

Abstract

*An open question in biology and evolution has been determining how the genetic basis responsible for morphological diversity varies across and within plant species. Differences in leaf shape between *Arabidopsis thaliana* and *Cardamine hirsuta* have elucidated the importance of regulatory evolution through neofunctionalization and gene duplication for the formation of compound leaves. QTL mapping studies in *Cardamine hirsuta* have provided insight into the genes responsible for intraspecific leaf shape variation and identified heterochrony as a significant contributor. To add further insights into current findings related to variation in leaf shape, I have fine-mapped a QTL located on chromosome 2 (Chr2QTL) in an Oxford Azores RIL population. This Chr2QTL affects leaflet number on rosette leaf 2 and appears to have an epistatic interaction with a previously mapped leaf shape locus that results in higher seed number, as well as a putative Genotype \times Environment Interaction (GEI). Here I describe the steps taken to validate and fine-map the Chr2QTL, demonstrating the isolation of the effect within a 15Kb interval. I also provide insights on the candidate genes for the Chr2QTL, focusing on CUC3, a gene previously linked to interspecies differences in leaf shape and leaf development. I test the effects of the CUC3 alleles Oxford and Azores in a *chcuc3-1* background and try to gather evidence on the potential molecular mechanism. Additionally, to try and resolve the causal variant, I integrate phenotypic and genotypic data from a global set of strains collected from different geographical regions and try to discern variants likely associated with the L2 phenotype. Furthermore, I briefly look for evidence of deviations from neutrality in the Chr2QTL in the different populations. Lastly, I discuss possible approaches to try and identify the physiological importance of the L2 phenotype.*

Zusammenfassung

*Eine offene Frage in Biologie und Evolution war die Bestimmung, wie die genetische Grundlage, die für die morphologische Vielfalt verantwortlich ist, zwischen und innerhalb von Pflanzenarten variiert. Unterschiede in der Blattform zwischen *Arabidopsis thaliana* und *Cardamine hirsuta* haben die Bedeutung der regulatorischen Evolution durch Neofunktionalisierung und Genduplikation für die Bildung zusammengesetzter Blätter verdeutlicht. QTL-Mapping-Studien in *Cardamine hirsuta* haben Einblicke in die Gene gegeben, die für die intraspezifische Blattformvariation verantwortlich sind, und die Heterochronie als einen wesentlichen Beitrag identifiziert. Um weitere Einblicke in aktuelle Erkenntnisse in Bezug auf die Variation der Blattform zu erhalten, habe ich ein QTL auf Chromosom 2 (Chr2QTL) in einer RIL-Population der Oxford Azores feinkartiert. Dieses Chr2QTL beeinflusst die Blättchenzahl auf Rosettenblatt 2 und scheint eine epistatische Wechselwirkung mit einem zuvor kartierten Blattform-Locus zu haben, was zu einer höheren Samenzahl sowie zu einer mutmaßlichen Genotyp-Umwelt-Interaktion (GEI) führt. Hier beschreibe ich die Schritte, die zur Validierung und Feinabstimmung des Chr2QTL unternommen wurden, und demonstriere die Isolierung des Effekts innerhalb eines Intervalls von 15 KB. Ich gebe auch Einblicke in die Kandidatengene für Chr2QTL, wobei ich mich auf CUC3 konzentriere, ein Gen, das zuvor mit Unterschieden zwischen den Arten in Blattform und Blattentwicklung in Verbindung gebracht wurde. Ich teste die Wirkung der CUC3-Allele Oxford und Azores vor einem *hcuc3-1*-Hintergrund und versuche, Beweise für den möglichen molekularen Mechanismus zu sammeln. Um die kausale Variante aufzulösen, integriere ich außerdem phänotypische und genotypische Daten aus einer globalen Reihe von Stämmen, die aus verschiedenen geografischen Regionen gesammelt wurden, und versuche, Varianten zu erkennen, die wahrscheinlich mit dem L2-Phänotyp assoziiert sind. Darüber hinaus suche ich kurz nach Hinweisen auf Abweichungen von der Neutralität im Chr2QTL in den verschiedenen Populationen. Abschließend diskutiere ich mögliche Ansätze, um zu versuchen, die physiologische Bedeutung des L2-Phänotyps zu identifizieren.*