

Es ist eine grundlegende Herausforderung der Biologie, die genetischen Grundlagen und die adaptive Bedeutung morphologischer Vielfalt in der Natur zu verstehen. Blätter von Saatgutpflanzen bieten dafür einen hervorragenden Forschungsansatz, da sie eine enorme Vielfalt in Größe, Form und Komplexität aufweisen, innerhalb und zwischen den Arten. Die genetischen Faktoren und evolutionären Kräfte, die diese Vielfalt innerhalb der Arten beeinflussen, sind noch weitestgehend unverstanden. Im Gegensatz zur langjährigen Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* besitzt die nahe Verwandte *Cardamine hirsuta* gefiederte Blätter. Natürliche Stämme von *C. hirsuta* zeigen eine erhebliche genetische Vielfalt in der Anzahl der Blättchen. Sie sind daher prädestiniert dafür, die genetischen Grundlagen der Blattkomplexität in einem evolutionären und ökologischen Kontext zu untersuchen. In dieser Doktorarbeit kartiere ich die Quantitative Trait Loci (QTLs) in einer Population rekombinanter Inzuchtlinien, die aus der Kreuzung zwischen dem Referenzstamm aus Oxford und einem Stamm aus den Azoren hervorging. Letzterer weist im Vergleich auffällig wenige Fiederblättchen auf. Ich zeige, dass die Vielfalt der Blattkomplexität auf einer polygenen Grundlage beruht, und identifiziere QTLs, die in vergleichbaren Experimenten bisher nicht erkannt wurden. Alle QTLs wirken sich auf die altersabhängige Variation der Blattkomplexität aus und werden daher als heterochron bezeichnet. Sie wirken in verschiedenen Phasen der Entwicklung der Pflanze. Zwei geklonte QTL der Blattkomplexität konnten bereits mit Auswirkungen auf die Triebreifung assoziiert werden. Zusammengefasst deuten diese Ergebnisse darauf hin, dass heterochronische Variation die Hauptquelle für intraspezifische Variationen der Blattkomplexität ist. Durch die Feinkartierung und transgene Validierung fand ich ein neues Kandidatengen, das der Vielfalt der Anzahl der Fiederblättchen zugrunde liegen könnte. Dieser QTL ist zusammen mit einem bereits geklonten heterochronen QTL Teil eines QTL-Clusters mit vier benachbarten QTLs, die gemeinsam die Anzahl der Fiederblättchen reduzieren. Analysen genetischer Polymorphismen in 759 natürlichen *C. hirsuta* Stämmen zeigen, dass dieser Cluster an der lokalen Anpassung entlang eines Umweltgradienten auf den Azoren beteiligt sein könnte. Ein weiterer auffälliger QTL der Anzahl der Blättchen deutet auf ein nicht funktionales *FRIGIDA*-Allel hin, das zudem mit einem -selective sweep- übereintrifft. Ähnlich *A. thaliana* kommen nicht funktionale *FRIGIDA*-Allele vermehrt in bestimmten Breitengraden vor. Zusätzlich zu Korrelationsanalysen mit fitnessrelevanten Merkmalen helfen diese Ergebnisse, neue Hypothesen über die evolutionären Prozesse aufzustellen, die die Variation in der Blattform beeinflussen.