

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

W roku 2019 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). W populacji 'Ceres' x 'Bona', symptomy porażenia obserwowano na 59,1% badanych siewek. Ocena zasiedlenia pąków przez wielkopąkowca genotypów z kolekcji wykazała charakterystyczne objawy zasiedlenia pąków przez *C. ribis*. na 74% odmian porzeczki czarnej.

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

Celem tematu była ocena stopnia polimorfizmu w grupach sprzężeń obejmujących regiony Ce i P, zagęszczanie kolejnych grup sprzężeń mapy genetycznej odmian 'Ceres' x 'Bona' oraz określenie korelacji genotypowo-fenotypowych w celu identyfikacji fragmentów DNA regulujących cechę odporności na *C. ribis*.

Ocenę polimorfizmu w grupach sprzężeń obejmujących regiony Ce i P dwunastu genotypów *Ribes* (kolekcja IO), zróżnicowanych pod względem odporności na *C. ribis*, przeprowadzono wykorzystując metodę CAPS-PCR z czterema enzymami restrykcyjnymi oraz metodę sekwencjonowania matryc DNA (100 fragmentów DNA). Do konstrukcji szkieletu mapy wytypowano 30 markerów SSR (2017-2019r.) zlokalizowanych na mapach referencyjnych rodzaju *Ribes*. Zintegrowaną mapę genetyczną sporządzono w oparciu o wyniki segregacji 229 zidentyfikowanych alleli mikrosatelitarnych. W 2019 roku mapa genetyczna genomu porzeczki czarnej wzbogacona została o 52 allele. Mapa genetyczna genomu odmiany 'Ceres' zawiera 76 loci rozlokowanych w obrębie 15 grup sprzężeń, homologicznych do chromosomów I, II, III, IV, V, VI i VII genomu porzeczki czarnej, o łącznej długości 476 cM. Natomiast na sporządzonej mapie genomu odmiany 'Bona' zlokalizowano 69 alleli markerów SSR sprzężonych w 16 grupach wykazujących homologię z opublikowanymi dotychczas mapami referencyjnymi porzeczki czarnej (*Ribes nigrum*) w obrębie LG1, LG2, LG3, LG4, LG5, LG6 i LG7, o łącznej długości 527cM. 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. Ocenę stopnia korelacji genotypowo-fenotypowych pomiędzy cechą odporności na wielkopąkowca porzeczkowego, a położeniem markerów SSR na sporządzonej w latach 2017-2019 mapie genetycznej populacji 'Ceres' x 'Bona' przeprowadzono przy użyciu programu MapQTL 6.0. Najsilniejszą współzależność ($K^*=30,944$) pomiędzy cechą odporności na wielkopąkowca a analizowanymi markerami odnotowano w LG4 regionie genomu odmiany 'Bona', natomiast w przypadku odmiany 'Ceres' najsilniejszą współzależność ($K^*=18,613$) stwierdzono dla LG1.

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 z 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.