

Zadanie 78 Charakterystyka markerów molekularnych, sprzężonych z odpornością na wielkopąkowca porzeczkowego (*Cecidophyopsis ribis*)

W roku 2018 badania realizowano w ramach 3 tematów badawczych:

Temat badawczy 1: Przygotowanie materiału roślinnego do badań molekularnych i ocena fenotypowa roślin w warunkach presji szkodnika

Celem tematu była ocena fenotypowa stopnia porażenia 500 roślin z kolekcji IO i 149 mieszańców populacji 'Ceres' x 'Bona' w warunkach presji szkodnika. Ocenę fenotypową zasiedlenia pąków testowanych genotypów przez wielkopąkowca porzeczkowego przeprowadzono w dwóch terminach (marzec/ listopad). Ostatecznie, w populacji 'Ceres' x 'Bona', symptomy porażenia obserwowano na 57% badanych siewek. Ocena zasiedlenia pąków przez wielkopąkowca genotypów z kolekcji wykazała charakterystyczne objawy zasiedlenia pąków przez *C. ribis*. na 74% odmian porzeczeki czarnej.

Temat badawczy 2: Analiza regionów genomu sprzężonych z odpornością porzeczeki czarnej (*Ribes nigrum*) na wielkopąkowca porzeczkowego (*Cecidophyopsis ribis*)

Celem tematu była ocena stopnia polimorfizmu w grupach sprzężeń obejmujących regiony Ce i P oraz zagęszczanie kolejnych grup sprzężeń mapy genetycznej odmian 'Ceres' x 'Bona'. Do oceny polimorfizmu w grupach sprzężeń obejmujących regiony Ce i P dwunastu genotypów *Ribes* (kolekcja IO), zróżnicowanych pod względem odporności na *C. ribis*, wykorzystano metodę CAPS-PCR z czterema enzymami restrykcyjnymi (*HpaII*, *PflFI*, *DpnII* i *HpyCH4IV*) oraz metodę sekwencjonowania matryc DNA (100 fragmentów DNA). Do konstrukcji szkieletu mapy wybrano 20 markerów SSR (2017 i 2018r.) zlokalizowanych na mapach referencyjnych rodzaju *Ribes*. Zintegrowaną mapę genetyczną sporządzono w oparciu o wyniki segregacji 177 zidentyfikowanych alleli mikrosatelitarnych. Uzyskany w 2018 roku szkielet mapy wzbogacony został o 62 allele i obecnie zawiera 11 grup sprzężeń, stanowiących fragmenty siedmiu chromosomów (I –VII) o łącznej długości 537 cM. Analiza porównawcza uzyskanych grup sprzężeń z ich odpowiednikami na mapach referencyjnych, opublikowanych dla innych przedstawicieli rodzaju *Ribes*, wykazała 63% homologię. Jednocześnie zaobserwowano, że *loci* oraz kolejność zidentyfikowanych alleli wprowadzonych na mapę markerów SSR nieznacznie różniły się w porównaniu do *loci* tych samych markerów zlokalizowanych na mapach referencyjnych.

Temat badawczy 3: Wytypowanie sekwencji markerowych i weryfikacja ich przydatności do selekcji genotypów odpornych i podatnych

Celem tematu była weryfikacja 10 wytypowanych sekwencji markerowych pod kątem ich przydatności do selekcji genotypów odpornych i podatnych na wielkopąkowca porzeczkowego. Wykorzystując w reakcji PCR pary starterów właściwych dla (potencjalnych) markerów SCAR stwierdzono obecność oczekiwanych produktów amplifikacji zarówno w przypadku genotypów odpornych, jak i wrażliwych na *C. ribis*. Na obecnym etapie badań, żadna spośród 10 sekwencji markerowych, nie umożliwiła zróżnicowania genotypów odpornych i wrażliwych na wielkopąkowca porzeczkowego. Weryfikacja kolejnych markerów, które udało się dotychczas zaprojektować, zgodnie z harmonogramem realizacji projektu będzie kontynuowana.