

Subwirusowe cząsteczki RNA to dodatkowe, krótsze cząsteczki, które są zasocjowane z genomem wirusa lub formowane są *de novo* w trakcie infekcji. Wyróżnia się dwa główne typy tych cząsteczek: defektywne RNA (D RNA) i satelitarne RNA (satRNA), które różnią się stopniem podobieństwa do genomu wirusa pomocniczego. D RNA powstają z genomu wirusa i zawierają określone jego regiony, z kolei satRNA nie są z nim spokrewnione, a ich pochodzenie nie jest do końca wyjaśnione. Subwirusowe cząsteczki RNA mają zwykle specyficzną zdolność modulowania objawów chorobowych, często je osłabiając, a nawet całkowicie niwelując. D RNA, które zakłócają replikację wirusa pomocniczego określa się mianem defektywnych interferujących RNA (DI RNA). Ta unikalna cecha subwirusowych cząsteczek powoduje, że mogą być one w przyszłości stosowane jako innowacyjne produkty ochrony roślin przed wirusami. Celem niniejszego projektu jest zatem analiza mechanizmów powstawania dodatkowych cząsteczek RNA oraz określenie ich wpływu na przebieg patogenezы u wirusów z rodzaju *Nepovirus*.

Wirusy należące do tego rodzaju występuje niemal na całym świecie i porażają wiele gatunków roślin uprawnych, ozdobnych i wieloletnich należących do różnych rodzin botanicznych. Do badań w niniejszym projekcie wytypowano dwa gatunki reprezentujące różne grupy tego rodzaju: wirus czarnej pierścieniowej plamistości pomidora (*Tomato black ring virus*, TBRV) (grupa B) oraz wirus wachlarzowatości liści winorośli (*Grapevine fanleaf virus*, GFLV) (grupa A). Dla obu gatunków opisano satRNA, zaś powstawanie D RNA w trakcie przedłużonego pasażowania w jednym gospodarzu było do tej pory unikalną cechą TBRV. W ramach projektu analizowany będzie wpływ gospodarza, ilości pasaży mechanicznych, gatunku i izolatu wirusa oraz warunków środowiskowych na powstawanie D RNA. Uzyskane zostaną ich sekwencje i porównane z genomem wirusa pomocniczego w kontekście występowania rejonów/struktur promujących ich powstawanie. Analizowane będzie zróżnicowanie genetyczne subwirusowych cząsteczek i ich dynamika ewolucyjna za pomocą odpowiednich programów bioinformatycznych. Nowo zebrane izolaty TBRV będą weryfikowane pod kątem obecności satRNA i D RNA za pomocą technik biologii molekularnej. Uzyskanie infekcyjnej kopii satRNA umożliwi zaś dalsze badania nad ich wpływem na proces patogenezы. Analizowany będzie wpływ subwirusowych cząsteczek RNA na replikację i akumulację wirusów pomocniczych. Ponadto, ponieważ nasiona są pierwszym źródłem wirusa w uprawie, analizowany będzie wpływ D RNA na przenoszeniu dwóch izolatów TBRV przez nasiona komosy i pomidora.

Realizacja zadań zaplanowanych w niniejszym projekcie poszerzy wiedzę na temat procesów związanych z oddziaływaniami między wirusem a gospodarzem. Cząsteczki RNA, które powodują hamowanie replikacji wirusa mogłyby w przyszłości stanowić element strategii zwalczania chorób wirusowych roślin. Otrzymane wyniki zostaną opublikowane w renomowanych czasopismach naukowych oraz będą prezentowane na sympozjach i konferencjach. W projekcie przewidziano również stypendium dla studenta oraz zatrudnienie doktoranta, a zaplanowane badania będą stanowić część rozprawy magisterskiej oraz doktorskiej.