

ZUSAMMENFASSUNG

Pflanzen öffnen Stomata, um den für die Photosynthese erforderlichen Gasaustausch zu erleichtern. Zugleich werden offene Stomata von mikrobiellen Pathogenen genutzt, um in Pflanzen einzudringen. Um den Eintritt von Krankheitserregern zu verhindern schließen Pflanzen ihre Stomata, sobald sie konservierte mikrobielle Moleküle, sogenannte „microbe-associated molecular patterns“ (MAMPs), detektieren. Das bakterielle Pflanzen-Pathogen *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000 (*Pto*) produziert Coronatin (COR), ein strukturelles Analog von bioaktivem Jasmonat (JA), um das Schließen der Stomata nach der Detektion von MAMPs zu inhibieren und so eine erfolgreiche Infektion zu sichern. Allerdings ist der molekulare Mechanismus, durch den COR das Schließen der Stomata inhibiert nicht vollständig verstanden. In dieser Arbeit habe ich gezeigt, dass die *Pto* Invasion via Stomata *CYP707A1* erfordert, ein Gen, welches ein Enzym für den Abscisinsäure (ABA)-Abbau kodiert und vorwiegend in Schließzellen der Modell Pflanze *Arabidopsis thaliana* exprimiert wird. *Pto* induzierte die *CYP707A1*-Expression in Abhängigkeit von COR und COI1, einem Gen welches den JA-Rezeptor kodiert. MYC2 ein Haupttranskriptionsregulator von JA, war für die Induktion von *CYP707A1* erforderlich. *CYP707A1* war essentiell für die COR vermittelte Inhibition der Stomata Schließung, welche durch das MAMP flg22, ABA und Salizylsäure ausgelöst wurde. Darüber hinaus benötigte *Pto* *CYP707A1*, um Stomata wieder zu öffnen und über die Stomata in die Blätter einzudringen. Diese Resultate deuten darauf hin, dass *Pto* den JA-COI1-MYC2-CYP707A1 Signaltransduktionsweg ausnutzt, um *A. thaliana* durch die Stomata zu infizieren. Interessanterweise zeigte eine vergleichende Analyse von Brassicaceae Arten, dass COR den Stomata Verschluss hemmt und *Pto* die Stomata von *Arabidopsis lyrata* und *Cardamine hirsuta* wieder öffnet, nicht jedoch die von *Capsella rubella* und *Eutrema salsugineum*, obwohl *CYP707A1* in diesen Brassicaceae Arten konserviert ist. Die phylogenetische Beziehung der getesteten Brassicaceae Arten korrelierte nicht mit der Wirkung von COR auf die Schließung der Stomata: z.B. ist *A. thaliana* enger mit *C. rubella* verwandt als *C. hirsuta*, was impliziert, dass *C. rubella* und *E. salsugineum* unabhängig voneinander die Funktion des JA-CYP707A1 Signaltransduktionswegs verloren haben. Dieser Verlust könnte Pflanzen einen Vorteil gegen diese Ausbeutung durch *Pto* verschaffen. In der Tat war *Pto* nicht in der Lage Blätter von *A. thaliana cyp707a1*, *C. rubella* und *E. salsugineum* zu infizieren, im Gegensatz zur erfolgreichen Infektion von *A. thaliana*, *A. lyrata* und *C. hirsuta* Blättern. Folglich sind *C. rubella* und *E. salsugineum* im Gegensatz zu den übrigen getesteten Brassicaceae resistent gegen eine COR-vermittelte *Pto* Invasion über die Stomata. Bemerkenswerterweise fand ich heraus, dass *A. thaliana*, *A. lyrata* und *C. hirsuta*, bei denen COR eine Öffnung der Stomata vermittelt, die Stomata am Morgen, innerhalb einer Stunde nach dem Anschalten des

Lichts, vollständig öffnen. Das rasche Öffnen der Stomata am Morgen, korrelierte mit einer raschen Expression von *CYP707A1* in *A. thaliana*. Im Gegensatz dazu zeigten *C. rubella*, *E. salicigineum*, so wie JA und *cyp707a1* Mutanten von *A. thaliana*, in welchen die COR-vermittelte Öffnung der Stomata ausbleibt, am Morgen eine verzögerte Öffnung der Stomata. Zusammengefasst ergibt sich das Bild eines evolutionären Tradeoffs in der Regulation der Stomata Öffnung: Der JA-vermittelte ABA-Katabolismus über *CYP707A1* ermöglicht Pflanzen morgens schnell ihre Stomata zu öffnen, was wahrscheinlich zur Photosynthese und zum Pflanzenwachstum beiträgt, allerdings dazu führt dass dieser Mechanismus von Krankheitserregern für eine erfolgreiche Infektion ausgenutzt werden kann. In Anbetracht der Tatsache, dass unterschiedlichste Pathogene, welche Blätter infizieren, die JA-Signaltransduktion durch verschiedene Mechanismen aktivieren können, ist anzunehmen, dass der JA-*CYP707A1* Signaltransduktionsweg unter evolutionärer Selektion steht, welcher aus einem Pathogendruck resultieren.