

Investigation on the role of NAC transcription factors targeted by miR164 in regulating plant-*Verticillium longisporum* interaction

Das übergeordnete Ziel dieser Arbeit ist, die Interaktion von microRNA (miRNA) und ihren Zielgenen in Raps/*Arabidopsis* bei *Verticillium longisporum* Infektionen zu untersuchen. *V. longisporum* ist ein bodenbürtiger phytopathogener Pilz, der die Verticillium-Welke in Brassica Kulturen hervorruft. Bei einer *Verticillium*-Infektion werden verschiedene miRNAs unterschiedlich exprimiert. miRNAs umfassen eine Klasse von kleinen nicht-kodierenden RNAs (21-24 Nukleotide), die als Regulatoren von Entwicklungs- und Abwehrprozessen der Pflanze durch Spaltung und/oder Translationshemmung der Ziel-mRNA dienen. miR164 ist eine der vielen miRNAs, die bei *Verticillium*-Infektionen in den Wurzeln von *B. napus* und *A. thaliana* herunterreguliert werden. NAC (NAM, ATAF, CUC) Transkriptionsfaktoren (TFs), die die größte Familie von Transkriptionsfaktoren in Pflanzen bilden und an der Pflanzenentwicklung und Regulation von biotisch/abiotischem Stress beteiligt sind, wurden als Zielgene von miR164 identifiziert und validiert. Durch die Unterdrückung der Expression von miR164 kann der Pilz die Regulierung seiner Ziel-NAC-TFs beeinflussen. Drei NACs, *NAC1*, *At3g12977* und *NAC100*, sind für diese Studie von Interesse, da alle drei zusammen mit miR164 durch die *V. longisporum*-Infektion bei *B. napus* und *A. thaliana* differentiell exprimiert werden. Interessanterweise wird unter den drei NACs nur die Expression von *AthNAC100/BnNAC100* gegenläufig zu *Ath-miR164/Bn-miR164* geregelt. Alle drei NACs sind funktionelle TFs, die im Zellkern der Pflanzenzelle lokalisiert sind und an der Regulierung der Wurzelentwicklung und des Pflanzenwachstums beteiligt sind. Die *in vivo*-Infektionsexperimente mit den miR164, *NAC1*, *At3g12977* und *NAC100* überexprimierenden und Knock-out *Arabidopsis*pflanzen führen zu der Arbeitshypothese, dass *NAC100* als negative Regulator von Pflanzenabwehrreaktionen fungieren kann, indem er phytohormonelle Signalwege unterschiedlich reguliert, was zu einer erfolgreichen Kolonisierung des Erregers führt. Andererseits scheinen *NAC1* und *At3g12977* positiv Regulatoren von Pflanzenabwehrreaktionen zu sein, indem sie zur Produktion von Adventivwurzeln beitragen und phytohormonelle Signalwege regulieren. *NAC1* und *At3g12977* sind validierte Ziele von miR164, jedoch sind bei Pilzbefall beide NACs zusammen mit miR164 herunterreguliert. Wir gehen davon aus, dass der Pilz, um eine erfolgreiche Kolonisation zu erreichen, möglicherweise die Expression von *NAC1* und *At3g12977* direkt unterdrückt, indem diese über deren Promotoren beeinflusst und *NAC100* posttranskriptionell über die reduzierte miR164-Unterdrückung hochreguliert.