

## STRESZCZENIE POPULARNO-NAUKOWE:

Wirus nekrozy pomidora ToTV zaklasyfikowany do rodziny *Secoviridae*, rodzaju *Torradovirus* poraża rośliny z rodziny *Solanaceae*, głównie pomidory, powodując znaczne straty w ich produkcji. Symptomy choroby to głównie nekrozy pojawiające się u podstawy blaszek liściowych, które z czasem obejmują całą roślinę, powodując jej zamieranie. Wirus ToTV jest przenoszony przez mączliki *Trialeurodes vaporariorum*, *T. abutilonea* oraz *Bemisia tabaci*. Dotychczas ToTV został zidentyfikowany m.in. w Europie, Ameryce, Australii oraz w Afryce. W Polsce odnotowano incydentalne występowanie trzech izolatów Kra, Ros i Wal'03 ToTV, które na podstawie obserwacji szklarniowych mogą różnić się intensywnością powodowanych objawów. Analizy porównawcze sekwencji genomów polskich izolatów ToTV pokazały wysoką konserwatywność regionów kodujących, wskazując jednocześnie na znaczne zróżnicowanie genetyczne w obrębie regionu niekodującego, znajdującego się na 3'-końcu nici RNA1. Zaobserwowana zmienność polega na występowaniu mutacji typu insercja/delecja obejmującej od 6-163 nukleotydów. Zjawisko to obserwowano nie tylko pomiędzy izolatami, ale przede wszystkim w obrębie populacji tego samego izolatu. Dodatkowo poznano unikalny schemat organizacji tego regionu wskazując na występowanie regionu zmiennego (VR, ang. *variable region*) oraz konserwowanego (CR, ang. *conservative region*), jak również obecność sekwencji powtórzonych DR (ang. *direct repeats*). Odkrycie zjawiska heterogenności tego typu u wirusa ToTV stanowi fenomen wśród dotychczas znanych wirusów roślinnych. W związku z tym, niniejszy projekt podejmuje kwestie wyjaśnienia znaczenia i funkcjonalności zidentyfikowanej zmienności genetycznej w obrębie dyskusowanego regionu.

Region 3'-UTR charakteryzuje się obecnością sekwencji sygnałnych, może pełnić funkcje regulatorowe w procesach replikacji wirusów, ekspresji genów, translacji, wpływając również na stabilność RNA. Co więcej, znane są przypadki (wśród wirusów ludzkich), gdzie obecność DR była istotna nie tylko dla procesu replikacji, ale również dla transmisji wirusa przez wektor. Pomimo, iż mechanizm powstawania puli wariantów genetycznych 3'-UTR nici RNA1 polskich populacji wirusa ToTV pozostaje wciąż niewyjaśniony, założono, że jej obecność może być efektem adaptacji patogenu do warunków środowiska tj. obecności lub braku wektora - mączlika szklarniowego. Z drugiej strony owa heterogenność może być też istotna z punktu widzenia regulacji procesu replikacji, bezpośrednio wpływając na poziom akumulacji wirusa w tkankach rośliny gospodarza, determinując przy tym nasilenie/osłabienie symptomów choroby. Mechanizmy procesu replikacji nie były obiektem dotychczasowych badań, stąd interakcje białek roślinnych i wirusowych w tym procesie pozostają również niezbadane. W związku z powyższym bezpośrednim celem projektu jest określenie wpływu zmienności badanego regionu na wydajność replikacji poszczególnych wariantów tj. wskazanie wariantu dominującego w zależności od sposobu transmisji. Planuje się zbadać, który z wariantów genetycznych jest akumulowany w największej liczbie kopii podczas transmisji wirusa przez wektor, czy to na drodze mechanicznej inokulacji, jak również wskazaniu wariantu, który jest preferencyjnie pobierany przez owada podczas żerowania na chorych roślinach, a następnie przenoszony na zdrowe rośliny. Równoległe planuje się zbadać, które czynniki roślinne tworzą kompleks z białkami wirusa poprzez oddziaływanie z domeną polimerazy i są istotne w procesie tworzenia kompleksu replikacyjnego, w zależności od rodzaju wariantu genetycznego 3'-UTR RNA1.

Mamy nadzieję, iż realizacja niniejszego projektu pozwoli wyjaśnić istotę występowania puli wariantów genetycznych nici RNA1 w cyklu replikacyjnym wirusa, poszerzając równocześnie wiedzę z zakresu wirusologii roślin, a przede wszystkim charakterystyki gatunku *Tomato torrado virus*, jak i całego rodzaju *Torradovirus*.