

Genetic and Biochemical Investigation of Light Signaling Components in *Arabidopsis thaliana*

Abstract

Light is not only a source of energy for photosynthesis but also a critical environmental cue that affects plant development. Plants have evolved photoreceptors and sophisticated networks including the COP1/SPA complex to perceive and respond to the ambient light. The COP1/SPA complex, which is suggested to be composed of two COP1 and two SPA proteins, is a key suppressor in light signalling in dark-grown *Arabidopsis* as it ubiquitinates activators of light response such as transcription factors HY5, HFR1 and CO, thereby targeting them for degradation in darkness. SPA1, among the four SPA proteins in *Arabidopsis*, has the most prominent function in light signalling. SPA1 interacts with COP1 via the coiled-coil domain, while it interacts with the downstream transcription factors via its WD repeat domain. However, the function of the N-terminal kinase-like domain of SPA1 is not understood. In this study I investigated the functionality of full-length SPA1 protein (FL SPA1-HA) as well as a SPA1 protein lacking the whole N-terminus (Δ N SPA1-HA) or the kinase like motif within the N-terminal domain (Δ Kin SPA1-HA) in a *spa* quadruple null allele mutant (*spa-ng*) background. Analysis on the T3 homozygous transgenic plants revealed that the whole SPA1 N-terminus is essential for maintaining seedling skotomorphogenesis and flowering time regulation as well as SPA1 destabilization while the kinase-like motif has little role in these processes.

Zusammenfassung

Licht ist nicht nur die Energiequelle der Photosynthese, sondern auch ein wichtiger Umweltfaktor, der die Entwicklung der Pflanzen beeinflusst. Pflanzen haben Photorezeptoren und ausgeklügelte Signaltransduktions-Netzwerke einschließlich des COP1/SPA-Komplexes entwickelt, um ihre Lichtumgebung wahrzunehmen und auf sie zu reagieren. Der COP1/SPA-Komplex, welcher mutmaßlich aus zwei COP1- und zwei SPA-Proteinen zusammengesetzt ist, ist ein zentraler Repressor der Lichtantwort in im Dunkeln gewachsenen *Arabidopsis*-Keimlingen. Er ubiquitiniert positive Faktoren der Lichtantwort wie z. B. die Transkriptionsfaktoren HY5, HFR1 und CO und markiert damit diese für ihren Abbau. Unter den vier SPA-Proteinen von *Arabidopsis* nimmt SPA1 die wichtigste Funktion in der Lichtsignaltransduktion ein. SPA1 interagiert mit COP1 über seine Coiled-coil-Domäne, während seine Interaktion mit den von ihm regulierten Transkriptionsfaktoren über die WD-repeat-Domäne erfolgt. Die Funktion der N-terminalen kinaseähnlichen Domäne von SPA1 ist allerdings noch weitgehend unbekannt. In der vorliegenden Studie habe ich die Funktionalität von Vollängen-SPA1-Protein (FL SPA1-HA) sowie SPA1-Proteinen, denen entweder der vollständige N-Terminus (ΔN SPA1-HA) oder das kinaseähnliche Motiv innerhalb des N-Terminus (ΔKin SPA1-HA) fehlte, in einem *spa*-Quadrupel-Nullmutanten-Hintergrund (*spa-nq*) untersucht. Analysen der homozygoten transgenen T3-Pflanzen offenbarten, dass der gesamte N-Terminus für die Aufrechterhaltung der Skotomorphogenese im Keimling, für die Regulation des Blütezeitpunkts und für die lichtabhängige SPA1-Destabilisierung essentiell ist. Das kinaseähnliche Motiv spielt hier kaum eine Rolle.