

Wirusy roślin, których materiałem genetycznym jest RNA cechują się zmiennością genetyczną, warunkującą ich sukces ewolucyjny. Za jej istnienie odpowiedzialne są różnorodne czynniki jak mutacje punktowe, zjawisko duplikacji genów oraz rekombinacje. Zakres zmienności genetycznej wirusów RNA często koreluje z zakresem porażanych gatunków i jest tym większymi wirusowymi gospodarzami może być potencjalnym gospodarzem wirusa. Zrozumienie mechanizmów, które pozwalają wirusowi porażać nowe gatunki gospodarzy i rozprzestrzeniać się w ich populacji stanowi jedno z podstawowych wyzwań w ochronie roślin. Dla wirusów dostosowywanie się do wielu gatunków gospodarzy niesie ze sobą poważne konsekwencje ponieważ jest jednym z głównych czynników wpływających na prawdopodobieństwo wystąpienia nowych ognisk choroby. Uważa się także, że jest to kluczowy mechanizm umożliwiający utrzymanie różnorodności genetycznej. Proponowane w niniejszym projekcie badania dotyczą ewolucji wirusa czarnej pierścieniowej plamistości pomidora (*Tomato black ring virus*, TBRV) i jego zdolności do przystosowywania się do różnych gospodarzy. Wirus występuje niemal na całym świecie i poraża wiele gatunków roślin uprawnych, ozdobnych i wieloletnich należących do różnych rodzin botanicznych. Niewiele jednak wiadomo na temat jego zmienności, ewolucji i tempa namnaiania. W ramach projektu planowana jest analiza struktury i stopnia różnicowania populacji wirusa zarówno na terenie kraju, jak i z innych regionów geograficznych. Pozwoli to na prześledzenie relacji filogenetycznych między izolatami pozyskanymi z różnych lokalizacji oraz gospodarzy i dynamiki zmienności wirusa. Badania te umożliwią również analizę populacji wirusa z roślin wieloletnich w porównaniu do jednorocznych. W przypadku roślin wieloletnich, wirus zasiedla swoich gospodarzy przez kilkadziesiąt nawet lat bądź dłużej pod wpływem stosunkowo stabilnych warunków środowiska. Mogło to faworyzować taki kierunek ewolucji, który prowadziłyby do wytworzenia stabilnego układu wirus-gospodarz pozwalającego na dłuższą egzystencję obu partnerów. Rośliny takie mogą stanowić również rezerwuary wirusa. Sytuacja przedstawia się inaczej w przypadku roślin jednorocznych, kiedy większe korzyści ewolucyjne dawałoby intensywne namnaianie się wirusa. W projekcie zaplanowano uzyskanie pełnych sekwencji genomów izolatów TBRV zebranych z gospodarzy reprezentujących różne rodziny: pomidora, aksamitki oraz robinii akacjowej. Pozwoli to wytypowanie regionów zachowawczych oraz zmiennych w genomie TBRV co ma istotne znaczenie w projektowaniu odpowiednich metod do wykrywania wirusa. Z kolei skonstruowanie biologicznie aktywnych kopii wirusa umożliwi dalsze prace nad oddziaływaniami między patogenem a gospodarzem. W projekcie zaplanowano również eksperymenty ewolucyjne polegające na wielokrotnym pasowaniu różnych izolatów wirusa w różnych gospodarzach, a następnie porównaniu objawów oraz powstałych populacji wirusa przed i po pasowaniach. Badania te pozwolą m.in. na uzyskanie wiedzy dotyczącej zdolności wirusa do przystosowania się do określonych roślin wycielskich. Dodatkowo przeprowadzone zostaną badania wykazujące obecność lub brak dodatkowych czynnika w genomie wirusa tzw. defektywnych RNA, które mogą mieć wpływ na rodzaj objawów chorobowych na roślinach i namnaianie wirusa. Badania zaplanowane w projekcie poszerzą naszą wiedzę na temat ewolucji i epidemiologii wirusa, i będą publikowane w renomowanych czasopiśmie. Ponadto stanowi ważny element w rozwoju prac nad oddziaływaniami między patogenem a gospodarzem i opracowywania strategii zwalczania chorób wirusowych roślin. Ważnym elementem związującym potencjał i jako nauki jest wspieranie, i kształcenie młodej kadry naukowej stąd badania zaplanowane w ramach projektu będą stanowiły część rozprawy magisterskiej studenta, który otrzyma stypendium