

# Regulace vybílání a kvetení u ozimé řepy cukrové

REGULATION OF BOLTING AND FLOWERING IN SUGAR BEET

Josef Pulkrábek, Vladimír Švachula, Jaroslav Urban

Česká zemědělská univerzita v Praze, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů

Jednou z možností, jak zvýšit výnosy a kvalitu cukrové řepy je prodloužit její vegetační dobu. Ve středoevropských podmínkách to lze docílit časnějším setím a pozdější sklizní. Obě možnosti se dají uskutečnit v případě vhodných povětrnostních podmínek a při urychlení polních prací (spolu se současným nasazením většího množství techniky při zpracování půdy, vlastním setí a při podzimní sklizni).

Novým aktuálním cílem je vyšlechtit ozimou řepu cukrovou, u které se podaří významně prodloužit vegetační dobu zvýšením její otužilosti k bezpečnému přezimování a zvládnutím techniky regulace vybílání. Informace v odborné literatuře, zaměřené na význam a přínosy tohoto šlechtitelského cíle, byly již autory zčásti uveřejněny dříve (LCAŘ, 130, 2014, č.9–10, s. 298–300).

Rostliny ozimé cukrové řepy musí mít dostatečnou zimní otužilost (mrazuvzdornost) k přežití zimy (pro řepu je letální teplota  $-7^{\circ}\text{C}$ ) a nesmí vybílhat a kvést (při pěstování na produkci bulev), protože nízké zimní teploty vyvolávají u rostlin jarovizaci, která podporuje vybílání řepy cukrové na jaře. To jsou dva zásadní úkoly pro genetiky a šlechtitele. Během příštích šesti až osmi let lze podle uveřejněných prognóz očekávat prototyp ozimé řepy cukrové s výrazně vyšší produkcí cukru, než mají jarní odrůdy.

O aktuálnosti snah vyšlechtit ozimou cukrovku svědčí řada vědeckých i odborných publikací, v neposlední řadě to dokazují i kongresy IIRB, na nichž je již po několik let v programech plakátových sdělení pravidelně zařazována sekce ozimé řepy cukrové s řadou sdělení na toto téma.

Předložený článek je veden snahou poskytnout odborné pěstitelské a cukrovarnické veřejnosti informace o dosud zveřejněných výsledcích výzkumu regulace kvetení cukrové řepy.

## *Dešifrování genomu naší fotosynteticky nejvýkonnější plodiny*

Cukrová řepa je díky současným výkonným geneticky jednoklíčkovým odrůdám a při výrazném podílu intenzivních pěstitelských technologií bezesporu nejproduktivnější plodinou mírného zeměpisného pásma. I ve světě stále patří mezi 15 nejvýznamnějších plodin. Poskytuje cenné obnovitelné suroviny pro potravinářský a fermentační průmysl, je zdrojem krmiv a v poslední době slouží i k výrobě bioetanolu a bioplynu. Proto nepřekvapuje, že se v současnosti řada genetiků velmi intenzivně věnuje výzkumu jejího genomu.

Poprvé sekvenoval genom cukrové řepy mezinárodní výzkumný tým s iniciací Technické univerzity v Drážďanech (TUD – Technische Universität Dresden) (1, 2). V souboru všech chromozomálních genů se podařilo určit pořadí nukleových bází,

a tím rozluštit genetický stavební plán této hospodářsky důležité plodiny. Sekvenování genomu cukrovky lze považovat za velký vědecký přínos pro její šlechtění.

Výsledky výzkumu jsou významné v několika ohledech. Předně šlechtění lze nyní provádět mnohem rychleji a efektivněji. Sekvence genomu cukrové řepy umožňuje identifikaci genů ovlivňujících zemědělsky významné vlastnosti. V situaci, kdy je 27 421 genů řepy cukrové identifikováno, může být cíleně ovlivňována její odolnost proti škůdcům, tolerance k suchu a obsah cukru. Odhadovaná velikost genomu řepy je 714–758 Mbp (megabází). Sekvence genomu obsahuje 567 Mbp, z nichž 85 % by bylo možné lokalizovat na jednotlivých chromozomech. Sestava zahrnuje velkou část repetitivních sekvencí, které představují 63 % genomu.

