

**„*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 (01.03.2020. – 31.05.2020.)

Darbības Nr.1 ietvaros turpināta pumpurērcu ITS/5.8S reģiona PCR amplifikācija, klonēšana un paraugu sagatavošana sekvenčēšanai. BMC veikta nodoto pumpurērcu ITS/5.8S reģiona sekvenčēšana ar Sangeru metodi. No Apvienotās Karalistes saņemti papildu upeņu paraugi ar pumpurērcēm, no kurām izdalīta DNS un sagatavoti paraugi fragmentu garuma analīzei. BMC 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. Turpināta BRV noteikšana vienas ērces individuā pēc elektronu mikroskopijas. Veikta iegūto sekvenču asemblīja un uzsākta sekvenču un FGA datu sākotnējā analīze.

Darbības Nr.2 ietvaros turpināts darbs pie informācijas apkopošanas un apskata raksta sagatavošanas par šķirņu rezistences pret *Cecidophyopsis* un BRV un to savstarpējo mijiedarbību pētījumiem. Turpināta esošās *Ribes* ģenētisko resursu genotipēšanas informācijas analīze publikācijas manuskripta sagatavošanai, veicot papildu literatūras un datu analīzi. Veikta iepriekšējos projekta posmos atlasīto hloroplastu molekulāro marķieru (cpSSR) pielietošanas metodikas adaptācija, izvēlēta informatīvāko marķieru kopa *Ribes* augu materiāla starpsugu krustojumu struktūras skaidrošanai. Izmantojot esošo *Ribes* paraugu kolekciju, veikta DNS izdalīšana. *Ribes* sugu pārstāvniecības nodrošināšanai veikta papildus paraugu ievākšana DI kolekcijā un to DNS izdalīšana un kvalitātes novērtēšana. Veikta PCR rezistences *Ce* gēnam specifisko amplifikācijas fragmentu iegūšanai to tālākai klonēšanai un sekvenčēšanai. BMC veikta vadošā partnera nodoto *Ce* gēnu klonēto amplifikācijas fragmentu paraugu sekvenčēšana ar Sangeru metodi. Uzsākta iegūto sekvenču analīze.

Turpināts darbs pie upeņu (šķirne ‘Mara Eglite’) invadēto un kontroles paraugu NGS bibliotēku sagatavošanas sekvenčēšanai uz MGISEq2000, kā arī uzsākts darbs pie kopējās RNS izdalīšanas no maijā un augustā ievāktajiem un pie -80°C uzglabātajiem vēreņu (*Ribes alpinum*) un jāņogu (šķirne ‘Kodu Suur Valge’ (‘Hele’)) invadētajiem un kontroles paraugiem pēc iepriekš optimizētajiem RNS izdalīšanas protokoliem un uzsākts darbs pie NGS bibliotēku sagatavošanas.

Izpētīta zinātniskā literatūra, izvēlēti un izstrādāti praimeri COX1, TEF 1- α , HSP70 gēnu fragmentu amplifikācijai pumpurērcu sugu diagnostikas metodes izstrādei.

Turpināta *Ribes* ģenētisko resursu lauka kolekciju vērtēšana, veicot aprakstīšanu pēc RIBESCO deskriptoriem. Ievākta otrā gada datu kopa par augu fenoloģisko un veģetatīvo attīstību, ziedēšanu, izturību pret salnām. Kolekcijās Pūrē un Dobelē veikta BRV izplatības un simptomu vērtēšana. Ievākti paraugi jāņogām BRV noteikšanai laboratorijā, lai varētu izstrādāt slimības vērtēšanas metodiku. Audu kultūru laboratorijā savairoti un apsaknoti substrātā 9 *Ribes* genotipi no dažādām sugām, kas tiks izmantoti laboratoriskiem rezistences pētījumiem, un 9 upeņu un 4 ērkšķogu genotipi atveseļotas genofonda kolekcijas veidošanai, kuri tiks pārbaudīti uz BRV klātbūtni. Paralēli visu genotipu paraugi visu laiku tiek uzturēti un saglabāti *in vitro*.