

hergestellt und via Sprühapplikation auf die Pflanze aufgebracht. In früheren Studien unserer Arbeitsgruppe konnten wir bereits für beide Strategien zeigen, dass eine 791 nt lange dsRNA (CYP3RNA), welche komplementär zu den drei pilzlichen CYP51 Genen der Ergosterolbiosynthese von *Fusarium graminearum* (*Fg*) ist, zu einer Resistenz von *Arabidopsis thaliana* (im HIGS System) und Gerste (im SIGS System) gegenüber *Fg* führen.

Aktuell fokussieren wir uns besonders auf den Transport der RNA zwischen beiden Spezies. Hierfür haben wir pflanzliche extrazelluläre Vesikel (EV) von CYP3RNA-exprimierenden *Arabidopsis* Pflanzen isoliert und deren Inhalt via RNA Inhalt sequenzieren lassen. Hierbei konnten wir sowohl in den EV als auch in der ko-isolierten apoplastischen Flüssigkeit siRNAs der CYP3RNA detektieren. Diese waren 21 oder 22 nt lang und begannen präferenziell mit Adenin oder Uracil am 3' Ende. EV werden unter Beteiligung des ESCRT-III Komplex (endosomal sorting complex required for transport) gebildet. Entsprechend haben wir CYP3RNA exprimierende ESCRT-III Mutanten auf ihre Resistenz getestet sowie EV isoliert und deren Inhalt analysiert. Alle getesteten Mutanten waren trotz Resistenzgen anfällig gegenüber *Fg* und bildeten teilweise keine Vesikel mehr aus. Unabhängig der Fähigkeit Vesikel zu bilden, konnten keine siRNAs der CYP3RNA in der apoplastischen Flüssigkeit oder den EV der ESCRT Mutanten gefunden werden, sodass die korrekte Beladung und Bildung von EV essentiell für die Resistenz gegenüber *Fg* erscheinen.

### **35-3 - *Arabidopsis thaliana* Codon-Nutzung unterscheidet sich von anderen codierenden Regionen in Zielregionen von endogenen miRNAs und von *Hyaloperonospora arabidopsidis* stammenden kleinen RNAs bezüglich stärkerer und schwächerer Complementarität zu den entsprechenden miRNAs und sRNAs**

*Arabidopsis thaliana* codon usage diverts from other coding regions in target regions of endogenous miRNAs and *Hyaloperonospora arabidopsidis* derived small RNAs to have both stronger and weaker complementarities to the respective miRNA or sRNA

**Bernhard Timo Werner, Karl-Heinz Kogel**

Institut für Phytopathologie, Interdisziplinäres Forschungszentrum, Justus-Liebig-Universität, Gießen, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen

While the standard genetic code is used nearly universally among eukaryotic organisms, the relative synonymous codon usage (RSCU) differs greatly. Here we analysed the codon usage of *Arabidopsis thaliana* (*Ath*) in regions predicted to be targeted by either endogenous micro RNAs (miRNAs) or *Hyaloperonospora arabidopsidis* (*Hpa*) small RNAs (sRNAs). This was done under the assumptions that a. the amino acid sequence of each gene is conserved and b. the RSCU is consistent over all genes. We present here a probability-based index, the RSCU adaptation in RNA interference (RNAi) targeted regions index (RART index). This index gives the probability of the codon in a predicted sRNA target region under assumption (a) and (b) to have the same or stronger complementarity with the respective sRNA normalized against the median probability of three random sets of sRNAs of the same size and following the same base compositions as the actual sRNA set. These random sets account for the bias introduced by the target prediction algorithm. Here we show that the RART index for *Ath* miRNAs and for *Hpa* derived sRNAs is significantly different to the respective random sRNA sets, while the same methodology with a set of *Gorilla gorilla* (*Ggo*) miRNAs does not show a significant difference to the respective random sets in regards to its RART index.

Literatur

ALVAREZ, J. M., R. SRINIVASAN, 2005: Evaluation of hairy nightshade as an inoculum source for aphid-mediated transmission of potato leafroll virus. J. Econ. Entomol. **98** (4), 1101-1108.