## *Nově identifikované geny jsou základem*

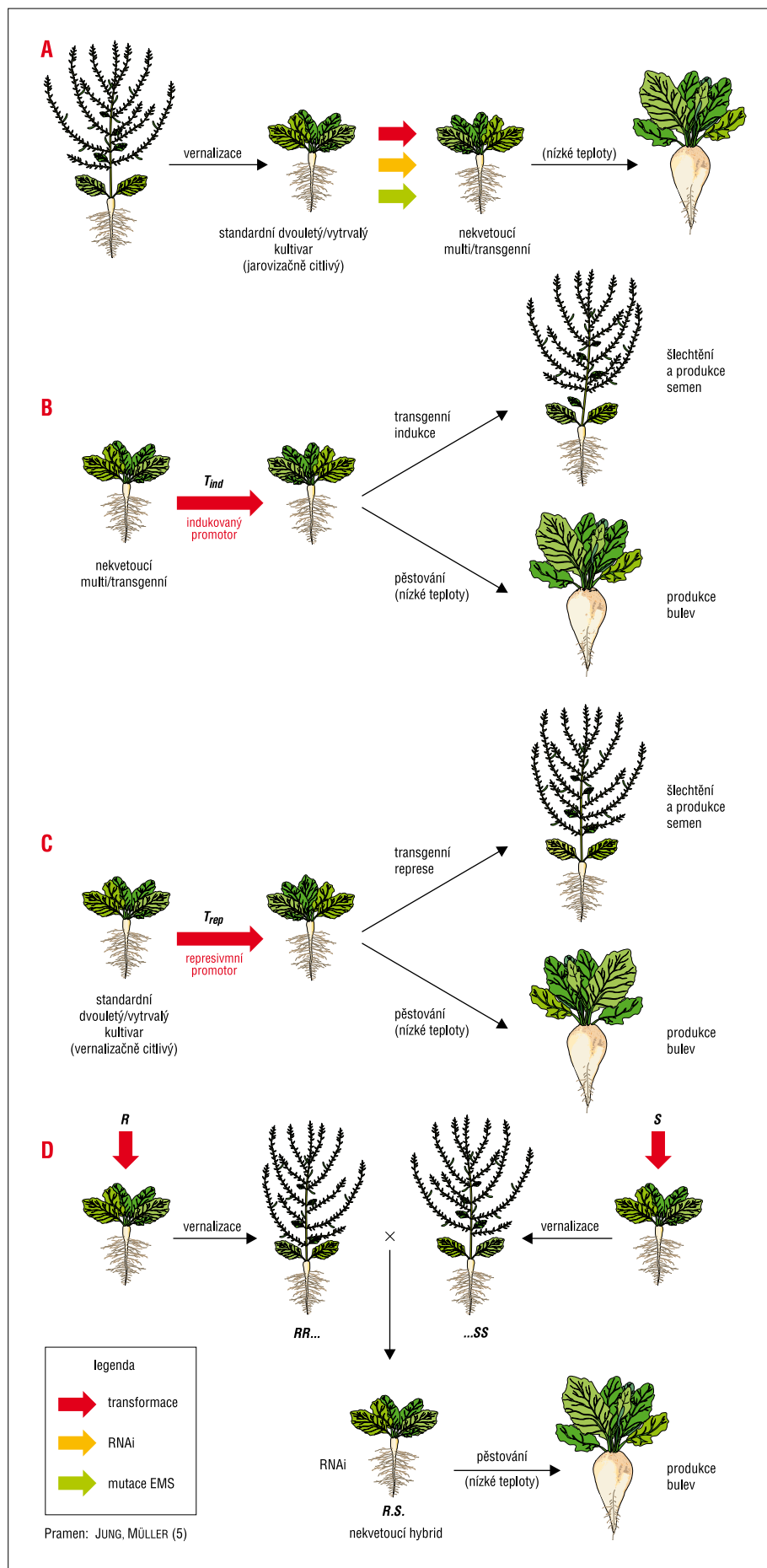
V periodiku *Current biology* vyšla rozsáhlá zpráva 22 autorů z 11 pracovišť nazvaná „Úloha nepravé odezvy (pseudo-response) regulačního genu v životním cyklu adaptace a domestikace řepy“ (3), z níž dále čerpáme.

