

## Abstract

Vertebrates form metameric structures which result in vertebrae and other repetitive tissues during embryonic development. An intracellular developmental timer and an extracellular signal together give the cue for a gene expression pattern which appears before segments have formed, and which correlates with future positions of segments, called somites. Different models were proposed to describe the prepatterning. Some are based on a single-cell point of view while others describe the dynamics at a tissue level. In most of the previous models, the transition between the oscillation and the stable steady state had to be evoked by an ad hoc event.

In this thesis, published models are treated with numerical bifurcation analysis and a relatively simple two-component system is developed to account for the molecular mechanism giving rise to the slowing of the segmentation clock which was experimentally observed earlier. Here, the transition from periodic to stationary solutions will come about as an intrinsic property of a single-cell model which will also provide a mechanistic understanding of the change of the segmentation clock's frequency. This frequency profile will further be used for rigorous comparison of previous mathematical models, which will be classified according to the underlying mechanism as well.

## Kurzdarstellung

Während der embryonalen Entwicklung von Wirbeltieren bilden sich Segmente heraus, die u.a. Wirbel zur Folge haben. Ein zelleigener Zeitgeber und ein Signal von außerhalb der Zelle ergeben zusammen einen Auslösereiz für ein Muster von Genexpression, das die künftigen Grenzen der Segmente, sogenannten Somiten, definiert. Zur Beschreibung der Entstehung solcher Muster wurden verschiedene Modelle aufgestellt. Einige gehen von autonomen Prozessen in einzelnen Zellen aus, während andere die Entwicklung auf der Ebene von Zellgruppen beschreiben. In den meisten bisher vorgeschlagenen Modellen entsteht der Übergang von Oszillation zu stabilen konstanten Zuständen durch einen speziell eingeführten Mechanismus.

In dieser Diplomarbeit werden die in der Literatur vorgeschlagenen Modelle mittels numerischer Bifurkationsanalyse verglichen. Ein relativ einfaches Zweikomponentensystem wird verfeinert, um dem molekularen Mechanismus Rechnung zu tragen, der die Verlangsamung der Segmentierungsuhr, die bereits in Experimenten beobachtet wurde, bewirkt. Hier wird der Übergang von periodischen zu konstanten Lösungen als eine dem System innewohnende Eigenschaft eines Einzelzellmodells hervortreten und außerdem wird der Ursprung der Veränderung der Frequenz der Segmentierungsuhr beleuchtet. Dieses Frequenzprofil wird darüberhinaus zum rigorosen Vergleich früherer mathematischer Modelle herangezogen. Letztere werden außerdem klassifiziert bezüglich des ihnen zugrundeliegenden Mechanismus.