

Untersuchungen zur Struktur des Spargel-Chromosoms L5 mit dem geschlechtsdeterminierenden Locus *M*

Dipl.-Ing. agr. Alexa Telgmann-Rauber
Dr.-Vater: Prof. Dr. C. Jung

Spargel (*Asparagus officinalis*) ist eine diözische Pflanze. Der sexuelle Dimorphismus wird von dem *M*-Locus kontrolliert, der auf dem Chromosom L5 lokalisiert wurde. Homozygot dominante (*MM*) und heterozygote Pflanzen zeigen rein männliche Blütenbildung, während rezessiv homozygote nur über weibliche Blütenorgane verfügen. Daneben treten in seltenen Fällen heterozygote Pflanzen mit zwittrigen Blüten auf. Männliche Spargelpflanzen sind aufgrund ihrer Ertragsüberlegenheit in der Züchtung von besonderer Bedeutung. Daher werden für den Spargelanbau rein männliche Populationen durch die Kreuzung von homozygoten männlichen mit weiblichen Pflanzen erzeugt.

Das Ziel der Arbeiten war die kartengestützte Klonierung des *M*-Locus. Dadurch sollte es möglich sein, dessen Funktion bei der Bildung der männlichen Blüte zu bestimmen. Die daraus erzielten Ergebnisse sollten modellhaft auf die Geschlechtsvererbung anderer diözischer Pflanzen übertragen werden. Darüber hinaus sollten Erkenntnisse über die Evolution von Geschlechtschromosomen gewonnen werden.

Mit Hilfe spaltender Populationen bestehend aus insgesamt 802 Pflanzen wurde eine zuvor erstellte genetische Karte in dem Bereich um den *M*-Locus mit 12 weiteren AFLP-Markern angereichert. Dazu wurde eine *bulked segregant* Analyse in einem definierten Genomabschnitt durchgeführt. Die erweiterte Karte umfasst einen Bereich von 8,01 cM um den *M*-Locus und enthält 26 Marker. Eine BAC-Bank wurde mit 7 AFLP- und STS-Markern gesichtet. Mit BAC-Enden wurde die Bank danach erneut gesichtet (*chromosome walking*).

Insgesamt 37 BACs bilden eine physische Karte bestehend aus 8 *contigs* aus überlappenden Klonen. Die *contigs* umfassen insgesamt 1.701 kbp. Die Lücken zwischen den *contigs* konnten nicht geschlossen werden, da das *chromosome walking* durch zahlreiche repetitive Sequenzen erschwert wurde und sich die BAC-Bank als nicht repräsentativ für die untersuchte Region erwies.

Vier BACs wurden partiell sequenziert und die Sequenzen analysiert. Insgesamt 25% der gefundenen offenen Leserahmen (ORFs) haben Homologien zu bekannten Gensequenzen, 53% der ORFs zeigen Ähnlichkeit zu Retrotransposons, darunter zu den zentromernahen *beetle1* und *Athila*-Retrotransposons aus Zuckerrübe bzw. *Arabidopsis thaliana*. Unter den analysierten ORFs konnte jedoch keine Kandidatensequenz für den *M*-Locus ermittelt werden.

In dieser Studie konnte gezeigt werden, dass sich die Region um den *M*-Locus durch eine reduzierte Rekombinationshäufigkeit, eine Akkumulation repetitiver Sequenzen sowie eine geringe Gendichte auszeichnet. Von einem Kooperationspartner durchgeführte Fluoreszenz in situ Hybridisierungen geben Hinweise auf eine zentromernahe Lokalisation des *M*-Locus. Vergleiche mit Geschlechtschromosomen anderer diözischer Arten zeigen deutliche Parallelen, insbesondere mit der Art *Carica papaya*. Die Ähnlichkeiten geben Anlass zu der Annahme, dass die diözischen Arten *Silene latifolia*, *C. papaya* und *A. officinalis* drei Stadien der Evolution von Geschlechtschromosomen darstellen, wobei *S. latifolia* das älteste und Spargel das jüngste Stadium repräsentiert. Spargel kann somit in zukünftigen Analysen als Modell für die Erforschung der Evolution von Geschlechtschromosomen genutzt werden.

