

Functional characterization of *AtGLP5* and *AtSUC7*, and their role in plant defense and development trade-offs in *Arabidopsis thaliana*

Yan Zhao

Sklerotinia Stängelfäule, die durch den Pilz *Sclerotinia sclerotiorum* verursacht wird, ist eine der Hauptkrankheiten von *B. napus*. Sie kann zu Ertragsverlusten von 10-20 % und auf stark infizierten Feldern bis zu 80 % führen. Bislang ist keine effiziente und effektive Resistenz gegen *S. sclerotiorum* verfügbar. Die Etablierung von *Arabidopsis thaliana* als Modellpflanze zur Untersuchung der Wechselwirkung Pflanze-*S. sclerotiorum* kann unser molekulares Verständnis von Pflanzenkrankheiten und Abwehrreaktionen sowie die Identifizierung von Kandidatengenese beschleunigen. In der vorliegenden Dissertation werden neben der allgemeinen Einführung (Kapitel 1) und der Schlussdiskussion (Kapitel 5) drei Forschungskapitel vorgestellt. **Kapitel 2** trägt den Titel “*AtGLP5*, a germin-like protein of *Arabidopsis thaliana*, is a superoxide dismutase and plays an important role in plant development and innate immune response”. *AtGLP5* ist ein Ortholog von *BnGLP3* in *B. napus* und wird nach einer Infektion mit *S. sclerotiorum* transkriptionell hochreguliert. Transkript-Profiling ergab, dass *AtGLP5* hauptsächlich in den Wurzeln exprimiert und durch verschiedene biotische und abiotische Stressfaktoren aktiviert wird, wie z.B. durch *S. sclerotiorum* und *Pst* DC3000, Salicylsäure, Verwundung und das Besprühen mit flg22. Darüber hinaus besitzt *AtGLP5* die SOD-Aktivität und ist an der Plasmamembran lokalisiert. Außerdem stellt *AtGLP5* einen neuartigen Akteur in der FLS2-vermittelten Pflanzenimmunität dar. Interessanterweise zeigte die Überexpression von *AtGLP5* die Störung des Wurzelwachstum und eine erhöhte Expression mehrerer abwehrrelevanter Gene sowie eine verbesserte Resistenz gegen Pflanzenkrankheiten, die auf ein höheres H₂O₂-Gehalt in Pflanzen zurückzuführen ist, während die Knockout-Mutanten von *AtGLP5* eine erhöhte Anfälligkeit zeigten. **Kapitel 3** beschreibt, dass “Enhancing expression of *AtSUC7* encoding a sucrose symporter confers plant defense against *S. sclerotiorum* and promotes early flowering in *Arabidopsis thaliana*”. Die IRS30-Mutante wurde durch Screening einer Population von *A. thaliana*-Aktivierungsmutanten gewonnen. Die Pflanzen mit IRS30-Mutation zeigten eine erhöhte Krankheitsresistenz, begleitet von einem frühblühenden Phänotyp. Die IRS30-Mutante enthält eine T-DNA-Insertion im letzten Intron von *AtSAG24* auf Chromosom 1, was zu einer hochregulierten Expression eines Saccharose-Symportergens, *AtSUC7*, führt. *AtSUC7* ist ein membranlokalisiertes Protein und wird durch Pathogeninfektion aktiviert. Sowohl mit der IRS30-Mutante als auch mit den transgenen *AtSUC7*-überexprimierenden Pflanzen konnten wir eine duale Rolle von *AtSUC7* bei der Verbesserung der Resistenz gegen Pflanzenkrankheiten und der Beschleunigung der Blütezeit beobachten. Eine verstärkte *AtSUC7*-Expression beeinflusst die Blütezeit möglicherweise durch eine Feinabstimmung der autonomen Signalkaskade, was zur Unterdrückung des negativen Regulators *FLC*, aber zur Aktivierung des positiven Regulators *SOC1* führt. **Kapitel 4** berichtet über “Promoter analysis reveals a comprehensive regulatory mechanism of *AtGLP5* in plant defense response”. Um die Transkriptionsregulation von *AtGLP5* zu untersuchen, führten wir die Analyse des *AtGLP5*-Promotors in transgenen *Arabidopsis* durch, die das *P_{AtGLP5}::GUS*-Konstrukt exprimiert. Wir konnten feststellen, dass die Expression des GUS in den Wurzeln zusammen mit dem Infektionsverlauf von *V. longisporum* herabreguliert war. Die GUS-Aktivität in den Blättern wurde jedoch erst im Spätstadium der *V. longisporum*-Infektion und auch durch direktes Besprühen mit flg22 auf den Blättern nachgewiesen. Die flg22-induzierte GUS-Expression in *Arabidopsis*-Blättern war mit *fls2*-Hintergrund signifikant abgeschwächt, was auf eine direkte Beteiligung von *AtGLP5* am FLS2/flg22-vermittelten Signalweg und an der pflanzlichen Immunität hindeutet. Darüber hin aus, wurden dabei mehrere *cis*-Element-Kandidaten innerhalb einer 240bp-Region des *AtGLP5*-Promotors identifiziert, die für die komplexe Regulierung des Gens verantwortlich sind. Diese Arbeit demonstriert eine Dualfunktion von *AtGLP5* und *AtSUC7* bei der Pflanzenabwehr sowie bei der Pflanzenentwicklung und bietet somit einen vertieften Einblick in ihre Rolle beim Kompromiss-Mechanismus zwischen Wachstum/Entwicklung und Abwehrreaktion von Pflanzen.