

## **Charakterisierung von MIKC\* MADS-Box-Genen im Laubmoos *Physcomitrella patens***

Die Feststellung, dass ein Moos - *Physcomitrella patens* – eine im Vergleich zu Angiospermen relativ große MIKC\*-MADS-Box-Genfamilie besitzt, und die Erkenntnis, dass MIKC\*-Transkriptionsfaktoren in *Arabidopsis thaliana* für die Pollen-Entwicklung essentiell sind, führte zu der Frage, ob diese Genfamilie eine konservierte Funktion in der Entwicklung des Landpflanzen-Gametophyten besitzt und ob ihre Größe in Moos mit einer komplexeren haploiden Generation in Verbindung steht.

Die Analyse der MIKC\*-Genfamilie in *Physcomitrella* zeigte eine nahe Verwandtschaft zwischen den einzelnen Mitgliedern, deren Anzahl vermutlich das Resultat zweier Genomduplikationen und anschließender Retention der meisten Paralogen ist. In dieser Arbeit wurden in Expressionsvergleichen selbst zwischen den ähnlichsten Paralogen partielle Unterschiede gefunden. Dies und die Tatsache, dass die Paralogen im Genom bewahrt wurden, deutet auf zumindest partielle funktionelle Divergenz hin. Die Abwesenheit einer offensichtlichen phänotypischen Abweichung in hier hergestellten und analysierten Mutanten, denen einzelne dieser Gene fehlen, ist daher vermutlich nur bedingt auf die potentielle Redundanz in der Genfamilie zurückzuführen.

Obwohl Expressionsstudien eine Funktion während der gametophytischen Entwicklung unterstützen, sind auch Anzeichen für eine Expression in Sporophyten vorhanden. Unter dem Vorbehalt methodischer Beschränkungen kann für die hier untersuchten Gene festgestellt werden, dass die beobachteten Expressionsmuster generell nicht auf bestimmte Organe oder Entwicklungsphasen beschränkt sind und anscheinend einige Variabilität aufweisen.

Daher ist anzunehmen, dass die Funktion von MIKC\*-Genen die morphologische Entwicklung nicht unmittelbar beeinflusst, sondern eher in die Regulierung physiologischer Aspekte involviert sein könnte. Eine direkte Verbindung zwischen der Größe der Genfamilie und der Komplexität des Gametophyten ist somit ebenfalls unwahrscheinlich. Dennoch könnte ein komplexer Gametophyt eine größere Anzahl von MIKC\*-Genen begünstigen, da er die Notwendigkeit mit sich bringt, alle vegetativen Funktionen zu erfüllen und umweltbedingten Schwierigkeiten standzuhalten oder vielleicht einfach dadurch, dass er mehr „Nischen“ zur Gen-Speziation bereitstellt.

Die beobachtete Expression in Antheridien, Rhizoiden und eventuell im Fuß des Sporophyten könnte ein Hinweis auf eine Beteiligung der MIKC\*-Gene an der Regulation des Transfers von Substanzen zwischen Zellen oder zwischen Zellen und ihrer Umgebung sein. Aufgrund solch einer Funktion könnten MIKC\*-Genen von großer Bedeutung für die Etablierung und Evolution der Landpflanzen gewesen sein.