

## Zusammenfassung

Beim Ölrap (*Brassica napus*) spielt der Blühzeitpunkt eine große Rolle bei der Anpassung an verschiedene Umweltbedingungen sowie bei der Ertragsbildung. In den nördlichen Hemisphären kann ein verzögerter Blühzeitpunkt den Samenertrag einschränken. Daher versuchen Züchter, Rapsorten mit optimalem Blühzeitpunkt für jedes Anbaugebiet zu entwickeln. Der Übergang vom vegetativen zum reproduktiven Stadium ist ein komplexer biologischer Prozess und wird von mehreren Blühgenen reguliert, die auf Umwelt- sowie endogene Signale reagieren. Das Genregulationsnetzwerk des Blühzeitpunkts wurde in der verwandten Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* detailliert untersucht. Die Polyploidie des Raps-Genoms macht es jedoch schwierig, das Wissen von *Arabidopsis* auf Raps zu übertragen. Das Ziel dieser Arbeit war es, das Regulationsnetzwerk für den Blühzeitpunkt von Raps durch eine Transkriptomanalyse sowie die phänotypische Charakterisierung von Ethyl-Methyl-Sulfonat (EMS)-induzierten Mutanten zu untersuchen. Dafür wurde die chinesische Semi-Winterraps-Sorte Ningyou7 verwendet.

Für die Analyse des Transkriptoms wurde Blattmaterial von vernalisierten und nicht vernalisierten Pflanzen in verschiedenen Entwicklungsstadien verwendet. Ich untersuchte die Expressionsprofile von mehr als 54.000 Genmodellen und wählte zwischen verschiedenen Behandlungen und Entwicklungsstadien differentiell exprimierte Gene für die weiteren Arbeiten aus, die über hohe Sequenzhomologie zu *Arabidopsis*-Genen verfügen und vermutlich funktionell orthologen Blühzeit-Regulatoren darstellten. Um die Funktionen dieser DEGs weiter zu verifizieren, habe ich Daten aus einer genomweiten Assoziations- (GWAS)- und einer QTL (quantitative trait locus)-Studie verwendet, die von den Projektpartnern mit dem *Brassica* Infinium 60K SNP-Chip generiert wurden. Die Untersuchung ergab, dass 36 differentiell exprimierte Gene in Genomregionen liegen, in denen QTL für Blühzeitpunkt, Samenertrag oder beide gleichzeitig lokalisiert worden waren. Unter den 36 Genen zeigte *Bna.VIN3.A02* einen DNA-Polymorphismus zwischen Winter- und Sommerraps sowie Winter- und Semi-Winterraps in einem Bereich, die für eine funktionelle Proteindomäne kodiert. Die Transkriptomanalyse vertieft das Verständnis über das Zusammenwirken der paralogen Gene in Raps und deutet auf deren pleiotrope Wirkungen auf den Samenertrag hin. Darüber hinaus können die in der aktuellen Transkriptomanalyse identifizierten Kandidatgene eine nützliche Ressource für die Züchtung besser angepasster Rapsorten mit höherem Ertrag darstellen. In einem weiteren Experiment habe ich die Wirkung von Mutationen in einem Gen (*Bna.API*) untersucht, das hohe Sequenzhomologie zu dem *API* Gen von *Arabidopsis* besitzt. Dazu analysierte ich drei Stop-Codon-Mutanten von *Bna.API.A02* im Gewächshaus. Eine Die Mutante *apl\_1* zeigte deutliche Veränderungen bei Pflanzenarchitektur und Blütenmorphologie sowie bei einigen Ertragsmerkmalen. Diese Daten weisen darauf hin, dass *Bna.API.A02* eine pleiotrope Wirkung auf den Samenertrag und die Pflanzenarchitektur beim Raps hat. Die pleiotrope Wirkung von *Bna.API.A02* auf den Samenertrag muss in Zukunft unter Feldversuchen bestätigt werden.

Ich stellte die Hypothese auf, dass heterozygote Sequenzvariationen in Orthologen des *Arabidopsis FT*-Gens die Heterosis in F<sub>1</sub>-Hybriden beeinflussen. Um die Wirkung von *Bna.FT*-Mutationen zu untersuchen, führte ich Feldversuche an zwei Standorten in Deutschland durch. Für vier F<sub>1</sub>-Hybride aus vier verschiedenen *Bna.FT*-Mutantenfamilien wurde der Samenertrag bestimmt. Basierend auf diesen vorläufigen Daten ließ sich schlussfolgern, dass *Bna.FT* missense- oder splice-site-Mutationen keinen Einfluss auf die Heterosis in Raps haben. Die Auswirkung von Hintergrundmutationen auf den Phänotyp von F<sub>1</sub>-Hybriden war jedoch deutlich. Um die Wirkung von Hintergrundmutationen in EMS-induzierten mutierten Pflanzen zu überprüfen, verglich ich Phänotypen von Mutanten in der

M<sub>4</sub> Generation mit Mutanten , die zweimal mit dem Ausgangsgenotyp Express617 zurückgekreuzt worden waren. Ich beobachtete, dass Hintergrundmutationen einen signifikanten Einfluss auf quantitative Merkmale wie Blühzeitpunkt und Samenertrag haben. Daher lässt sich schlussfolgern, dass die Reduktion von Hintergrundmutationen vor der phänotypischen Charakterisierung von EMS-Mutanten notwendig ist.