

Zusammenfassung

Wurzelhaar-Musterbildung in *Arabidopsis thaliana* (*A. thaliana*) ist positionsabhängig und wird als Modellsystem zum Verständnis des Mechanismus genutzt, der der Bestimmung des Zellschicksals zugrunde liegt. Diese Arbeit trägt dazu bei, die molekularen Ursachen des Wechsels der Wurzelhaar-Musterbildung in *A. thaliana* unter Phosphatmangel-Bedingungen (P_i^-) zu verstehen. Dieser Arbeit identifiziert *WRKY75* als ein neues Mitglied der Wurzelhaar-Musterbildungs-Maschinerie. Verglichen mit dem Wildtyp bildete die *wrky75* Mutante ektopische Wurzelhaare, wohingegen die $P_{35S}:WRKY75$ (Col-0) Überexpressions-Linie weniger Wurzelhaare produzierte. Ich zeige, dass *WRKY75* in verschiedenen Gewebeschichten in der Wurzel exprimiert und lokalisiert ist. Weiterhin wurde die Funktion von *WRKY75* charakterisiert indem gezeigt wurde, dass *WRKY75* an *CPC*- und *TRY*-Promotoren binden kann. Die Transkriptlevel von *CPC* und *TRY* im Vergleich zum Wildtyp sind im *wrky75* Hintergrund erhöht, während sie im $P_{35S}:WRKY75$ (Col-0) Hintergrund abnehmen. *GL2*-Transkriptlevel nehmen in der Mutante ab und nehmen in der Überexpressionslinie zu. Außerdem verifizierten GUS-Experimente, dass *WRKY75* die Expression von *CPC* und *TRY* reguliert. Diese Ergebnisse implizieren, dass *WRKY75* ein negativer Regulator von *CPC* und *TRY* ist. In dieser Arbeit wird ebenfalls die Funktion eines bereits charakterisierten Gens, *ETC1*, unter Phosphatmangel-Bedingungen analysiert. Unter normalen Bedingungen ist *ETC1* in epidermalen Zellen exprimiert. Diese Arbeit zeigt, dass *ETC1* unter Phosphatmangel-Bedingungen in sub-epidermalen Zellen exprimiert wird. Serielle Promoter-Deletionen bestätigten diese Ergebnisse weiterhin und heben wichtige regulatorische cis-Elemente für weitere Analysen hervor. Um zusätzlich neue Kandidaten-Gene für die Wurzelhaar-Musterbildung zu identifizieren, wurde eine genomweiten Assoziationsstudie durchgeführt.

Zusammengefasst zeigt diese Arbeit, dass *WRKY75*, *ETC1* und Phosphatlevel an der Regulation der Wurzelhaar-Musterbildungs-Maschinerie in *A. thaliana* beteiligt sind und schlägt Kandidaten-Gene für nachfolgende Analysen vor.

Abstract

Root hair patterning in *Arabidopsis thaliana* (*A. thaliana*) is position dependent and is used as a model system for understanding the mechanisms that underlie cell fate determination. This study contributes to the understanding of the molecular drivers behind the changes in *A. thaliana* root hair patterning under phosphate starvation conditions (Pi⁻). This study identifies *WRKY75* as a new member of the root hair patterning machinery. The *wrky75* mutant forms ectopic root hairs and the P_{35S}:*WRKY75* (Col-0) over-expression lines produce less root hairs as compared to the wild type (wt). I show that *WRKY75* is expressed and localized in different tissue layers in the root. Further the function of *WRKY75* is characterized by showing that *WRKY75* can bind to *CPC* and *TRY* promoters. The transcript levels of *CPC* and *TRY* increase in *wrky75* background while they decrease in P_{35S}:*WRKY75* background as compared to the wt. The *GL2* transcript levels decrease in the mutant and increase in the over-expression lines. Moreover, GUS experiments verify that *WRKY75* regulates *CPC* and *TRY* expression. These results imply that *WRKY75* is a negative regulator of *CPC* and *TRY* in the root. Also this study analyzes the function of an already characterized gene, *ETC1* under phosphate starvation conditions. Under normal conditions *ETC1* is expressed in the epidermal cells. This study shows that it is expressed in the sub-epidermal cells under Pi⁻ conditions. Promoter serial deletion analyses further confirm these results and highlight important regulatory cis elements for future analysis. Additionally, a genome wide association mapping study is conducted to identify new candidate genes in root hair patterning. In short, this study shows that *WRKY75*, *ETC1* and phosphate levels participate in regulating the root hair patterning machinery in *A. thaliana* and suggests candidate genes for subsequent analysis.