U cukrové řepy, na rozdíl od obilovin, nesklízíme semena rozvíjející se po kvetení, ale místo toho využíváme zesílené kořeny, které uchovávají velké množství cukru. Je nežádoucí pro pěstitele, aby řepa kvetla a kvetením končila vývoj kořenového úložiště. Divoký předek cukrové řepy, tzv. přímořská řepa *Beta maritima*, často kvete v prvním roce růstu a neprodukuje bulvy vůbec. Naproti tomu domácí cukrovka buduje velké řepné bulvy, které se sklízí před tím, než by rostliny v druhém roce zakvetly.

Německé a švédské výzkumné skupiny na univerzitě v Kielu a Umeå Plant Science Centre identifikovaly dlouho hledaný B gen vybílání v cukrové řepě. Gen nazvaný BvBTC1 určuje, zda a kdy bude řepa kvést. Časné kvetení má nežádoucí dopad v ukončení růstu kořenů řepy, který může omezit výnosy cukrovky všude na světě. Nové poznatky umožňují producentům osiv zlepšit efektivitu pěstování při minimalizaci snížení výnosu a redukování kontaminace semene a pomáhají šlechtitelům vyvinout nové odrůdy s většími bulvami. Uvedená zpráva prezentovala výsledky z více než pěti let intenzivní spolupráce s průmyslovými výzkumnými partnery společností Syngenta, Strube, SESVanderHave a KWS.

V Evropě se cukrová řepa obvykle pěstuje od jara do podzimu. Pokud byla zasetá před zimou, kvetla by po zimě a vytvořila by pouze malé kořeny, protože nízké teploty jsou signálem ke kvetení. Podle Andrease Müllera, hlavního řešitele na Šlechtitelském institutu v Kielu, bylo zřejmé, že existují genetické rozdíly mezi brzy kvetoucími řepami, které se vyskytují ve volné přírodě a domestikovanou řepou cukrovou, s obrovskými důsledky pro

Obr. 1. Strategie regulace doby kvetení u cukrové řepy



zemědělské využití. Šlechtitelé chtěli zjistit, jak tyto rozdíly vznikají a zdali je využít základní gen pro regulaci kvetení, předpoklad pro zvýšení výnosu cukru.

**Názory na regulaci vyběhání – šlechtění na ozimost**

Německé snahy vyšlechtit ozimou řepu cukrovou se datují od konce minulého století. Pro vyšlechtění jsou nezbytné genotypy, které po zimě nevyběhají (4). Jak se dalo očekávat, nepřístupilo se k inhibici kompletního vyběhání, ačkoliv byly pozorovány velké odchylky v chování k vyběhání. Brzké vyběhání cukrové řepy může být u většiny případů vysvětleno selekcí pro časnou tvorbu semene, požadovanou šlechtiteli pro produkci osiva. Na základě reciprokých křížení jedinců s různými termíny vyběhání byly vytvořeny mapovací populace, ve kterých byly identifikovány QTL lokusy (QTL = Quantitative Trait Locus), které jsou zodpovědné za dobu kvetení řepy. Velká variabilita rodu *Beta* umožnila vytvořit takové mapovací populace, ve kterých byly nalezeny genotypy s kumulací QTL lokusů. Nicméně vytvoření nevyběhajících genotypů je pouze prvním krokem systému regulace vyběhání, protože vyběhání je nezbytné k produkci osiva. Proto je zapotřebí řízení vyběhání, kterého lze dosáhnout pouze modifikací genotypu. Při použití genů z *Arabidopsis thaliana* a *Beta vulgaris* byly již konstruovány vektory tak, aby mohla být transformace cukrovky zahájena.

Genetický mechanismus regulace kvetení cukrové řepy se liší od všech ostatních rostlin, které byly dosud zkoumány. Řepa cukrová má vysoký potenciál stát se novým vědeckým modelem organismu pro řízení růstu a kvetení rostlin, podobně jako jsou myši ve výzkumu rakoviny. Kromě toho, tyto výsledky mají zásadní význam pro šlechtitele (5). Podle uvedených autorů otevírá naše genetické a molekulární pochopení transformace kvetení nové obzory pro šlechtění rostlin. Regulační geny mohou být použity jako molekulární markéry pro selekci alelické varianty a zamezení závislosti na fenotypové selekci. Nové alely lze snadno identifikovat z mutantních populací například tím, že cíleně indukujeme poškození – mutace

