

Quantitative Trait Loci (QTL) Kartierung und genomweite Transkriptomanalyse zur Identifizierung von agronomisch wichtigen Genen bei Quinoa (*Chenopodium quinoa*)

vorgelegt von: Nathaly Fernanda Maldonado Taipe

Quinoa ist eine in Südamerika beheimatete Art, die über einzigartige Ernährungseigenschaften verfügt und gut an abiotische und biotische Stressfaktoren angepasst ist. Aufgrund dieser Eigenschaften hat das Interesse an dieser Kulturpflanze in den letzten Jahren zugenommen. Die Quinoa-Züchtung steckt jedoch noch in den Anfängen. Eines der Haupthindernisse für die Ausdehnung des Quinoa-Anbaus auf gemäßigte Klimazonen und hohe Breitengrade ist das Kurztagverhalten der Pflanze. Eine bessere Kenntnis der Photoperiodenreaktion und der Blütezeit kann die Anpassung von Quinoa an diese neuen Umgebungen erleichtern. In meiner Studie habe ich mit drei Ansätzen zur Lösung dieses Problems beigetragen: QTL-Kartierung agronomisch wichtiger Merkmale; Transkriptomanalyse zur Identifizierung von Genen, die unterschiedlich auf Photoperioden reagieren und an der Blütezeit beteiligt sind; und durch einen Beitrag zur Entwicklung eines *Agrobacterium*-vermittelten Transformationsprotokolls für Quinoa.

Im ersten Ansatz ging es darum, QTL zu lokalisieren, die zur phänotypischen Variation agronomisch wichtiger Merkmale beitragen. Dazu verwendete ich F₂-Pflanzen und F₃-Familien, die im Gewächshaus bzw. auf dem Feld gezogen wurden. Diese Populationen, die von den Elternlinien PI-614889 und CHEN-109 abstammten, wiesen eine große phänotypische Variation bei den Tagen bis zur Blüte und bis zur Reife, der Pflanzenhöhe, der Rispenlänge, dem Tausendkorngewicht (TKG), dem Saponingehalt und der Mehltauanfälligkeit auf. Später verwendete ich die Skim-Sequenzierung zur Genotypisierung der F₂-Population und erstellte eine hochdichte genetische Karte mit 133,923 SNPs. Als Ergebnis konnte ich 15 QTL für zehn Merkmale nachweisen. Von diesen wiesen zwei QTL, die in den F₂- und F₃-Generationen vorkommen, eine Pleiotropie für die Tage bis zur Blüte, die Pflanzenhöhe und das TKG auf. Die pleiotropen QTL beherbergten mehrere mutmaßliche Kandidatengene, die an der Photoperiodenreaktion und der Regulierung der Blütezeit beteiligt sind.

Im zweiten Ansatz wollte ich durch Transkriptomanalyse Kandidatengene für die Regulierung der Blütezeit und die Photoperiodenreaktion identifizieren. Für diesen Versuch verwendete ich den Kurztag-Genotyp D-12082 und den tagneutralen Genotyp PI-614886. Zunächst untersuchte ich die Entwicklung der Quinoa-Blüte auf histologischer Ebene. Dann erstellte ich die Transkriptome der untersuchten Akzessionen unter zwei Photoperiodenregimen und aus zwei Geweben (Blatt und Sprossapikalmeristem) in verschiedenen Entwicklungsstadien. Als Ergebnis fand ich differentiell exprimierte Gene (DEGs), die unterschiedlich auf die Photoperiode reagieren, um den Blühzeitpunkt zu steuern; DEGs, die den Blühzeitpunkt unter Kurz- und Langtagbedingungen regulieren; und DEGs, die den Blühzeitpunkt am sprossapikalen Meristem steuern. Die Ergebnisse zeigen, dass die Blütezeit unter Kurz- und Langtagbedingungen wahrscheinlich durch zwei verschiedene Wege reguliert wird und dass zwei *FT*-Orthologe in Quinoa wahrscheinlich für die Regulierung dieser Wege wichtig sind.

Eine funktionelle Charakterisierung der aus meinen ersten beiden Ansätzen resultierenden Kandidatengene ist jedoch unerlässlich. Im dritten Ansatz wollte ich daher die Machbarkeit der *Agrobacterium*-vermittelten Quinoa-Transformation untersuchen. In diesem Experiment konnte ich nachweisen, dass *C. quinoa in vitro* regeneriert werden kann. Dafür habe ich ein reproduzierbares Protokoll erstellt. Später erstellte ich ein Protokoll für die *Agrobacterium*-vermittelte Quinoa-Transformation, das noch weiter optimiert werden muss.

Meine Studie bietet Perspektiven für die zukünftige Züchtung. Erstens können die Ergebnisse der QTL-Kartierung die markerunterstützte Selektion in Zuchtprogrammen erleichtern. Darüber hinaus könnten die Informationen über QTL-Effekte die Züchter bei der Selektion von frühen, kurzen und ertragreichen Quinoa-Genotypen unterstützen. Angesichts der vermuteten Funktion von *CqFT1A* als Blütenrepressor, der nur unter Langtagbedingungen und in frühen Entwicklungsstadien von Quinoa wirkt, könnten Sequenzvarianten mit veränderter Genaktivität für den Anbau in nördlichen Breitengraden nützlich sein.