

Molekulare Untersuchungen zur Optimierung der Triebhaltung bei der Weinrebe (*Vitis vinifera* L.)

Die Gene *TAC1* und *LAZY1* kommen weit verbreitet im Pflanzenreich vor und beeinflussen die Pflanzenarchitektur maßgeblich. Der Funktionsverlust von *TAC1* ruft einen aufrechten Wuchs mit schmalen Triebwinkeln hervor und der von *LAZY1* führt zur Ausbildung eines asymmetrischen Wachses. Dies konnte bereits beim Reis, Mais, Pfirsich, Apfel, Raps sowie bei der Tomate gezeigt werden.

Im Fall der Weinrebe ist die Ausbildung einer aufrechten Triebhaltung und einer optimierten Pflanzenarchitektur besonders im Zusammenhang mit der Rebenerziehung und dem arbeitsaufwändigen Schritt des Rebschnittes von großem Vorteil.

Aufgrund dessen sollte über einen Kandidatengenansatz bei dreizehn Referenzsorten und sechs S1-Populationen mit Individuen zugeordneter Triebhaltung untersucht werden, inwiefern die Gene *VviTAC1* und *VviLAZY1* die Ausbildung der Triebhaltung bei der Weinrebe beeinflussen. Dies hatte neben der Bonitur des Pflanzenmaterials die Charakterisierung der Kandidatengene auf DNA-, RNA und Proteinebene zum Ziel.

Die Phänotypisierungen von Weinrebensorten, Sequenzanalysen auf genomischer und cDNA-Ebene, semiquantitative Transkriptanalysen, Komplementationsanalysen mit Überexpressionskonstrukten bei der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* sowie RNA-Silencing-Versuche in der Weinrebe ermöglichten eine erstmalige und umfassende Charakterisierung von *VviTAC1* und *VviLAZY1* bei der Weinrebe.

Ausgehend von weiteren Kandidatengenen sollen zukünftige Untersuchungen eine markergestützte und frühzeitige Selektion von Pflanzenmaterial im züchterischen Vorgang ermöglichen.

Molecular studies for optimizing the shoot attitude in grapevine (*Vitis vinifera* L.)

The genes *TAC1* and *LAZY1* are common plant genes that have a major influence on plant architecture. While a knockout of *TAC1* leads to an erect growth, a knockout of *LAZY1* leads to an asymmetric growth. This already has been shown for rice, maize, peach, apple, rape and tomato.

Especially for grapevine (*Vitis vinifera*) an erect growth type resulting in an optimized plant architecture is an important trait that would save time as well as labor during cultivation.

Therefore, it was the goal to characterize the candidate genes *VviTAC1* and *VviLAZY1* on the molecular level for thirteen different grapevine varieties and six S1-populations with known growth type. To show how these two genes influence the plant architecture phenotyping of plant material as well as investigations on DNA-, RNA- and protein-level were performed.

Phenotyping of plant material for grapevine, sequence analyses for genomic DNA and cDNA, semiquantitative transcript analyses, complementation analyses with overexpression constructs in the model plant *Arabidopsis thaliana*, as well as RNA-silencing experiments in grapevine made it possible to characterize the role of *VviTAC1* and *VviLAZY1* in grapevine for the first time.

For the future, starting from additional candidate genes, the development of molecular markers will be an important goal to speed up breeding programs.