

**„*Ribes* ģints augu, *Cecidophyopsis* pumpurērcu un upeņu reversijas vīrusa izpēte
ilgtspējīgai *Ribes* ģints ogulāju rezistences selekcijai un audzēšanai”**

1.1.1.1/18/A/026

Projekta īstenošanas progress (01.06.2020. – 31.08.2020.)

Darbības Nr.1 ietvaros no Apvienotās Karalistes saņemtajiem paraugiem un paraugiem pēc elektronu mikroskopijas veikta ITS/5.8S PCR amplifikācija, klonēšana un sagatavošana sekvencēšanai. BMC veikta vadošā partnera nodoto jauno pumpurērcu ITS/5.8S reģiona amplificēto un klonēto, paraugu sekvencēšana ar Sangera metodi. Veikta PCR fragmentu garumu analīze jauniem pumpurērcu DNS multipleksa PCR paraugiem uz ģenētiskā analizatora ABI PRISM 3130xl sugu noteikšanai, izmantojot iepriekš izveidoto, automatizētās analīzes protokolu. Uzsākta iegūto sekvenču assemblija un veikta FGA datu sākotnējā analīze. Turpināta ērcu morfoloģijas izpēte ar elektronu mikroskopiju un BRV noteikšana vienas ērces indivīdā pēc elektronu mikroskopijas un augu materiālā.

Darbības Nr.2 ietvaros turpināts darbs pie apskata raksta sagatavošanas par šķirņu rezistences pret *Cecidophyopsis* un BRV un to savstarpējo mijiedarbību pētījumiem.

Turpināts darbs pie rezistences *Ce* gēnam specifisko amplifikācijas fragmentu sekvenču analīzes. Sagatavots publikācijas melnraksts par līdzšinējo *Ribes* ģenētisko resursu SSR marķieru genotipēšanas rezultātiem, uzsākta melnraksta pilnveidošana, iesaistot dažādu projekta aktivitāšu ekspertus. Uzsākta iepriekšējos projekta posmos adaptēto hloroplastu molekulāro marķieru (cpSSR) pielietošana *Ribes* augu materiāla genotipēšanai ar mērķi skaidrot starpsugu krustojumu iespējamo sugu struktūru. CpSSR genotipēšana veikta 126 upeņu (tai skaitā upeņu selekcijā izmantoto *Ribes* sugu paraugi), 13 jāņogu, 3 ērkšķogu, 8 vēreņu un 10 citu *Ribes* sugu paraugiem. BMC uzsākta no vadošā partnera nodoto, iepriekšējos projekta posmos atlasīto, 23 hloroplastu molekulāro marķieru PCR fragmentu garumu analīze (3818 paraugi) uz ģenētiskā analizatora ABI PRISM 3130xl un automatizētās analīzes protokolu izveide.

Sagatavotas upeņu (šķirne ‘Mara Eglite’) invadēto un kontroles paraugu NGS bibliotēkas sekvencēšanai uz MGISEq2000. Turpinās darbs pie no maijā ievāktu un pie -80°C uzglabāto vēreņu (*Ribes alpinum*) un jāņogu (šķirne ‘Kodu Suur Valge’ (‘Hele’)) invadēto un kontroles paraugu NGS bibliotēku sagatavošanas. Uzsākta 2019. gadā invadēto augu izvērtēšana un BRV infekcijas diagnostika. Izvērtēti rezultāti pēc vienas sezonas. Izanalizēti trīs grupu augi (Upenes, vērenes un jāņogas), kuras eksperimenta sākumā tika invadētas ar pumpurērcēm no inficētiem upeņu zariem. Ierīkots jauns invadēšanas izmēģinājums, izmantojot dažādu *Ribes* sugu *in-vitro* pavairotus augus un pumpurērces no dažādiem saimniekaugiem.

Izstrādāti COX1, TEF 1- α , HSP70 gēnu fragmentu PCR amplifikācijas protokoli un uzsākta to pielietojuma praktiskā pārbaude ar iepriekšējā periodā izstrādātajiem praimeriem diagnostikas metodes izstrādei.

Turpināta *Ribes* ģenētisko resursu lauka kolekciju vērtēšana, veicot aprakstīšanu pēc RIBESCO deskriptoriem. Ievākta otrā gada datu kopa par genotipu ražību, ogu kvalitāti, izturību pret kaitēkļiem un slimībām veikta ogu fenotipiskā aprakstīšana un fotografēšana. Audu kultūru laboratorijā turpināta rūpnieciskiem pētījumiem nepieciešamo augu saglabāšana un pavairošana *in vitro*, kas ievadīti 2019. gadā, kā arī veikta pētījumiem nepieciešamo vēl 16 genotipu ievadīšana. Audu kultūru laboratorijā tiek turpināta 10 upeņu un 5 ērkšķogu genotipu uzturēšana *in vitro* Latvijas izcelsmes atveseļotas genofonda pamatkolekcijas veidošanai. Dotajiem genotipiem ievākti paraugi vīrusu klātbūtnes noteikšanai. 2020. gada vasarā *in vitro* vēl ievadīti Latvijas izcelsmes 4 jāņogu un 1 ērkšķogu genotips. Pavasarī izvērtētā jāņogu genofonda kolekcijas augi laboratoriski pārbaudīti uz BRV infekciju.