v genomech (metodickým postupem TILLING = Targeting Induced Local Lesions In Genomes). Lze pak očekávat následnou změnu ve funkci kvetení. Skutečnou novinkou ve srovnání s klasickým fenotypovým prověřováním mutantů je možnost kombinace různých mutací v genech, které samy o sobě nemají vliv na nový fenotyp, ale mají jej v jejich kombinacích. Několik studií prokázalo, že změny doby kvetení rostlinných druhů může být dosaženo genetickou modifikací při transformaci. Nicméně mnoho z aktuálních příkladů je omezeno pouze na několik klíčových regulačních mechanismů. Rostoucí znalosti o regulačních drahách by mohly také pomoci upravit dobu kvetení v reakci na specifické podmínky životního prostředí, s cílem zabránit nežádoucímu pleiotropnímu účinku (působení na více znaků, vlastností, aktivit). Byla zkoumána genetická identifikace nového lokusu kvetení (přesné pozici genu na chromozomu) v řepě cukrové *Beta vulgaris*, který podporuje jednoletost nezávisle na genu kvetení B (6). Tendence k vybíhání v rostlinném druhu řepa burák *Beta vulgaris*, který zahrnuje řepu cukrovou, je komplexní vlastnost, řízená různými podněty v oblasti životního prostředí, včetně prodlouženého období nízkých teplot přes zimu (jarovizace) a foto-periody a vícenásobnými genetickými faktory. Dva lokusy, které podporují vybíhání při absenci jarovizace, jsou v cukrové řepě známé: významný lokus kvetení B na chromozomu II a B2 lokus na chromozomu IX. Byly zjištěny genetické vazby a analyzovány kvantitativní rysy lokusu ve dvou populacích, odvozených z křížení mezi dvouletými genotypy, které byly identifikovány ve fenotypovém prověřování ethylmethansulfonátem (EMS) indukovaných květových mutantů, vyžadujících jarovizaci a při zahrnutí roční divoké řepy, odhalily přítomnost nového květového lokusu B4. Ten je spojen s B lokusem, ale podporuje roční vybíhání nezávisle na lokusu B. Genetická vzdálenost mezi B a B4 na chromozomu II je 11 cM (centimorganů). Byl identifikován markér B4 lokusu založený na sekvenci lokusu, který kosegreguje s vybíháním.

Jiným kolektivem výzkumníků byla popsána rozmanitost (diverzita) genů souboru 268 zástupců *Beta vulgaris* tří dob kvetení metodou EcoTILLING (7).

Metoda EcoTILLING může být podle autorů úspěšně využita při mapování velkého panelu rostlinných jedinců v rámci výzkumu alelických variant u různých kandidátních genů. Autoři zjistili, že homolog FLC (flowering locus C) opravdu může také ovlivnit dobu kvetení (a zimní přežití) u druhu, který je pouze vzdáleně příbuzný s *Arabidopsis thaliana*. Výše popsáný panel u různých forem *Beta vulgaris* je vynikajícím zdrojem pro identifikaci alelických rozdílů dalších regulačních genů, jako BvFT2 nebo kandidátních genů pro agronomické vlastnosti, jako jsou stresové reakce a rostlinná architektura. Alelické varianty označené metodou EcoTILLING mohou být použity pro zavedení nové genetické modifikace do elitního šlechtitelského materiálu řepy.

### Lokalizace genu vybíhání

S cílem lokalizovat gen vybíhání vypěstovali vědci v rozsáhlém výzkumu tisíce rostlin a analyzovali jejich DNA. Pak porovnávali geny a jejich lokalizaci s geny ve zkoumané oblasti s genetickými sadami jiných rostlin. Očekávali, že najdou podobný gen jako u modelové rostliny huseníčku rolního (*Arabidopsis thaliana*), ale překvapivě našli gen úplně jiný, jak uvedli v publikované zprávě autoři PIN ET AL. (3). Dalším krokem bylo ověření funkce genu v experimentu, ve kterém byl tento gen inaktivován v cukrové řepě pomocí metod genetického inženýrství. Rostliny nekvetly. Tento experiment s kvetením byl konečným důkazem, že byl identifikován gen vybíhání cukrové řepy. Profesor Ove Nilsson z Umeå Plant Science Centre zdůraznil, že „charakterizace B genu vybíhání, nyní nazývaného BvBTC1, a zjištění, že má klíčovou roli v regulaci kvetení, je významným úspěchem pro cukrovarnický průmysl a pro výzkum regulace kvetení“.

