

ZUSAMMENFASSUNG

Pflanzen sind ortsgebundene Lebewesen und dadurch auf eine komplexe Interaktion mit ihrer Umwelt angewiesen. Zu diesen Interaktionen gehört auch die Symbiose mit terrestrischen Mikroorganismen. Die arbuskuläre Mykorrhiza (AM) stellt dabei die am weitesten verbreitete Art der Wurzel-Endosymbiose zwischen Pflanzen und Pilzen der Gattung Glomeromycota dar. Die Ausbildung des Symbiosoms, an dem der beidseitige Austausch von Nährstoffen und Stoffwechselprodukten stattfindet, sorgt für eine verbesserte Aufnahme von Wasser und Mineralstoffen wie Phosphor. Die Aufnahme von Phosphor in Form von Orthophosphat (Pi) in die Pflanze wird am Symbiosom durch Proteine der Pht1 Familie vermittelt.

Obwohl bislang zahlreiche pflanzliche Vertreter der Pht1 Familie, die durch Mykorrhiza induziert werden können, untersucht wurden, ist über die transkriptionelle Regulation der codierenden Gene bisher nur wenig bekannt.

In vorausgegangenen Studien wurden putative regulatorische Elemente innerhalb des Promotors des AM-induzierbaren Gens *StPT3*, welches einen Pht1 Transporter in Kartoffeln codiert, identifiziert. Durch nachfolgende Untersuchungen an *StPT3*-Promotor-Deletionsmutanten und phylogenetische Footprintanalysen an einer Vielzahl von mykorrhizainduzierten Phosphattransporter-Genen wurde eine regulatorische Funktion des 8 bp langen cis-Elements *CTTC* angenommen.

In der vorliegenden Arbeit konnte gezeigt werden, dass das *CTTC* Element für die AM- und für die Phosphat-regulierte Transkriptionsantwort in *Solanum tuberosum* und *Lotus japonicus* nicht nur notwendig, sondern auch ausreichend ist. Des Weiteren wurden zwei putative Transkriptionsfaktoren (TF) der AP2/ERF und der GRAS Familie in Kartoffeln identifiziert, deren spezifische Bindung an das *CTTC* Element in einem Hefesystem nachgewiesen werden konnte. Untersuchungen zur Lokalisation der beiden Proteine in Wurzeln zeigte, dass AP2/ERF ausschließlich im Kern, GRAS dagegen ausschließlich zytoplasmatisch vorliegt. Beide Transkriptionsfaktoren werden in Blättern und in Wurzeln exprimiert. Hierbei war die Expression auf RNA Ebene der GRAS Transkriptionsfaktoren durch eine Kolonisation mit AM signifikant erhöht, nach Zugabe von Phosphat dagegen reprimiert. Für die Transkriptionsfaktoren der AP2/ERF Familie ergab sich die entsprechend entgegengesetzte Regulation der Transkription, was eine komplementäre Rolle beider Transkriptionsfaktoren in der AM- und Phosphat-regulierten Transkriptionsantwort nahelegt.

Bei den meisten der bisher untersuchten AM-induzierten Mitglieder der Pht1 Familie konnte in enger räumlicher Nähe zum *CTTC* Element das *PIBS* Element der Phosphatmangelantwort gefunden werden. Unter der Annahme, dass *PIBS* gemeinsam mit *CTTC* an der transkriptionellen Aktivierung der Mykorrhiza-Gene unter niedrigen Phosphatkonzentrationen beteiligt ist, wurde das Lotus Genom auf diese Kombination aus *CTTC* und *PIBS*-Element hin durchsucht, um weitere potentielle Gene zu identifizieren, die einen Einfluss auf die Mykorrhiza-Symbiose haben könnten. Durch quantitative Real-Time PCR und Lasermikrodissektions-Experimente konnten wir das kodierende Gen eines am vesikulären Transport beteiligten SNARE-Proteins (*VTI12*) identifizieren. Nach Kolonisation konnten eine erhöhte Transkription und eine Expression in kolonisierte Zellen gezeigt werden. Die Lokalisation von *VTI12* war auf das ER, den Golgi-Apparat und auf kleine, punktuelle Strukturen innerhalb des Zytoplasmas begrenzt. Die Untersuchung einer durch RNAi erzeugten *vti12* Mutante ergab einen Mykorrhiza-Phänotypen auf Ebene der Arbuskelmorphologie. Die erzielten Ergebnisse lassen somit den Schluss zu, dass der durch *VTI12* vermittelte vesikuläre Transport für die arbuskuläre Mykorrhiza-Symbiose in Lotus eine wichtige Rolle spielt.