

1 Zusammenfassung

Quinoa ist eine alte Kulturart mit hoher Anpassungsfähigkeit und einem hohen Ernährungswert. Für die Züchtung neuer Sorten, die an einen Anbau im nördlichen Europa angepasst sind, ist ein Verständnis der Blühgenetik und anderer agronomischer Eigenschaften unerlässlich.

In dieser Studie wurde die genotypische und phänotypische Variation innerhalb der Art *Chenopodium quinoa* untersucht. Ich führte zunächst ein Klimakammerexperiment mit 276 Quinoa-Herkünften durch, um das Blühverhalten unter Kurz- und Langtagbedingungen zu untersuchen. Dabei beobachtete ich eine höhere Variation unter Langtagbedingungen. Die Mehrzahl der Akzessionen zeigte eine „Kurztagantwort“ (67,4%), d.h., die Pflanzen blühten signifikant früher unter Kurztagsbedingungen. Dagegen blühten nur 7,6% der Herkünfte signifikant früher unter Langtagbedingungen.

Dann studierte ich die homologen Gene der wichtigsten Blühzeitpunktregulatoren, der Arabidopsisgene *FLOWERING LOCUS T (FT)* und *CONSTANS (CO)*, in Quinoa. Ich identifizierte 24 *FT* und sechs *CO* Homologe. Auf der Grundlage der größten Homologie zu den Zuckerrüben Genen *BvFT1* (Blührepressor) und *BvFT2* (Blühaktivator) selektierte ich sechs *CqFT* und sechs *CqCOL* Gene für eine Expressionsanalyse. Die circadiane Expressionsanalyse zeigte unter Langtagbedingungen eine Herunterregulation der *CqFT* Gene mit Ausnahme von *CqFT1B-2*. Ich analysierte die Haplotypen von sechs *CqFT* und sechs *CqCOL* Genen auf der Grundlage von SNPs mit hoher Konfidenz, die im Quinoa-Diversitätspanel bestehend aus 310 Herkünften identifiziert wurden. Dabei fand ich zwischen 2 und 6 Haplotypen in allen untersuchten Genen. Die höchste Sequenzvariation zeigten die *CqCOL2A* Gene mit 6 Haplotypen, während sieben Genen nicht zu Aminosäuresubstitution führten. Haplotypen aus sechs Genen zeigten eine starke Assoziation mit der Geographie.

Um das Diversitätspanel weiter zu charakterisieren, führte ich Feldversuche über 2 Jahre durch und analysierte 17 agronomische Merkmale. Eine Hauptkomponentenanalyse ergab zwei Cluster. In Zusammenarbeit mit der King Abdullah University of Science and Technology in Saudi-Arabien wurde eine vollständige Genomsequenzierung des Panels durchgeführt und 2,9 Millionen Hoch-Konfidenz-SNP identifiziert. In Übereinstimmung mit den Phänotypdaten zeigte die SNP basierte Hauptkomponentenanalyse ebenfalls hochdivergente Populationen, die Hochland- und Tieflandquinoa entsprachen. Die Hochlandpopulation war noch in 5 Subpopulationen, die Tieflandpopulation in zwei unterteilt. Hochland- und Tieflandpopulationen zeigten eine hohe F_{ST} Divergenz von 0,36. Aufgrund dieser Daten schlage ich drei mögliche Szenarien der Quinoa-Domestikation und – Verbreitung in Südamerika vor, zwei unabhängige Domestikationsereignisse nur ein Domestikationsereignis, aber mit starkem Populationswachstum oder eine starke adaptive Selektion nach der Domestikation.

Eine genomweite Assoziationskartierung für 17 agronomische Merkmale identifizierte 600 merkmalsassoziierte SNPs. Ich konnte Kandidatengene u.a. für Saponin-Synthese und Blütenfarbe, Wuchshöhe und TKG genau lokalisieren. Auf der Grundlage exakt kartierter Genomregionen schlage ich eine Haplotyp-basierte Züchtungsstrategie vor durch Pyramidisierung von besonders vorteilhaften Allelen zur Züchtung von Quinoa, die an nördliche Breiten angepasst ist.