Komerčně vyráběná osiva často obsahují semena, z nichž rostliny rozkvetou příliš brzy. Objevují se přirozeně jak v současné tak i budoucí sklizni na kontaminovaných polích. Thomas Kraft ze společnosti Syngenta uvedl, že teď, když známe gen vybíhání, můžeme testovat směsi osiv na nevhodná semena před jejich prodejem a zemědělci dostanou mnohem lepší kvalitu osiva. Podle profesora Christiana Junga, ředitele Institutu šlechtění rostlin Univerzity v Kielu, který inicioval kielskou účast na výzkumu před více než 12 lety, jsou z vědeckého hlediska nálezy přelomové, protože genetický mechanismus regulace kvetení cukrové řepy se liší od všech ostatních rostlin, které byly dosud zkoumány.

Výzkumné práce v popisovaném společném projektu byly financovány řadou institucí: Německou společností pro výzkum (DFG), Spolkovým ministerstvem pro vzdělávání a výzkum (BMBF), Švédskou radou pro výzkum, Švédskou vládní agenturou pro inovace systémů, Stipendijní radou Číny, britskou Vědeckou radou biotechnologií a biologických věd (BBSRC), Britskou organizací řepářského výzkumu a Südzucker AG. Na výzkumném projektu se dále podíleli partneři ze společnosti Syngenta (Landskrona, Švédsko), SESVanderHave (Tienen, Belgie), Strube (Söllingen, Německo), KWS (Einbeck, Německo), Broom's Barn (Bury St. Edmunds, Velká Británie), z Institutu Maxe Plancka pro molekulární genetiku v Berlíně a Univerzity v Bielefeldu.

Výše citovaná zpráva v periodiku Current Biology (3) obsahuje následující shrnutí výzkumných poznatků: Přízpůsobení životního cyklu na zeměpisnou polohu a sezónní variace ve fotoperiodě a teplotě jsou významným faktorem ovlivňujícím evoluční úspěch u kvetoucích rostlin. Životní cyklus dvou-  
dělátního modelového druhu huseníček rolní *Arabidopsis thaliana* je řízen dvěma epistatickými geny, FLOWERING

LOCUS C a FRIGIDA. Tři nepříbuzné lokusy (VERNALIZATION 1–3) určují jarní a zimní formu jednodělátní rostliny, patřící k obilovinám mírného pásma. Řepa *Beta vulgaris* patří mezi vyšší dvoudělátní rostliny (eudicota). Tento druh se během evoluce oddělil od rodu *Arabidopsis* zřejmě velice brzy po diferenciaci jednodělátních a dvoudělátních rostlin. Lze předpokládat, že k tomuto oddělení došlo přibližně před 140 miliony lety, kdy se u dvoudělátních rostlin vytvořil mechanismus regulace doby kvetení pomocí lokusu B. Byl identifikován lokus BvTC1 (Bolting Time Control), který funguje jako nepravý genový regulátor exprese genu kvetení T. Tyto geny jsou naprosto nezbytné pro kvetení. Ovlivňují rovněž reakce rostlin na délku dne a podmínky jarovizace. Experimentální výsledky naznačují, že domestikace řepy vyselektovala částečnou ztrátu funkce alely regulátoru BvBTC1. Způsobila sníženou citlivost na fotoperiodu, která se obnovuje při jarovizaci, a tedy vznik dvouletosti. Výsledky ilustrují, jak evoluční plasticita v klíčovém regulačním bodu může umožnit nové strategie životního cyklu.

### Strategie regulace kvetení

Představy, jak by mohlo být vybíhání a kvetení regulováno, byly zveřejněny již v roce 2009 JUNGEM A MÜLLEREM (5). Pěstování standardní dvouleté cukrové řepy, která normálně v druhém roce pěstování po jarovizaci vytváří výhony, kvete a produkuje semena, je schematicky znázorněno jako (A) na obr. 1. Pro produkci cukru je však třeba tvorbu výhonů potlačit. Lze to realizovat buď vyprodukovaním transgenních nekvetoucích rostlin pomocí represorových genů (červená šipka), nebo pomocí represorové ribonukleové kyseliny (RNAi), která ruší nebo utlumuje aktivitu genů (oranžová šipka), případně mutací vyvolanou aplikací ethylmethansulfonátu – EMS (zelená šipka).

