

Analyse des Promotors und der Funktion des MADS-Box Transkriptionsfaktors *ZmMADS2* aus *Zea mays* L.

Daniela N. Schreiber

Abstract. Der MADS-Box Transkriptionsfaktor *ZmMADS2* aus Mais ist an der Regulation der Antheren- und der Pollenreife beteiligt. Bei *ZmMADS2*- "knock-out" Pflanzen ist die Entwicklung der männlichen Blütenstände einen Tag vor der Anthese arretiert, die Pflanzen sind männlich steril. Anhand von transgenen Pflanzen, die ein *ZmMADS2*-GFP Fusionsprotein unter der Kontrolle des *ZmMADS2*-Promotors exprimieren, konnte das Protein in Kernen von Zellen des Endotheciums und des Konnektivs detektiert werden, die den programmierten Zelltod durchlaufen. *ZmMADS2* bildet Homodimere im Hefe Two-Hybrid System. Hiermit ist die Voraussetzung zum Kernimport ohne weiteren Bindungspartner gegeben. Zur Analyse regulatorischer Sequenzen innerhalb des *ZmMADS2*-Promotors wurde zunächst ein Keimungsmedium für Maispollen optimiert und anschließend ein Protokoll zur transienten Transformation entwickelt. Anhand von transienten Transformations-Experimenten in Pollen von Mais und Tabak mit dem *Luciferase*-Reportergen unter der Kontrolle von sieben Deletionen des *ZmMADS2*-Promotors konnten regulatorische Bereiche auf den Sequenzabschnitt zwischen den Positionen -326 bis -210 und -497 bis -419 eingegrenzt werden. *ZmMADS2* repräsentiert den bisher einzigen MADS-Box Transkriptionsfaktor bei Monokotyledonen Pflanzen, für den eine Aktivität während des programmierten Zelltods nachgewiesen werden konnte.