

Zusammenfassung

Die Untersuchung homologer Prozesse in artverwandten Spezies des gleichen Taxons ermöglicht funktionelle, evolutive Vergleiche von Entwicklungsprozessen. Das TTG1 (*TRANSPARENT TESTA GLABRA 1*) Gennetzwerk steuert die Proanthocyanidin- und Anthocyanidin Synthese, die Produktion des Samenschalenschleims (Samenschalen Seims), sowie die Musterbildungsprozesse von Wurzelhaaren und Trichomen in *Arabidopsis thaliana*. Es umfasst die gleichen Gene bzw. nah verwandte Paraloge, welche zusätzliche Faktoren kontrollieren, die spezifisch für den jeweiligen Differenzierungsprozess sind. Ich habe *Arabis alpina* als zweites genetisches Modell etabliert, um epidermale Musterbildungsprozesse aus evolutiver Sicht zu analysieren.

A. alpina hat verzweigte Trichome und positionsabhängige Wurzelhaarmuster wie *A. thaliana*. Sie ist diploid, selbstbestäubend und ein Mitglied der Brassicacea Familie (26-40 Millionen Jahre getrennt). Diese Eigenschaften qualifizieren *A. alpina* für ein geeignetes Modell neben *A. thaliana* zur evolutionsbiologischen Forschung an Entwicklungsprozessen in Pflanzen. Durch die verfügbaren Sequenzinformationen konnte ich die aus *A. thaliana* bekannten Gene, welche die Musterbildungsprozesse in Trichomen und Wurzelhaaren regulieren, mittels Sequenzhomologie und Syntenie auch im *A. alpina* Genom identifizieren. Hierdurch wurde die Grundlage für eine umfassende, evolutive Studie des TTG1 Gen-Regulations-Netzwerks geschaffen. Ein detaillierter, analytischer Vergleich der fünf TTG1-abhängigen Prozesse in *A. alpina* und *A. thaliana* zeigte nicht nur Ähnlichkeiten, sondern auffällige, phänotypische Unterschiede in der Trichom-Bildung in späteren Entwicklungsstadien der Blätter, sowie der Wurzelhaarbildung an „Nicht-Wurzelhaar“ Positionen.

Zur Aufdeckung der mechanischen Grundlagen hinter der Trichom- und Wurzelhaarentwicklung in *A. alpina*, habe ich eine Kombination aus „forward genetics“ und Kandidatengen-Findung angewandt. Ich habe nach EMS-Mutanten selektiert, welche Beeinträchtigungen in der Morphologie bzw. Musterbildung von Wurzelhaaren oder Trichomen zeigten. Hierdurch wurden zahlreiche Trichom- und Wurzelhaarmutanten entdeckt, welche an die phänotypische Ausprägung von *A. thaliana* Mutanten erinnern, aber auch neuartige Phänotypen konnten identifiziert werden. Ein Vergleich zweier *Aattg1* Allele mit den entsprechenden Wildtypen zeigte, dass *AaTTG1* an der Regulation aller TTG1-abhängigen Merkmale beteiligt ist. Die Rolle von *AaTRIPTYCHON* als negativer Regulator der Trichom-Initiation ist in *A. alpina* konserviert. Auch *AaGLABRA 2*, als downstream Ziel des MYB-bHLH-WD40 –Komplexes, *AaSTICHEL* in Trichom Verzweigungsvorgängen, sowie *AaCROOKED*, *AaGNARLED* und *AaSPIRRIG* in

Trichomwachstumsprozessen haben ihre Funktionsweisen in beiden Modellsystemen konserviert. Im Gegensatz zu *GLABRA 3* in *A. thaliana* zeigen *AaGLBRA* und *AaENHANCER* in *A. alpina* keine Redundanz in der Regulierung von Musterbildungsprozessen in Trichomen und Wurzelhaaren. Solche schwer fassbaren Unterschiede können nur durch den Vergleich homologer Prozesse in verwandten Spezies identifiziert werden. Die evolutive Konservierung, gepaart mit den deutlichen phänotypischen Unterschieden von TTG1-abhängigen Merkmalen, machen aus *A. alpina* ein attraktives Evolutions-Entwicklungs-Modell. Weiterführende Analysen der gewonnenen Trichom- und Wurzelhaarmutanten von *A. alpina* wird ein neues Licht auf die Evolution pflanzlicher, epidermaler Musterbildungsprozesse, auf funktionellem Level werfen.