

Zusammenfassung

Autorin: Marine Przybyl

Titel: Characterization of genes involved in pollen development and anther opening in barley

Prüfungsdaten:

Erster Referent und Prüfer: Prof. Dr. Klaus Theres

Zweite Referentin und Prüferin: Prof. Dr. Ute Höcker

Beisitzer/Schriftführer: Dr. Ivan F. Acosta

Vorsitzender der Prüfungskommission: Prof. Dr. Gunther Döhlemann

Abgabe der schriftlichen Doktorarbeit: November 2019

Tag der Disputation: 17.01.2020

Schlagwörter: Gerste, Anthere, Pollen, Tapetum, Dehiscenz

Die Ernährungssicherung der stetig wachsenden Weltbevölkerung ist aktuell und in Zukunft eine unserer größten Herausforderungen. Bedrohungen wie der Klimawandel machen es notwendig die landwirtschaftlichen Produktionssysteme für Lebensmittel anzupassen. Daher muss die Ertragsleistung wichtiger Kulturpflanzen, wie Weizen und Gerste dauerhaft gesteigert werden. Dies könnte durch Hybridlinien erreicht werden, die ihre Elterngeneration in Bezug auf Ertrag oder Stressresistenz übertreffen. Die Hybridsaatgutproduktion erfordert die Kreuzung zweier verschiedener Elternlinien miteinander und somit effiziente Methoden zur Emaskulation oder Induktion der männlichen Sterilität in selbstbestäubenden Kulturpflanzen wie Gerste. Allerdings finden heute nur eine Handvoll Methoden eine praktische Anwendung. Um neue Ansätze zur Kontrolle der männlichen Fertilität bei Gerste zu entwickeln, ist daher ein besseres Verständnis der männlichen Fortpflanzungsorgane (Antheren) notwendig. Diese Forschungslücke kann unter anderem durch die vorliegende Studie geschlossen werden, welche eine detaillierte Beschreibung der post-meiotischen Antheren-Entwicklung bei Gerste liefert, indem sie die Funktion von MSG32 und MSG36, zweier Gene, die für die männliche Fertilität der Gerste erforderlich sind, charakterisiert.

Histologische und ultrastrukturelle Analysen männlicher, steriler *msg32* Mutanten weisen eine post-meiotische Pollen-Degeneration mit Defekten in der Pollenwand-Entwicklung und Tapetumfunktion auf. Im Gegensatz dazu sind *msg36* Mutanten bei der Trennung von spezialisierten Septum- und Stomiumzellen beeinträchtigt, welches ein Öffnen der Anthere und somit die Pollenfreisetzung verhindert. Die mutierten Gene, die den männlichen sterilen Phänotypen von *msg32* und *msg36* zugrunde liegen, wurden durch genetische Kartierungen und RNA-Sequenzierungsdaten identifiziert und mit bereits vorhandenen oder durch Genom Editierung neu erzeugten, mutierten Allelen bestätigt. MSG32 und MSG36 kodieren für eine mitochondriale Aldehyd Dehydrogenase bzw. ein Pektin abbauendes Enzym.

Beide Gene zeigen eine erhöhte Expression in den Wachstumsstadien, in denen die zellulären Defekte bei den Mutanten auftreten. Darüber hinaus zeigen RNA *in situ* Hybridisierungen eine Expression innerhalb der sich entwickelnden Pollen- und Tapetumzellen für MSG32 und innerhalb der Septum- und Stomiumzellen für MSG36, die die beobachteten zellulären Defekte in den entsprechenden Mutanten erklären können.

In der vorliegenden Studie wird, basierend auf der Hypothese, dass diese Aldehyd Dehydrogenase unerlässlich ist, um die Zellhomöostase von Pollen- oder Tapetumzellen aufrechtzuerhalten, ein Modell zur potentiellen Funktion von MSG32 in der Antheren Entwicklung von Gerste vorgestellt. Im Gegensatz dazu deuten frühere Mutantenstudien an MSG32-Orthologen bei Arabidopsis und Mais darauf hin, dass diese entweder eine untergeordnete Rolle spielen, oder für die Pollen- und Tapetumentwicklung bei diesen Arten nicht von wesentlicher Bedeutung sind. Dies könnte darauf hinweisen, dass die Funktion, oder der metabolische Kontext der mitochondrialen Aldehyd Dehydrogenasen zwischen Antheren verschiedener Spezies weniger konserviert ist.

Basierend auf früheren Arbeiten und der vermeintlichen Funktion von MSG36, handelt es sich um ein Enzym, welches Pektin, einen wesentlichen Bestandteil der Zellwände, abbaut, um die Trennung von Septum- und Stomiumzellen und damit die Öffnung und Freisetzung von Pollen zu ermöglichen.

Zusammenfassend tragen diese Studien einen wesentlichen Beitrag zum Verständnis der Antheren-Entwicklung von Gerste bei. Zukünftige Experimente werden zeigen, ob diese neu identifizierten genetischen Faktoren, oder deren regulatorischer Kontext so manipuliert werden können, dass eine effiziente Möglichkeit geschaffen wird, die Antheren Entwicklung zu kontrollieren, um somit die Hybridsaatgutproduktion zu verbessern.