

Genetische Kartierung des Infloreszenztyps mittels Genotyping-by-Sequencing bei Hortensie (*Hydrangea macrophylla*)

Genotyping-by-Sequencing Facilitates Genetic Mapping of the Inflorescence Type in Hydrangea

Conny Tränkner¹, Frauke Engel²

¹Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau (IGZ), Institutsteil Erfurt, Kühnhäuser Straße 101, 99090 Erfurt

²Gartenbau Kötterheinrich Hortensienkulturen, Hohner Mark 20, 49525 Lengerich
E-Mail: traenkner@erfurt.igzev.de

Hortensien (*Hydrangea macrophylla*) lassen sich durch die Anordnung und Anzahl ihrer Schaublüten in sogenannte Teller- und Ballhortensien unterscheiden. Bei Tellerhortensien besteht der Blütenstand vorwiegend aus vielen kleinen, fertilen Blüten. Diese sind von wenigen großen, sterilen Schaublüten umrandet. Dagegen weist der Blütenstand von Ballhortensien deutlich mehr Schaublüten auf. Diese sind über den gesamten Blütenstand verteilt, wodurch der ballförmige Infloreszenztyp entsteht. Die Ballform ist wegen ihres größeren Verkaufswertes züchterisch bevorzugt. Die Ballform wird monogen, rezessiv vererbt, die Tellerform dominant. Kreuzt man eine Ball- mit einer Tellerhortensie, dann prägen alle Nachkommen die Tellerform aus. Erst durch Rückkreuzung mit einer weiteren Ballhortensie spaltet die nachfolgende Generation in Ball- und Tellerform auf, so dass Ballhortensien selektiert werden können. Hortensien blühen frühestens 13 Monaten nach der Aussaat. Erst dann ist eine Bestimmung des Infloreszenztyps möglich. Mittels markergestützter Selektion können Alle-

le, die die Ballform kodieren, leichter in komplexen Erbgängen nachverfolgt und Sämlinge bereits im Keimlingsstadium als Ballhortensien identifiziert werden. Um Gene zu identifizieren, die die Ausprägung des Infloreszenztyps kontrollieren, wurde eine Ball- mit einer F₁-Tellerhortensie gekreuzt, um eine Pseudo-Rückkreuzungspopulation (pBC₁) zu erzeugen. Diese Population umfasst 424 Individuen und spaltet für Teller- und Ballform im Verhältnis 3:1 ($X^2 = 0,034$, nicht-signifikant bei $\alpha = 0,05$) auf. Bei monogener Vererbung wäre jedoch ein Spaltungsverhältnis von 1:1 zu erwarten. Eine 3:1-Spaltung tritt dagegen bei einer digenen, dominant-rezessiven Vererbung auf. Deshalb nehmen wir an, dass die Ausprägung des Infloreszenztyps in unserer Population durch zwei Gene erfolgt. Für die Kartierung dieser Gene wird eine QTL-Analyse durchgeführt. Zur Erstellung der genetischen Karte wurde an 381 ausgewählten pBC₁-Pflanzen eine genomweite Markeranalyse mittels Genotyping-by-Sequencing durchgeführt. Erste Sequenzier- und Kartierungsergebnisse werden präsentiert.

Inflorescences of *Hydrangea macrophylla* are classified as lacecap or mophead, according to the position and number of decorative flowers in the inflorescence. Lacecap inflorescences consist of many small, fertile flowers, which are surrounded by big and sterile, decorative flowers. In contrast, mophead inflorescences contain more decorative flowers that are distributed across the whole inflorescence, which give a ball-like shape. *Hydrangea* plants with mophead inflorescences are more attractive and thus preferred by consumers. The inflorescence type is inherited in a monogenic, dominant-recessive manner, in which the mophead type is recessive and the lacecap type dominant. If a mophead plant is crossed with a lacecap plant, then all progenies will develop the lacecap inflorescences. After backcross with another mophead plant, the offspring will segregate for lacecap and mophead inflorescences, which allows the selection of mophead plants. However, *Hydrangea* plants need about 13 month to develop inflorescences, which delays determination of the inflorescence type considerably.

Analysis of molecular markers, which are linked with the inflorescence type, will enable to follow mophead alleles in complex breeding programs. Furthermore, it will allow marker-assisted selection of mophead plants already in the seedling stage. To identify genes, which control the inflorescence type, we crossed a mophead plant with a F₁ lacecap plant and produced a pseudo-backcross population (pBC₁). This population contains 424 individuals and segregates for the lacecap and mophead inflorescence type in a ratio of 3:1 ($X^2 = 0.034$, non-significant at $\alpha = 0.05$). However, we expect a segregation ratio of 1:1 for monogenic, dominant-recessive inheritance. A 3:1 ratio suggests rather a digenic, dominant-recessive inheritance. Thus, we propose that two genes control the inflorescence type in our population. Currently, we perform a QTL analysis to map these genes. In order to produce a genetic map, we performed a genome-wide marker analysis through applying genotyping-by-sequencing for 381 pBC₁ plants. Preliminary sequencing data and mapping results will be presented.