteinduzierte Blühinduktion regulieren.

Im zweiten Teil der Arbeit analysierte ich genomische Sequenzen von *Bna.FLC* Targetgenen in 80 Rapsvarietäten zusammen mit PCR Analysen des Raps-ASSYST-Panels. Dabei fand ich eine Insertion von 598 Bp innerhalb der Promotorregion von *Bna.SOC1.A05*. Nachfolgende Analysen zeigten, dass die Insertion mit den Winterrapsvarietäten assoziiert war. Die Insertion lag 1,8 Kb oberhalb vom Transkriptionsstart und stammt sehr wahrscheinlich von *Brassica rapa*. Die Insertion erfolgte jedoch wahrscheinlich erst nach der Hybridisierung der beiden Rapsvorfahren. Die Analyse von SNP-Daten zeigte, dass eine 40 Kb Genomregion um *Bna.SOC1.A05* im Vergleich zu einer größeren Region eine sehr geringe Nukleotid-Diversität aufwies und somit darauf hindeutet, dass diese Region unter Selektionsdruck stand. Schließlich zeigte die Expressionsanalyse, dass die mRNA-Level von *Bna.SOC1.A05* bei Akzessionen mit der Insertion niedriger waren als bei solchen, die keine Insertion hatten. Das könnte darauf hinweisen, dass *Bna.SOC1.A05* eine wichtige Rolle bei der vernalisationsabhängigen Blütenbildung von Winterrapspflanzen spielen könnte.