

Das Schaltsystem Blüte bei Hortensie

Ein Forschungsthema an der Forschungsstelle für gartenbauliche Kulturpflanzen

Dr. Conny Tränkner

Forschungsstelle für gartenbauliche Kulturpflanzen (FGK), Fachhochschule Erfurt, Kühnhäuser Straße 101, 99090 Erfurt, E-Mail: conny.traenkner@fh-erfurt.de; Tel. 0361 6700 3447

Seit 01.01.2019 existiert die Forschungsstelle für gartenbauliche Kulturpflanzen (FGK). Diese wurde an der Fachhochschule Erfurt in enger Zusammenarbeit mit der Friedrich-Schiller-Universität Jena etabliert und steht unter der Leitung von Prof. Dr. Philipp Franken. Die FGK besteht aus vier Forschungsprojekte mit einer eigenen Verwaltungseinheit, wobei die Finanzierung über eine Projektförderung durch das Thüringer Ministerium für Wirtschaft, Wissenschaft und Digitale Gesellschaft (TMWWDG) und dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) erfolgt. Die vier Forschungsprojekte

- „Molekulargenetische Grundlagen der Pflanzenzüchtung von gartenbaulichen Kulturen“ (Dr. Conny Tränkner)
- „Steuerung von Entwicklung und Wachstum in gartenbaulichen Kulturen“ (PD Dr. Uwe Drüge)
- „Pflanzen-Mikroorganismen-Wechselwirkungen im nachhaltigen Anbau“ (Prof. Dr. Philipp Franken)
- „Epigenetische Prozesse in der Pflanzenvermehrung“ (NN)

beschäftigen sich mit wissenschaftlichen Fragen, die sich aus aktuellen Herausforderungen der gartenbaulichen Pflanzenproduktion ergeben.

Im Projekt „Molekulargenetische Grundlagen der Pflanzenzüchtung von gartenbaulichen Kulturen“ wird vorrangig an Hortensie (*Hydrangea macrophylla*) gearbeitet. Dabei werden Untersuchungen zur Bestimmung der genetisch-physiologischen Zusammenhänge der Merkmale

- Bildung unreduzierter Gameten zur gezielten Züchtung auf Polyploidie
- Toleranz und Resistenz gegenüber dem Grauschimmelerreger *Botrytis cinerea*
- Blüteninduktion und Remontanz

durchgeführt. Ziel dieser Untersuchungen ist es, „Werkzeuge“ zu generieren, die eine genetische Kontrolle dieser züchtungsrelevanten Merkmale erlauben. Mittels „forward“ und „reverse“ genetischen Ansätzen (QTL-Analyse, Genom- und Transkriptionsanalysen, Gene Editing etc.) sollen

- genetische Faktoren, die diese Merkmale steuern, identifiziert werden
- molekulare Marker für die markergestützte Selektion abgeleitet werden
- die genetische Vielfalt im Sorten- und Wildgenpool bestimmt werden.

Ein Hauptaugenmerk liegt dabei auf dem wichtigen Merkmal der Blüteninduktion, insbesondere der Remontanz (= zweiter Blütenflor im selben Jahr). Bei Hortensien erfolgt die Blüteninduktion im Herbst ausgelöst durch kühle Temperaturen und Kurztagsbedingungen. Dabei erfolgt die Infloreszenz- und Blütenentwicklung in 100% der Endknospen, aber von Sorte zu Sorte variierend in 0 bis 100% der Achselknospen (Orozco-Obando et al., 2005). Nach der Überwinterung der Knospen entwickeln sich die Infloreszenzen (Blütenstände) und Blüten weiter bis zur Blüte im Sommer. Auf Grund dieses Entwicklungsprozesses befinden sich die Infloreszenzen am zweijährigen Holz. Im Gegensatz dazu bilden remontierende Hortensien Infloreszenzen auch am einjährigen Holz. Dies lässt einen abgewandelten Mechanismus der normalen Blüteninduktion vermuten. Mittlerweile sind über 25 Sorten als potentiell remontierend beschrieben, wobei die Fähigkeit zur Remontanz und deren Stärke zwischen den Sorten schwanken.

Wie von der krautigen Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* bekannt, sind an der Blütenbildung weit mehr als 100 genetische Elemente (Blühgene, RNA-Elemente) beteiligt. Welche genetischen Elemente an der Blüteninduktion bei Hortensie und der Remontanz verantwortlich sind, ist unbekannt. Mittlerweile wurden für Hortensie *FT*-, *TFL1*-, *FUL*-, *AP3*-, *TM6*-, *PI*- und *AG*-homologe Gene identifiziert (Hempel, 2018; Kitamura et al., 2009). Eine genaue Charakterisierung dieser Hortensien Gene bezüglich der Blüteninduktion fehlt jedoch.

Wir vermuten, dass die Remontanz bei Hortensien

1. eine Art „biologischer Fehler“ ist, wobei die Fähigkeit zur Remontanz durch wenige Gene kontrolliert wird, die Stärke der Remontanz aber durch mehrere Gene;
2. entweder auf dem fehlenden Abschalten von Blühgenen beruht, während bei remontierenden Hortensien die Blühgene saisonal kontrolliert an- und abgeschaltet werden (Variante 1);
oder auf der Komplettinduktion bei regulärer Induktion beruht, d.h. die Blüteninduktion erfolgt bei remontierenden Hortensien in End- und Achselknospen, bei nichtremontierenden Hortensien nur in den Endknospen (Variante 2).

Mittels genomweiter Transkriptionsanalysen (RNAseq) und genetischer Kartierungsanalysen (QTL-Analyse) sollen jetzt an der FGK diese Arbeitshypothesen geprüft werden, Blühgene identifiziert werden und deren Zusammenspiel bei der Blütenbildung und Remontanz untersucht werden.

Literatur:

Hempel, P. (2018) Identifizierung von *FT*- und *TFL1*-homologen Gene in remontierenden und nicht remontierenden *Hydrangea macrophylla* Sorten. Masterarbeit, Fachhochschule Erfurt, Studiengang Gartenbau.

Kitamura, Y., Hosokawa, M., Uemachi, T., Yazawa, S. (2009) Selection of ABC genes for candidate genes of morphological changes in hydrangea floral organs induced by phytoplasma infection. *Scientia Horticulturae* 122: 603-609. doi: 10.1016/j.scienta.2009.06.028

Orozco-Obando, W., Hirsch, G.N., Wetzstein, H.Y. (2005) Genotypic Variation in Flower Induction and Development in *Hydrangea macrophylla*. *HortScience* 40 (6):1695-1698. doi.org/10.21273/HORTSCI.40.6.1695