Pěstování speciální řepy cukrové, která nevybíhá a nekvete, je na obr. 1. schematicky znázorněno jako (B). U nekvetoucích transformantů nebo mutantů může být aktivace ke kvetení provedena transformací aktivátorovým genem kvetení pod kontrolou indukovatelného promotoru ( $T_{ind}$ ), nebo alternativně transformací s inducibilním RNAi transgenem, který je zacílený na represor kvetení. Indukce transgenu by umožnila kvetení, šlechtění a produkci osiva, přičemž pro produkci bulev indukce není nutná a muselo by se jí zabránit.

U standardních dvouletých nebo vytrvalých kultivarů – viz (C) na obr. 1. – může být kvetení potlačeno za kontrolovaných podmínek transformací s represorovým genem kvetení pod kontrolou represibilního promotoru ( $T_{rep}$ ), nebo alternativně transformací s represibilním RNAi transgenem a cíleným zaměřením na aktivátor kvetení. Kvetení a produkce semen, nikoliv produkce bulev, by vyžadovaly potlačení transgenu.

Proveditelnost obou alternativ (B) a (C) závisí na dostupnosti systémů vhodného regulovatelného promotoru a regulačních molekul, které nejsou nebezpečné pro cílové rostliny, pro životní prostředí, zvířata nebo člověka jako spotřebitele.

Část schématu (D) na obr. 1. znázorňuje produkci osiva. Každý z rodičů hybrida je charakteristický přítomností genetické modifikace nebo mutace, které fungují jako dominantní inhibitory. Přítomnost jednoho inhibičního lokusu (RR... nebo SS...) je nedostatečná pro úplnou inhibici kvetení u rodičovských komponent. Z obrázku je patrné, že rodičovské komponenty s genotypem RR... a SS... jsou schopny kvetení. U hybridního potomstva vzniká kombinace dominantních alel lokusů R. S., která

vede k úplnému potlačení schopnosti kvetení. Další ze strategií tvorby hybridního osiva řepy představuje přenesení nefunkčního inhibičního transgenů pro kvetení a následné obnovení jeho funkce u hybridních rostlin na základě specifické rekombinace. Jinou možností je transformace obou rodičů pomocí nefunkčních transgenů. V tomto případě dojde k obnovení funkce transgenů až po trans-sestřihu, který umožní vznik hybridní bílkoviny.

Ve výše uvedených strategiích spočívá genetická změna v inaktivaci promotoru neboli genového spínače (genetic switch), který reguluje vybíhání a kvetení. Promotory jsou nukleotidy v DNA, které řídí (spouští) transkripci genu tím, že se na ně váže polymeráza RNA.

Gen pro tvorbu výhonů poskytuje jednoletá, planě rostoucí řepa. Tento gen je v současné době identifikován v Institutu šlechtění rostlin v německém Kielu. Potlačení tvorby výhonů kontroluje několik genů. Zde je však komplikované nalézt spolehlivé řešení. Současně musí být selekcí zvýšena tolerance vůči mrazu.

### Závěr

Pro vyšlechtění ozimé řepy cukrové je velkým vědeckým přínosem popsání genomu cukrové řepy. Lze předpokládat, že to výrazně přispěje k urychlení tvorby nových výkonnějších odrůd řepy, což posílí její konkurenceschopnost vůči cukrové třtině. Znalost sekvence genomu cukrovky umožní identifikaci genů ovlivňujících zemědělsky důležité vlastnosti. Může tak být cíleně zlepšována odolnost proti škůdcům, tolerance k suchu, zvyšován obsah cukru, měněna morfologie a architektura rostliny.

Genetický mechanismus regulace kvetení cukrové řepy se liší od všech ostatních rostlin, které byly dosud zkoumány. Cukrovka má vysoký potenciál stát se novým vědeckým modelem organismu pro řízení růstu a kvetení rostlin. Lze předpokládat, že se v dohledné době podaří vyšlechtit ozimou řepu cukrovou s prodlouženou vegetační dobou díky její zvýšené otužilosti a při nezbytné regulaci kvetení a vybíhání.

Potlačení kvetení zabezpečí zvýšenou produkci bulev v porostech bez vyběhlic. V případě potřeby produkce semen umožní regulace intenzivní kvetení. Proveditelnost obou alternativ bude záviset na dostupnosti systémů vhodných regulovatelných promotorů neboli genových spínačů. O praktickém využití těchto technik v polních podmínkách nebyla prozatím v dostupné literatuře zmínka.

