

Käesoleva töö eesmärk oli uurida AtRLI2 nukleotiidi siduvate domäänide (NBD) rolli RNA vaigistamise supressioonis. Selleks konstrueeriti AtRLI2 mutandid M530, WA1M, WA2M ja WA1/2M, mis sisaldasid punktmutatsioone NBD-is, mis varemaste tööde alusel võiksid olla olulised AtRLI2 funktsiooniks. Agrobakteri infiltratsiooni meetodil uuriti, kuidas mutantsed valgud supresseerivad GFP RNA vaigistamist lokaalsel ja süsteemsel tasemel. Selleks infiltreeriti *N. benthamiana* 16c liini taimi vastavate konstruktid sisaldavate agrobakteriga koos GFP vaigistamise induktoriga. Neli päeva peale infiltratsiooni eraldati totaalne RNA, millele tehti siRNA GFP *Northern blot* analüüs.

Analüüs näitas, et kõikide mutantide korral oli 21/22 nt siRNA-de akumulatsiooni tase kõrgem kui AtRLI2 puhul ja madalam kui pBin61 puhul. Kuna lokaalses vaigistamises mängivad põhirolli 21 nt siRNA-d, siis järelikult kõik töös analüüsitud mutatsioonid vähendavad AtRLI2 võimet supresseerida GFP RNA vaigistamist lokaalsel tasemel. Ka 24 nt siRNA-de tase oli mutantide puhul kõrgem, kui AtRLI2 metsiktüübi korral, välja arvatud M530-ga infiltreeritud kudedes, kus 24 nt siRNA-de tase sarnanes AtRLI2 omaga.

Järgmiseks analüüsiti mutantide võimet supresseerida RNA vaigistamist süsteemsel tasemel. Selleks infiltreeriti *N. benthamiana* 16c liini taimi M530, WA1M, WA2M ja WA1/2M konstruktitega. GFP süsteemse vaigistamise levikut jälgiti 3 nädala jooksul ja taimi pildistati 21 päeva pärast infiltratsiooni. Süsteemse vaigistamise signaali levikut mööda floemi hinnati taimede arvu järgi, milles oli GFP vaigistamine tuvastatav ülemises lehes ning süsteemse vaigistamise leviku ulatust hinnati neljas ülemises süsteemses lehes vaigistatud ala ulatuse järgi.

Süsteemse vaigistamise ulatuse analüüsi tulemused olid väga varieeruvad ja statistiliselt ebaolulised. Süsteemse vaigistamise mööda floemi leviku analüüs näitas aga, et mutant WA1M on ainus, mis vähendab statistiliselt olulisel määral AtRLI2 võimet süsteemsel tasemel GFP vaigistamist supresseerida (P-väärtus = 0.0399).

Edaspidi on soovitatav teostada kõigi uuritud mutantidega korduskatseid nii lokaalsel kui ka süsteemsel tasemel. Lisaks tuleks analüüsida ka WB motiivide ja H-aasade mutatsioonide mõju RNA vaigistamise supressioonile.