

Sekundäre Meristembildung ist ein zentraler Bestandteil postembryonaler Pflanzenentwicklung. Sowohl vegetative, als auch reproduktive Entwicklung ist von diesem Vorgang abhängig, da sekundäre Meristembildung der erste Schritt in der Verzweigung und Bildung von Infloreszenzen ist. Vegetative sekundäre Meristembildung wird durch eine Gruppe von Grenzgenen reguliert. In dieser Arbeit wurde die Rolle von Grenzgenen in der Entwicklung von Infloreszenzen in Tomate behandelt. Des Weiteren wurde die Charakterisierung des Regulators sekundärer Meristembildung *Uniflora* (*Uf*) in einem evolutionären Zusammenhang behandelt.

Um Ziele des Verzweigungsregulators *Blind* (*Bl*) zu identifizieren, wurde eine Transkriptomanalyse an vor-meristematischem Gewebe mittels RNA Sequenzierung durchgeführt. 56 Gene waren im Vergleich zwischen Wildtyp und *bl-2* mindestens zweifach unterschiedlich exprimiert ( $p \leq 0.05$ ). Sechs dieser *Bl* Zielgenkandidaten wurden mittels RNA *in-situ* Hybridisation näher untersucht. Es wurde bestätigt, dass *AP1 complex subunit  $\mu$*  (*AP1 $\mu$ 1*) und *Self-Pruning* (*SP*) positiv durch *Bl* reguliert werden. Sowohl *AP1 $\mu$ 1*, als auch *SP* werden spezifisch in den Achseln von Blattprimordien im Wildtyp, aber nicht in *bl-2* Mutanten, exprimiert. Bei Erscheinen des achsillären Meristems (AM) wird die Expression von *SP* auf jene Zellen beschränkt, welche die Expressionsdomäne des meristematischen Markers *Tomato knotted 2* (*Tkn2*) umgeben. Allerdings kann *SP* nicht der zentrale Vermittler der *Bl* Funktion sein, weil *sp* Mutanten nicht in der Verzweigung des primären Sprosses eingeschränkt sind. Außerdem waren mehrere *Bl* Zielgenkandidaten in Fiederblattgrenzen exprimiert, was betont, dass AM Initiation und Blattfiederung durch ähnliche Mechanismen reguliert werden.

Während der reproduktiven sekundären Meristembildung arbeiten *Bl* and *Lateral Suppressor* (*Ls*) mit *Uf* zusammen. In dieser Arbeit wurde bestätigt, dass *Uf* das einzige Ortholog der bHLH Transkriptionsfaktoren *LAX1*, *Ba1* und *ROX* in Tomate ist. Die 1500 bp oberhalb und 700 bp unterhalb des offenen Leserasters befindliche Sequenz enthielt einen ausreichenden Anteil des endogenen *Uf* Promotors, um eine teilweise Wiederherstellung der wildtypischen Infloreszenz in *uf-1* herbeizuführen. Phänotypische- und Expressionsanalyse haben gezeigt, dass *Bl*, *Ls* und *Uf* sowohl gemeinsame, als auch unterschiedliche Funktionen während der Entwicklung der Infloreszenz haben. Der Verlust von *uf* hat einen negativen Effekt auf die Expression von *Ls*. Allerdings konnte eine direkte Interaktion der Regulatoren nicht gezeigt werden. Während der vegetativen Entwicklung stimmen die Stärke des Defekts in AM Initiation und in Organtrennung überein; *ls-1* hat den stärksten Defekt in Verzweigung und Organtrennung, in *bl-2* sind beide Phänotypen auf einem mittleren Level und in *uf-1* wurde keiner der beiden Defekte beobachtet. Das unterscheidet *Uf* von anderen Verzweigungsregulatoren, und betont, dass seine Funktion sich auf die Bildung von Infloreszenzmeristemen beschränkt.

Die Verluste von *Compound Inflorescence* (*S*) und *Uf* haben gegenteilige Effekte auf die Infloreszenzarchitektur. Deshalb wurde geprüft, ob der Unterdrücker von Infloreszenzverzweigung *S*

der Funktion von *Uf* entgegenwirkt. Expressionsanalyse zeigte, dass beide Transkriptionsfaktoren die Expression des jeweils Anderen nicht bestimmen. Des Weiteren zeigte eine Expressionsanalyse keine klaren gegenteiligen Effekte der beiden Transkriptionsfaktoren auf die Expression ihres potentiellen Regulationszieles *Jointless (J)*. Die Ergebnisse deuteten eher darauf hin, dass *S* und *Uf* in unabhängigen Signalwegen agieren, welche jeweils Meristemsreifung und –Initiation kontrollieren.

Im Gegensatz zu Tomato bilden einige andere Nachtschattengewächse einblütige Infloreszenzen. In diesen Spezies könnte *Uf* verändert oder verloren sein. In dieser Arbeit wurden Orthologe von *Uf* in Paprika (*Capsicum annuum* und *chinense*) und Tabak (*Nicotiana benthamiana* und *tabacum*) charakterisiert. *Capsicum annuum* und *Nicotiana benthamiana* haben Einzelblüten, und auch *Capsicum chinense* hat keine zymose Infloreszenz. Zwei *Uf* Orthologe in *N. benthamiana* und einzelne orthologe Gene in den anderen drei Spezies wurden durch phylogenetische Analyse identifiziert. Expressionsstudien zeigten eine spezifische Expression der *Uf* Orthologen in *Nicotiana benthamiana* und *tabacum* in Apizes. *Uf* in *N. benthamiana* wurde nicht nur in reproduktiven, sondern auch in vegetativen Apizes detektiert, wie zum Beispiel sein Ortholog in Arabidopsis. In *Capsicum annuum* und *chinense* konnte keine Expression der *Uf* Orthologen mittels qRT-PCR in jeglichem analysiertem Gewebe festgestellt werden. In beiden Arten verursacht der Verlust des primären START Codons eine starke Verkürzung des vorhergesagten Proteins und Änderungen der Proteinsequenz sind selbst innerhalb der funktionellen Domäne zu finden. Des Weiteren zeigte ein Vergleich beider Gene in verschiedenen Paprikasorten eine erhöhte Sequenzvariation. Diese Ergebnisse legen einen Verlust der Funktionalität von *Uf* in *Capsicum annuum* und *chinense* nahe. Somit kommt *Uf* als zentrales Element in der evolutionären Entstehung von einblütiger Paprika in Frage.