

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

W roku 2016 badania realizowano w ramach 2 tematów badawczych:

Temat badawczy 1

Przygotowanie materiału badawczego do badań molekularnych i ocena fenotypowa roślin w warunkach presji szkodnika

Celem tematu było przygotowanie materiału roślinnego do badań molekularnych i ocena fenotypowa roślin z kolekcji i dwóch populacji mieszańcowych ('Ceres' x 'Bona' i 'Polares' x 'Gołubka') w warunkach silnej presji szkodnika. W ramach realizacji zadania kontynuowano uprawę roślin należących do kolekcji (500 roślin) oraz do dwóch rodzin mieszańcowych: 'Ceres' x 'Bona' (200 roślin) i 'Polares' x 'Gołubka' (200 roślin). Ocenę fenotypową zasiedlenia pąków testowanych genotypów przez wielkopąkowca porzeczkowego przeprowadzono w dwóch terminach. Ocena roślin należących do dwóch populacji wykonana w I terminie wykazała obecność pojedynczych, uszkodzonych pąków. W rodzinie mieszańców 'Ceres' x 'Bona' obserwowano charakterystyczne objawy zasiedlenia pąków przez tego szkodnika na 10 siewkach. W przypadku populacji mieszańców rodziny 'Polares' x 'Gołubka' symptomy porażenia roślin stwierdzono na 3 roślinach. Ocena w/w roślin przeprowadzona w II terminie wykazała większe nasilenie uszkodzenia pąków przez wielkopąkowca. W rodzinie mieszańców 'Ceres' x 'Bona' pąki zasiedlone przez wielkopąkowca zaobserwowano dodatkowo na 41 ocenianych siewkach. W przypadku rodziny mieszańców 'Polares' x 'Gołubka' odnotowano dodatkowe zasiedlenie przez *C. ribis* na 9 roślinach. Ocena fenotypowa zasiedlenia pąków przez wielkopąkowca genotypów z kolekcji (porzeczka czarna, porzeczka czerwona, agrest, porzeczkoagrest i dzikie gatunki) przeprowadzona w I terminie wykazała stosunkowo niski stopień porażenia pąków przez *C. ribis* w testowanych genotypach. Charakterystyczne objawy zasiedlenia pąków przez tego szkodnika stwierdzono na roślinach 14 odmian porzeczki czarnej. Ocena przeprowadzona w II terminie wykazała typowe objawy uszkodzenia pąków przez wielkopąkowca dodatkowo na roślinach 12 odmian porzeczki czarnej.

Temat badawczy 2

Analiza regionów genomu sprzężonych z odpornością porzeczki czarnej (*Ribes nigrum*) na wielkopąkowca porzeczkowego.

Celem tematu była ocena stopnia polimorfizmu w grupach sprzężeń obejmujących regiony Ce i P. Materiał genetyczny (genomowe DNA) do badań molekularnych wyizolowano (metoda Doyle i Doyle) z 12 genotypów *Ribes*, zróżnicowanych pod względem odporności na *C. ribis*. Do oceny polimorfizmu wykorzystano metodę CAPS-PCR z zastosowaniem 4 enzymów restrykcyjnych (*EcoRI*; *SmaI*; *HaeIII* i *MboI*) oraz metodę sekwencjonowania matryc DNA z wyznakowanymi nukleotydami. Sekwencjonowaniu poddano 100 fragmentów DNA, wytypowanych spośród 138 zidentyfikowanych w badanym materiale roślinnym, wyizolowanych uprzednio z żeli agarozowych, przy użyciu komercyjnego zestawu (FastGene Gel/ PCR Extraction Kit; Nippon Genetics). Do uzyskanych sekwencji zaprojektowano specyficzne oligonukleotydy (program komputerowy PrimerSelect - pakiet Lasergen v.7) i rozpoczęto weryfikację pozyskanych markerów SCAR na materiale roślinnym, ocenionym pod względem odporności na wielkopąkowca.

Wyniki opublikowano w materiałach konferencyjnych:

3rd international scientific conference „Sustainable Fruit-Growing: From Plant to Product, Riga-Dobele (Latvia), 17-19 August 2016.

Badek B., Korbin M., Pluta S. Research Institute of Horticulture, Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice, Poland. 2016. Analysis of selected *Ribes* genotypes diversified in their resistance to blackcurrant gall mite (*Cecidophyopsis ribis*) using SSR markers. RPD Abstracts 2, 12. 3rd international scientific conference „Sustainable Fruit-Growing: From Plant to Product, Riga-Dobele (Latvia), 17-19 August 2016.

Abstrakt uwzględnia wyniki z tematu badawczego 2a realizowanego w 2015 r. (Sprawozdanie merytoryczne 2015 r.; str. 12-17).

Załącznik 1 – Prezentacja 2016

http://www.inhort.pl/files/projekty_MRiRW/2016/postep_biologiczny/2016_BP_Zadanie_78_R_YGA.pdf

Załącznik 2 – Abstrakt

Analysis of selected *Ribes* genotypes diversified in their resistance to blackcurrant gall mite (*Cecidophyopsis ribis*) using SSR markers

Bogumiła Badek, Małgorzata Korbin, Stanisław Pluta

Research Institute of Horticulture, Konstytucji 3 Maja 1/ 3, 96-100 Skierniewice, Poland

bogumila.badek@inhort.pl

Gall mite is one of the major problems in cultivation of blackcurrant. *Ribes* pest, being a vector of *Black currant reversion virus* (BRV), causes deformation and damages of buds, and in consequence yield reduction.

The aim of presented study was to recognise genome regions linked to the resistance to gall mite in *Ribes* plants (Institute of Horticulture field collection) using SSR markers.

The study was carried out on DNA template extracted from young leaves of 15 genotypes. PCRs with 25 microsatellite primers, chosen from the blackcurrant maps, developed by Scottish (SCRI S36/1/100 × EMRS B1834) and Lithuanian (No 93-169-2 × 'Dainiai') research groups, were performed.

Correlation between the DNA polymorphism and plants resistance was evaluated by multiple correspondence analyses (MCA). Performed studies allowed to group tested genotypes in two clusters: resistant ('Vir', 'Kroma', 'Dlinskostnaja', 'Tisel', 'Ruben', 'Tihope', 'Karry') and susceptible ('Ben Sarek', 'Ben Alder', 'Blizgiai', 'Ben Kilbreg', 'Gofert', 'Ben Hope', 'Lentaj', 'Ben Garin') to gall mite.

In the genomes of tested plants, identified alleles linked to gall mite resistance, derived from LG2 (seven genotypes) and LG4 (five genotypes), corresponding to Scottish map, as well as from LG1 (five genotypes) and LG2 (six genotypes), corresponding to Lithuanian genetic *Ribes* map.

Key words: *Cecidophyopsis ribis*, diversity, *Ribes*, segregation, SSR marker, resistance

The results obtained in the framework of the project No. HOR hn-801-6/15-78 funded by the Polish Ministry of Agriculture and Rural Development