*Práce byla zpracována za podpory projektu TAČR č. TA02021392 Nové postupy v pěstebních technologiích okopanin.*

### Souhrn

Od konce minulého století řada výzkumných ústavů, univerzit a šlechtitelských pracovišť usiluje o vyšlechtění ozimé řepy cukrové. Nově vyšlechtěné ozimé řepy cukrové musí mít při výsevu na podzim dostatečnou odolnost k nízkým teplotám a při pěstování na produkci bulev nesmí v následujícím roce vyběhat a kvést. Článek je malou rešerší, zaměřenou na možnosti regulace vybíhání a kvetení ozimé řepy cukrové. Německé a švédské výzkumné skupiny identifikovaly dlouho hledaný gen vybíhání v řepě cukrové. Tento gen nazvaný BvBTC1 určuje, zda a kdy bude řepa kvést. Poznatky o lokalizaci tohoto genu pomohou vyřešit strategii regulace kvetení a vybíhání ozimé řepy cukrové. Významným přínosem k řešení uvedené problematiky je dešifrování celého genomu cukrové řepy. Znalost sekvence genomu cukrovky usnadní identifikaci genů ovlivňujících

řadu zemědělsky důležitých vlastností. Může tak být cíleně regulováno nejen vybíhání, ale i zvyšována odolnost proti škůdcům, tolerance k suchu, zvyšován obsah cukru, zlepšována morfologie a architektura řepné rostliny.

**Klíčová slova:** řepa cukrová, genom řepy cukrové, gen kvetení, regulace vybíhání.

### Literatura

- SCHMIDT, T.: *Zuckerrüben-Genom erstmals sequenziert*. Technische Universität Dresden – Archiv der Pressemitteilungen, Dezember 2013.
- DOHM, J. C. ET AL.: The genome of recently domesticated crop plant sugar beet (*Beta vulgaris*). *Nature*, 505, 2014 (23 January 2014), s. 546–549.
- PIN, P. A. ET AL.: (2012): The role of a pseudo-response regulator gene in life cycle adaptation and domestication of beet. *Current Biology*, 22, 2012 (12), s. 1095–1101. Press release No. 143/2012 Christian Albrechts Universität zu Kiel from 2012-05-16.
- KIRCHHOFF, M. ET AL.: Selection for cold hardiness and late bolting for breeding winter beets. *60. Tagung der Vereinigung Pflanzenzüchter Saatgutkaufleute Österreichs*, 2009, s. 173–176.
- JUNG, C.; MÜLLER, A. E.: Flowering time control and applications in plant breeding. *Trends Plant Sci*, 14, 2009 (10), s. 563–573.
- ABOU-ELWAFI, S. F. ET AL.: Genetic identification of a novel bolting locus in *Beta vulgaris* which promotes annuality independently of the bolting gene B. *Mol Breeding*, 2012 (29), s. 989–998.
- FRERICHMANN, S. L. M. ET AL.: EcoTILLING in *Beta vulgaris* reveals polymorphisms in the FLC-like gene BvFL1 that are associated with annuality and winter hardiness. *BMC Plant Biology*, 2013, 13:52.

### Pulkrábek J., Švachula V., Urban J.: Regulation of Bolting and Flowering in Sugar Beet

Since the end of the last century, a number of research institutes, universities and breeding workplaces have aimed to cultivate winter sugar beet. Newly bred winter sugar beet must have sufficient winter hardiness when sown in autumn and when cultivated for the roots, it is not allowed to bolt and flower in the following year. The article presents a brief research, focusing on the possibility of regulation of bolting and flowering of winter sugar beet. German and Swedish research groups identified the long-sought bolting gene in sugar beets. This gene, called BvBTC1, determines whether and when the beet blooms. Knowledge of the location of this gene will help solve the control strategy of bolting and flowering of winter sugar beet. An important contribution to the solution of this problem is deciphering the entire genome of sugar beet. Knowledge of the sugar beet genome sequence will facilitate the identification of genes affecting a number of agriculturally important features. It may help to target regulation not only at bolting, but also at increasing pest resistance, drought tolerance, increasing sugar content, and improving morphology and architecture of beet plants.

**Key words:** sugar beet, sugar beet genome, flowering gene, bolting control.

### Kontaktní adresa – Contact address:

prof. Ing. Josef Pulkrábek, CSc., Česká zemědělská univerzita v Praze, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Katedra rostlinné výroby, Kamýcká 129, 165 21 Praha 6 – Suchbátka, Česká republika, e-mail: pulkrabek@af.czu.cz