

ZADANIE 44

Opracowanie markerów molekularnych dla odporności roślin porzeczki czarnej (*Ribes nigrum* L.) na ważne patogeny i szkodnika

DOFINANSOWANIE - 170 000 zł/rok

CAŁKOWITA WARTOŚĆ INWESTYCJI - 850 000 zł na lata 2021-2025

CEL PROJEKTU

Celem badań będzie ocena zróżnicowania genetycznego grzyba *Cronartium ribicola*, sprawcy rdzy wejmutkowo-porzeczkowej, ocena polowej podatności na tę chorobę wybranych genotypów w warunkach naturalnej infekcji i po sztucznym zakażeniu zarodnikami tego patogena, poszukiwanie markerów molekularnych sprzężonych z genami odporności roślin na *C. ribicola*, testowanie roślin wybranych genotypów porzeczki czarnej na obecność wirusa rewersji porzeczki czarnej (*Blackcurrant reversion virus*, RBV) oraz innych wirusów: *Blackcurrant leaf chlorosis virus*, BCIV i *Blackcurrant virus A*, BCVA, a także ocena fenotypowa stopnia zasiedlenia wybranych genotypów porzeczki czarnej przez wielkopąkowca porzeczkowego (*Cecidophyopsis ribis*).

REALIZOWANE ZADANIA

W pierwszym etapie badań dążyć się będzie do uzyskania informacji na temat genetyki populacji i epidemiologii *Cronartium ribicola*, sprawcy groźnej dwudomowej choroby grzybowej – rdzy wejmutkowo-porzeczkowej (WPBR). Następnie będzie analizowane zróżnicowanie genetyczne 30 populacji tego patogena wybraną techniką fingerprinting DNA. Uzyskane produkty PCR zostaną poddane analizie wielkości (obliczone wartości będą analizowane z wykorzystaniem programów do genetyki populacyjnej) w celu scharakteryzowania i porównania badanych populacji pod kątem ogólnego pokrewieństwa, indeksu zmienności i częstości występowania alleli oraz ogólnej struktury genetycznej na podstawie analizowanych loci. Wykonane będą badania nad oceną stopnia podatności na rdzę wejmutkowo-porzeczkową wybranych genotypów w warunkach naturalnej infekcji patogena i sztucznej inokulacji roślin porzeczki czarnej zarodnikami grzyba *C. ribicola* w warunkach szklarniowych. Kolejne badania dotyczyć będą opracowania markerów molekularnych sprzężonych z genami odporności roślin porzeczki czarnej na *C. ribicola*. Analiza zostanie przeprowadzona techniką PCR z wykorzystaniem markerów RAPD i SSR. Prowadzić się będzie także testy na obecność wirusa rewersji porzeczki czarnej (*Blackcurrant reversion virus*, RBV) oraz na *Blackcurrant leaf chlorosis virus*, BCIV związanego z chlorozą porzeczki czarnej i *Blackcurrant virus A*, BCVA, powodującego deformację liści. W badaniach tych stosowana będzie technika odwrotnej transkrypcji – łańcuchowej reakcji polimerazy, RT-PCR. Badania nad oceną fenotypową stopnia zasiedlenia wybranych genotypów porzeczki czarnej przez wielkopąkowca porzeczkowego (*Cecidophyopsis ribis*) przeprowadzone będą na roślinach w doświadczeniu polowym, tzw. „polu śmierci”.

GRUPY DOCELOWE

Uzyskane wyniki badań w formie publikacji i artykułów popularno-naukowych będą skierowane do szerokiego gremium odbiorców, jak instytucje naukowe i wyższe uczelnie, Ośrodki Doradztwa Rolniczego, firmy hodowlane oraz gospodarstwa sadownicze i szkółkarskie.

EFEKTY WYNIKAJĄCE Z REALIZACJI PROJEKTU

Dotychczas w Instytucie Ogrodnictwa w Skierniewicach nie prowadzono badań nad oceną molekularną stopnia odporności odmian porzeczki czarnej w hodowlanej kolekcji oraz tych uprawianych na plantacjach towarowych w naszym kraju na choroby grzybowe (rdza wejmutkowo-porzeczkowa) i wirusowe (rewersja BRV, BCIV i BCVA) oraz wielkopąkowca. Diagnostyka i identyfikacja tych agrofagów jest ważna nie tylko dla prowadzenia prawidłowej ochrony roślin przez naszych producentów, ale przede wszystkim dla ukierunkowania prac hodowlanych. Szczegółowe analizy molekularne w poszukiwaniu donorów genów odporności na w/w patogeny i szkodnika są priorytetowe. Genotypy z potwierdzoną odpornością będą wartościowymi materiałami wyjściowymi (formami rodzicielskimi) w programach krzyżowań, w ramach prowadzonej hodowli odpornościowej porzeczki czarnej w Instytucie Ogrodnictwa – PIB w Skierniewicach.