

Metabolismus und Transkriptom von zwei Petuniensorten mit kontrastierender Kühletoleranz deuten auf wichtige Funktionen der Source-Sink Beziehung und der Abscisinsäure

Metabolism and transcriptome of two petunia cultivars with contrasting chilling tolerance indicate important functions of source-sink relationships and abscisic acid

Uwe Drüge, Martin Andreas Bauerfeind, Philipp Franken

Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau (IGZ), Institutsteil Erfurt,
Kühnhäuser Str. 101, 99090 Erfurt

E-Mail: druege@erfurt.igzev.de

DOI 10.5073/jka.2017.457.012



Zusammenfassung

Der Einsatz von kühletoleranten Sorten von *Petunia hybrida* würde die Reduktion der Heiztemperaturen im Gewächshaus ermöglichen und somit zur Energieeinsparung beitragen. Im Gegensatz zur pflanzlichen Reaktion auf sehr niedrige Temperaturen nahe des Gefrierpunktes sind die genetische Kontrolle der Toleranz gegenüber einer milden Temperaturabsenkung und der damit assoziierten physiologischen Prozesse wenig erforscht. Im Rahmen eines Verbundprojektes des AgroClusters WEGA wurde die Sorte 'Ultra Blue' als kühletolerant identifiziert, die bei einer Kultivierungstemperatur von 12 °C gegenüber 16 °C eine signifikant geringere Wachstumsdepression aufweist als die sensitive Sorte 'Sweet Sunshine Williams'. Durch Analyse von Phytohormonkonzentrationen, des Kohlenhydratstoffwechsels und des Transkriptoms unter dem Einfluss der Temperatur wurde untersucht, ob sich die zwei Sorten durch spezifische metabolische und molekulare Muster auszeichnen.

Unterschiede in den Konzentrationen verschiedener Zucker und Phytohormone und den Aktivitäten Saccharose-spaltender Enzyme in den Source-Blättern und dem Sprossapex zwischen beiden Sorten sowie die Reaktion der Kühle-bedingten Wachstumsdepression auf eine chemische Manipulation des Abscisinsäure (ABA)-Gehaltes deuten darauf hin, dass ein höherer Transport und eine höhere Verwertung von Kohlenhydraten sowie höhere ABA-Gehalte in den Wachstumszentren der toleranten Sorte protektive Funktionen gegen Kühlstress haben. Die metabolischen Daten korrespondierten mit den Ergebnissen eines *Petunia*-Microarrays. Dieser zeigte eine sortenspezifische Hybridisierung von Sequenzen bestimmter Gene mit putativ steuernder Funktion für Schlüsselenzyme der Saccharosespaltung, der Glycolyse, des Citratzyclus und des der ABA-Biosynthese vorgelagerten Carotinoidstoffwechsels. Unter Nutzung der kürzlich sequenzierten Genome von zwei Petunienursprungsarten und moderner molekulargenetischer Techniken können die Rolle von neuen Kandidatengenen für die Kühletoleranz in *Petunia hybrida* aufgeklärt und die identifizierten Kontrollgene der Züchtung zugeführt werden.

Stichwörter: Enzym, Kandidatengen, Kohlenhydratstoffwechsel, Sequenzierung

Abstract

The use of chilling-tolerant cultivars of *Petunia hybrida* would allow reduction of heating temperatures in greenhouses and thereby contribute to save energy. In contrast to the plant reaction to severe cold close to freezing temperatures, the genetic control of tolerance to mild temperature reduction and of associated physiological processes are hardly known. Within the frame of the AgroCluster WEGA, the cultivar 'Ultra Blue' was identified as chilling-tolerant, showing a significantly lower growth depression by cultivation at 12 °C versus 16 °C when compared with the sensitive cultivar 'Sweet Sunshine Williams'. By analysis of plant hormone levels, carbohydrate metabolism and plant transcriptome at the two temperatures we investigated, whether the two cultivars reveal specific metabolic and molecular patterns.

Differences in sugar and plant hormone concentrations and in activities of sucrolytic enzymes in source-leaves and the shoot apex between both cultivars, together with the response of chilling-induced growth depression to chemical manipulations of abscisic acid (ABA) level, suggest that a higher transport and utilisation of carbohydrates and higher ABA levels in the growth sinks of the tolerant cultivar have protective functions against chilling. The metabolic data corresponded to the results of a *Petunia*-microarray. This showed cultivar-specific hybridisation of sequences belonging to genes putatively controlling key enzymes of sucrolysis, glycolysis, citrate cycle and the carotenoid pathway upstream of ABA biosynthesis. Further using the recently sequenced parental genomes of *Petunia hybrida* and modern tools of molecular genetic, the role of newly identified candidate genes putatively controlling chilling tolerance in petunia can be tested and identified control genes can be implemented into respective breeding programs.

Keywords: candidate gene, carbohydrate metabolism, enzyme, sequencing