

5.8 PIERRE A. PIN^{1,2}, ELISABETH WREMERTH-WEICH¹, JAN J. L. GIELEN³, OVE NILSSON², THOMAS KRAFT¹

¹Syngenta Seeds AB, box 302, S – 261 23 Landskrona

²Umeå Plant Science Centre, Department of Forest Genetics and Plant Physiology, Swedish University of Agricultural Sciences, S – 901 83 Umeå

³Syngenta Seeds SAS, 12 chemin de l'Hôbit, F – 31790 Saint-Sauveur

Original language: English

FLOWERING TIME CONTROL IN BEETS

ABSTRACT

Cultivated sugar beet (*Beta vulgaris*) is an important field crop producing 30% of the global sugar production. Domesticated beets originated from the wild subspecies *maritima*. Like the cultivated beet, the wild beet is a long-day plant but in contrast to the domesticated one, which is biennial, it does not require vernalization and is therefore considered as annual – a native trait controlled by the B gene. Bolting, that is the onset of floral initiation, is an important trait that the sugar beet breeders want to control. Bolters produce less sugar and lead to harvesting problems. By means of reverse genetics, we isolated two flowering locus T (FT) homologs, named as BvFT1 and BvFT2, which surprisingly show opposite gene expression patterns and have evolved antagonistic functions. BvFT2 represents the Arabidopsis FT ortholog in beet while its paralog BvFT1 represses flowering. BvFT1-overexpressing beets do not bolt and flower even after vernalization. BvFT1 is gradually down-regulated during prolonged exposition to cold temperatures suggesting that repression of BvFT1 expression during the winter is essential for proper vernalization response in beets. The non-bolting phenotype observed in the BvFT1-overexpressing beets opens up a new perspective for the development of a winter beet using genetic-engineering approaches. Together with colleagues at the CAU-Kiel, we have now cloned by means of a forward genetic approach the B gene responsible for annuality determinism in beet. The isolation of B is of great interest since it now allows the development of a diagnostic molecular marker for the contamination of annual pollen flows from weed beets into commercial hybrid seeds. Besides, LD-mapping of the major bolting QTL in our sugar beet germplasm successfully identified a MADS-box gene. Marker-assisted selection of bolting resistance is now routinely achieved using this gene.

CONTROLE DE L'INITIATION FLORALE CHEZ LA BETTERAVE

RÉSUMÉ

La betterave (*Beta vulgaris*) est une culture importante qui fournit 30 % de la production mondiale de sucre. La betterave est issue de la domestication d'une plante sauvage (ssp. *maritima*). Comme la betterave, cette dernière nécessite une photopériode de jour long pour fleurir, mais à l'inverse de l'espèce cultivée qui est bisannuelle, elle fleurit sans vernalisation et est donc considérée comme annuelle – un caractère naturel contrôlé par le gène B. La montaison, qui correspond à l'initiation florale, fait partie des caractères d'intérêt que les sélectionneurs cherchent à contrôler. Une

betterave qui a monté contient moins de sucre et entraîne des problèmes lors de la récolte. Avec l'apport de la génomique et des données sur les mécanismes floraux décrits chez *Arabidopsis*, nous avons identifié chez la betterave deux gènes *flowering locus T* (FT), BvFT1 et BvFT2, lesquels montrent des profils d'expression opposés. BvFT2 est le FT orthologue, mais à notre grande surprise, sa copie paralogue, BvFT1, a évolué d'un point de vue fonctionnel en produisant un effet antagoniste, c'est-à-dire réprime la floraison. Surexpression de BvFT1 bloque la montaison même après vernalisation. Le fait que l'expression de BvFT1 soit progressivement atténuée pendant la vernalisation suggère que BvFT1 joue un rôle dans la réponse florale à la vernalisation. Les résultats obtenus avec BvFT1 ouvrent des perspectives intéressantes pour le développement d'une variété de betterave d'hiver. Avec nos collègues du CAU-Kiel, nous avons récemment isolé le gène B, ce qui permet maintenant le développement d'un marqueur moléculaire universel dans la détection de contamination de pollen annuel dans les lots de graines commerciales par des betteraves sauvages adventives. D'autre part, des études d'associations sur le principal QTL pour la résistance à la montaison dans notre pool génétique ont permis l'isolation d'un gène MADS-box. Une sélection précoce pour la résistance à la montaison est désormais possible en utilisant ce gène via sélection assistée par marqueur.

KONTROLLE DES BLÜHZEITPUNKTES IN RÜBEN

KURZFASSUNG

Zuckerrüben (*Beta vulgaris*) sind wichtige Kulturpflanzen und liefern 30 % der weltweiten Zuckerproduktion. Die domestizierte Zuckerrübe leitet sich von der wilden Subspezies *maritima* ab. Wie die domestizierte Zuckerrübe so ist auch die wilde Zuckerrübe eine Langtagpflanze. Im Gegensatz zur biannualen domestizierten Zuckerrübe benötigt die wilde Zuckerrübe jedoch keine Vernalisation und ist deshalb annuell – eine Eigenschaft die durch das B Gen kontrolliert wird. Das Schossen, der Beginn der Blütenbildung, muss beim Zuckerrübenanbau minimiert werden, da Schosser weniger Zucker produzieren und Probleme bei der Ernte verursachen. Mit Hilfe von reverser Genetik haben wir zwei Homologe des *flowering locus T* (FT) Gens isoliert, genannt BvFT1 und BvFT2, welche überraschenderweise gegenläufig exprimiert werden und antagonistische Funktionen aufweisen. BvFT2 der Zuckerrübe ist ortholog zum *Arabidopsis* FT Gen, während BvFT1 die Blütenbildung unterdrückt. BvFT1 überexprimierende Zuckerrüben schossen und blühen selbst nach Vernalisation nicht. BvFT1 wird schrittweise herunterreguliert wenn Zuckerrüben fortwährend der Kälte ausgesetzt sind, was zu der Annahme führt dass die Unterdrückung von BvFT1 im Winter eine wichtige Rolle in der Vernalisation der Rüben spielt. Der nichtschossende Phänotyp der BvFT1 überexprimierenden Rüben eröffnet neue Perspektiven für die Entwicklung von Winterrüben mit Hilfe von Gentechnik. Zusammen mit Kollegen der CAU-Kiel haben wir nun das B Gen, welches für die Annualität in Rüben verantwortlich ist, kloniert. Die Isolierung des B Gens ist ein wichtiger Schritt, da dies nun die Entwicklung diagnostischer Marker erlaubt, mit welchen die Kontamination kommerziellen Hybridsatguts durch den jährlichen Pollenflug wilder Rüben überwachen lässt. Darüberhinaus haben Assoziationsstudien an einem für das Schossen wichtigen QTL erfolgreich ein MADS-Box Gen in unserem Zuckerrüben-Genpool identifiziert. Markerbasierte Selektion auf Schossresistenz wird jetzt routinemässig mit Hilfe dieses Gens durchgeführt.