

**„*Ribes* ģints augu, *Cecidophyopsis* pumpurērču un upeņu reversijas vīrusa izpēte
ilgtspējīgai *Ribes* ģints ogulāju rezistences selekcijai un audzēšanai”
1.1.1.1/18/A/026**

Projekta īstenošanas progress (01.09.2021. – 30.11.2021.)

Darbības Nr.1 ietvaros turpināta un pabeigta *Cecidophyopsis* sugu *TEF-1-α* un *HSP70* sekvenču assemblija un kvalitātes pārbaude. BMC veikta sekvenčēšanas optimizācija *TEF-1-α* un *HSP70* PCR produktiem un atkārtota sekvenčēšana paraugiem ar nepietiekamu kvalitāti. Turpināta iegūto datu analīze un uzsākta zinātnisko publikāciju manuskriptu sagatavošana.

Darbības Nr.2 ietvaros turpināts darbs pie *Ribes* augu materiāla hloroplastu molekulāro marķieru (cpSSR) genotipēšanas datu analīzes, veicot amplifikācijas fragmentu identifikāciju, rezultātu kvalitātes analīzi un hloroplastu haplotipu definēšanu. Molekulāro marķieru analīzes nolūkiem, veikta iesaistīto *Ribes* genotipu izcelsmes precizēšana, tās saistība ar definētajiem haplotipiem.

Turpināts darbs pie NGS datu analīzes un apstrādes. Turpinās darbs pie NGS bibliotēku gatavošanas *Ribes* invadētajiem un kontroles paraugiem.

Raksts “*First report of black currant-associated rhabdovirus in blackcurrants in Latvia*” pieņemts publicēšanai “*Plant Disease*”. Publicētie rezultāti prezentēti e-stenda ziņojumā ICPV 2021: 15. International Conference on Plant Virology, kas attālinātā formātā norisinājās 11.-12. novembrī Tokijā, Japānā, ziņojuma nosaukums “*Blackcurrant-associated rhabdovirus new pathogen for blackcurrants in the Baltic Sea region*” (autori: Gunta Resevica, Nikita Zrelavs, Ivars Silamikelis, Ieva Kalnciema, Helvijs Niedra, Gunārs Lācis, Toms Bartulsons, Inga Moročko-Bičevska, Arturs Stalažs, Kristīne Drevinska, Andris Zeltins, Ina Balke).

Izmantojot pirmajā aktivitātē iegūto vairāku gēnu sekvenču informāciju un teorētiski izstrādātos praimerus, turpināta *Cecidophyopsis* sugu diagnostikas metodes praktiskā izstrāde un testēšana.

Pabeigta *Ribes* ģenētisko resursu kolekciju vērtēšana uz lauka, veicot aprakstīšanu pēc RIBESCO deskriptoriem. Iegūtie dati digitalizēti. Ražīgākajiem genotipiem veiktas ogu bioķīmiskās analīzes. Kopumā izanalizēti 13 upeņu, 10 jāņogu un 19 ērkšķogu paraugi. No upenēm ar visvērtīgāko bioķīmisko saturu šogad izcēlās genotipi GEN 233A un 30B1, jānogām – GEN 733 un GEN DRUDZE, bet ērkšķogām – GEN 1125. Uzsākta visu vērtēšanas datu apkopošana par trīs audzēšanas sezonām, lai atlasītu vērtīgākos genotipus saglabāšanai ģenētisko resursu kolekcijā. Turpināta Latvijas *Ribes* ģenētisko resursu aprakstīšana pēc RIBESCO deskriptoriem. Pārskatīts un precizēts Latvijas *Ribes* ģenētisko resursu saraksts, kas iekļauts Ziemeļu un Baltijas valstu ģenētisko resursu datu bāzē GenBIS (<https://www.nordic-baltic-genebanks.org/gringlobal/search.aspx>). Nepieciešamie labojumi iesniegti Latvijas nacionālajā kontaktpunktā. Audu kultūru laboratorijā tiek turpināta atveseļotas kodolkolekcijas veidošana *in vitro*, kurā pašlaik tiek uzturēti iepriekš atlasītie 14 genotipi, kā arī 16 genotipi tiek uzturēti augu rezistences pētījumiem.

Informācija sagatavota 30.11.2021.