

Novel Genetic Factors Affecting Bolting and Floral Transition Control in *Beta vulgaris*

Der Übergang zum Blühen ist kritisch in der Entwicklung der Pflanze und benötigt eine integrierte Antwort auf verschiedene ökologische und endogene Signale. In *A. thaliana* wurden einige der wichtigen regulatorischen Wege beschrieben, inklusive des Vernalisations-, des Photoperioden- und des autonomen Regulationswegs, die Blühen gemeinsam durch eine Gruppe von Blühintegrationsgenen regulieren. In *Beta vulgaris* beeinflusst der Zeitpunkt des Schossens und Blühens den Ertrag und die Saatgutproduktion. *B. vulgaris*-Homologe des zentralen Blührepressors in *A. thaliana* *FLOWERING LOCUS C (FLC)*, der oberhalb des Vernalisationswegs arbeitet, und das Photoperioden-Gen *CONSTANS (CO)* wurden kloniert, und es konnte gezeigt werden, dass sie funktionell mit den entsprechenden Genen aus Arabidopsis verwandt sind. Dies sind erste Hinweise für die Konservierung der genetischen Grundlage der Blühregulation in Antwort auf Umweltsignale. Jedoch wurde die Anwesenheit eines autonomen Wegs, der parallel zu dem Vernalisations- und dem Photoperiodenweg wirkt und Blühen durch die Repression von *FLC* fördert, bisher nicht in *B. vulgaris* beschrieben. Es wurde gezeigt, dass Einjährigkeit in *B. vulgaris* unter der Kontrolle eines einzelnen Mendelschen Faktors steht, des Schossgens *B*. Das Schossgen wurde mittels RFLP- und hochauflösender AFLP-Kartierung auf Chromosom II kartiert.

In der vorliegenden Studie wurden „forward“ und „reverse“ genetische Ansätze verwendet, um die genetische Grundlage der Schoss- und Blühkontrolle in Zuckerrübe weiter zu untersuchen. Im ersten Ansatz wurden vier F₂-Populationen, die für Schossverhalten spalten und aus Kreuzungen zwischen EMS-mutagenisierten und einjährigen Eltern stammen, auf Schossverhalten untersucht. Die Kosegregationsanalyse des Schossphänotypes mit genetischen Markern am *B*-Locus in allen vier F₂-Populationen identifizierte zumindest zwei vorher unbekannte Loci, *B3* und *B4*. Die Daten deuten an, dass der *B3*-Locus Schossen unabhängig von *B* kontrolliert. Für den *B4*-Locus wurde gefunden, dass er mit dem *B*-Locus auf Chromosom II gekoppelt ist (in einem genetischen Abstand von ~9 cM), und Schossen epistatisch oder unabhängig von *B* regulieren könnte.

Im zweiten Ansatz wurde *BvFLK*, ein putatives Ortholog des RNA-regulierenden Gens *FLOWERING LOCUS KH DOMAIN (FLK)*, ein Gen des autonomen Wegs, identifiziert, genetisch kartiert und im Detail analysiert. Es wurde gezeigt, dass die Exon-Intron-Struktur und Domänenorganisation zwischen *BvFLK* und *FLK* konserviert ist. Ähnlich der *FLK* Expression in Arabidopsis wurde eine Anhäufung der *BvFLK* Transkripte in allen untersuchten Geweben nachgewiesen, wobei die höchste Expression in Blüten und Wurzeln auftrat. *BvFLK* beschleunigt Schossen in transgenen *A. thaliana*-Pflanzen und komplementiert den spät-schossenden Phänotyp einer Arabidopsis *flk*-Mutante vollständig, wenn es entweder unter der Kontrolle des CaMV 35S-Promoters oder des eigenen Promoters exprimiert wird. Es wurde gezeigt, dass die Beschleunigung des Schossens durch die Repression der *FLC*-Expression vermittelt wird. Zusammengefasst weisen unsere Daten auf die evolutionäre Konservierung von *FLK* zwischen *A. thaliana* und *B. vulgaris* hin. Das Ergebnis ist vermutlich von weiterer Bedeutung, da *B. vulgaris* nur sehr entfernt mit Modellpflanzen verwandt ist und das Spektrum der evolutionär verschiedenen Arten erweitert, für die genetische Information über Blühzeitkontrolle vorhanden ist.