

Zusammenfassung

Die *WOX*-Genfamilie (*WUSCHEL*-like Homeobox) ist eine pflanzenspezifische Gruppe von Genen, die für Homöodomänen-Transkriptionsfaktoren kodieren, welche entscheidend an einer Vielzahl von pflanzlichen Entwicklungsprozessen beteiligt sind. Die bekanntesten Mitglieder sind *WUSCHEL* (*WUS*) und *WOX5*, die den Erhalt von Stammzellschicksal in den Sproß- und Wurzelmeristemen der Ackerschmalwand *Arabidopsis thaliana* regulieren. Die Genfamilie teilt sich in drei phylogenetische Unteräste auf: *WUS*-artige, *WOX9*-artige und *WOX13*-artige. Während die Gruppe der *WUS*-artigen Gene, zu der neben *WUS* und *WOX5* noch weitere Verwalter spezialisierter Stammzellnischen gehören, erst in Samenpflanzen nachweisbar ist, lassen sich *WOX13*-artige bis zu einzelligen Algen zurückverfolgen und stellen somit höchstwahrscheinlich die Vorfahren der Genfamilie dar. Die Funktion *WOX13*-artiger Gene wurde bis dato noch nicht analysiert. Im Rahmen dieser Studie wurden sowohl der Ursprung der stammzellerhaltenden Gene *WUS* und *WOX5* an der Basis der Angiospermen, als auch die Rolle von zwei *WOX13*-artigen Genen im Moos *Physcomitrella patens* untersucht. Durch Herstellung von Reporterlinien und Funktionsverlustmutanten mittels homologer Rekombination konnte gezeigt werden, dass die Funktion beider *WOX13*-Paraloge in *Physcomitrella* nicht auf spezialisierte Stammzellnischen beschränkt, sondern im ganzen Organismus an der Vermittlung von Stammzeleigenschaften beteiligt ist, wie an aberranten Stammzelletablierungsprozessen in den Einzelmutanten sichtbar wird. Die ubiquitäre Expression entspricht dabei dem Befund, dass Moospflanzen in der Lage sind, aus jeder differenzierten Körperzelle neue Stammzellen anzulegen. Die Ähnlichkeit der subtilen Phänotypen beider Einzelmutanten, und gescheiterte Versuche, Doppelmutanten herzustellen, weisen darauf hin, dass beide *PpWOX13*-Gene redundant eine essentielle Funktion ausüben. Die Analyse einer Funktionsverlustmutante in *Arabidopsis* zeigt, dass auch dort *WOX13*-Gene an der Regulation von Stammzellidentität beteiligt sind, und veränderte Expression von Komponenten der Cytokininsignalkaskade in Mutanten beider Organismen legt nahe, dass *WOX13* dort in verwandte Prozesse eingebunden ist. Die Identifikation einer konservierten Interaktion von *WOX13*-Proteinen mit Proteinen

der GIF-Familie deutet auf die Existenz eines konservierten regulatorischen Moduls hin, dass in beiden Organismen für die Regulation von Stammzeleigenschaften verwendet wird.

Abstract

WOX (*WUSCHEL*-like homeobox) genes are a plant specific family coding for homeodomain transcription factors that play important roles in a multitude of developmental processes. The most notable members of the family are *WUSCHEL* (*WUS*) and *WOX5*, which regulate stem cell homeostasis in the shoot and root meristems of the thale cress *Arabidopsis thaliana*. The gene family is divided into three phylogenetic branches: the *WUS*-like, *WOX9*-like, and *WOX13*-like genes. While the *WUS*-like genes, which apart from *WUS* and *WOX5* comprise more regulators of specialised stem cell niches, can only be detected in seed plant genomes, *WOX13*-like genes can be traced back to unicellular algae and thus probably represent the ancestors of the gene family. So far, no function has been assigned to *WOX13*-like genes. In this study, both the origin of the stem cell maintaining genes *WUS* and *WOX5* at the base of angiosperms and the function of two *WOX13* genes in the moss *Physcomitrella patens* were examined. By analysis of reporter lines and loss-of-function mutants generated via homologous recombination, it was shown that *PpWOX13* function is not restricted to specialised stem cell niches, but is involved in conveying stem cell properties throughout the organism, as indicated by aberrations in various processes of stem cell establishment. The ubiquitous expression of both genes is in line with the ability of moss to generate stem cells from every differentiated cell of the body. The similarity of single mutant phenotypes and our failure to generate double mutant suggests that *PpWOX13* genes redundantly exert an essential function. Mutant analyses in *Arabidopsis* suggest that *WOX13* genes are also involved in regulating stem cell identity there, and changes in expression of cytokinin signalling genes in mutants of both organisms indicate that the processes in which *WOX13* genes function are related. Finally, identification of a conserved interaction of *WOX13* proteins with proteins of the GIF family suggests the existence of a regulatory module that was recruited for regulation of stem cell fate in both organisms.

