

Rośliny z rodziny dyniowatych (*Cucurbitaceae*) należą do głównych warzyw uprawianych na całym świecie, a ich globalna produkcja szacowana jest na ok. 151 milionów ton. Choroby wirusowe roślin stanowią poważny problem ekonomiczny ze względu na powodowane przez nie straty w plonach roślin gospodarczo-ważnych. Opiszano ponad 70 gatunków wirusów, które mogą porażać rośliny dyniowate często prowadząc do znacznych strat plonu i jakości tych roślin. W ostatnich latach obserwowano również nasilenie występowania różnych gatunków mszyc, które bardzo efektywnie mogą przenosić wirusy na duże odległości. Niebagatelny wpływ na to zjawisko mają zmiany klimatyczne, które w istotny sposób wpływają na dynamikę i strukturę populacji mszyc oraz ich cykl życiowy. Jednym z głównych gatunków dyniowatych uprawianych w Polsce jest cukinia, a w ostatnich latach obserwowano nasilone występowanie chorób wirusowych w jej uprawie powodujących straty sięgające 95%. Często stwierdzano obecność więcej niż jednego gatunku wirusa w porażonych roślinach (infekcje mieszane) co prowadziło do zaostrzenia objawów, również na owocach, które nie miały wartości handlowej i konsumpcyjnej. Co więcej badania prowadzone w naszym zespole pozwoliły na wykrycie nowych gatunków wirusów, których obecność nie była do tej pory odnotowywana na terenie naszego kraju. Brak jest środków umożliwiających bezpośrednie zwalczanie wirusów, a ochrona roślin przed tymi patogenami polega na szeroko pojętej profilaktyce. Najważniejszym elementem profilaktyki jest szybka i skuteczna diagnostyka, czyli wykrywanie wirusów w materiale roślinnym. Pozwala to na wczesne wykrycie patogenów w uprawie i podjęcie odpowiednich działań zapobiegawczych. Ponadto analizy zmienności genetycznej i struktury populacji wirusów dostarczają cennych informacji na temat procesów związanych z ewolucją wirusów i ich epidemiologią. Ma to kluczowe znaczenie dla projektowania metod diagnostycznych oraz opracowywania skutecznych strategii kontroli występowania chorób wirusowych. Celem naszego projektu jest przeprowadzenie kompleksowych analiz i) występowania i struktury populacji wirusów porażających cukinię oraz mszyc będących ich wektorami ii) obecności wirusów w chwastach i roślinach dziko-rośnących na i w sąsiedztwie pól, które mogą służyć jako alternatywni gospodarze i rezerwuary wirusów iii) występowania oraz wpływu mieszanych infekcji na obserwowane symptomy na różnych odmianach cukinii, akumulację wirusa oraz powstawanie nowych wariantów genetycznych wirusów na drodze rekombinacji iv) zróżnicowania genetycznego wirusa mozaiki arbuza (watermelon mosaic virus, WMV), którego obecność najczęściej stwierdzano w uprawie cukinii w Polsce. Ponadto spróbujemy przeanalizować i oszacować czynniki, które mogą wpływać na pojawienie się i rozprzestrzenienie się infekcji wirusowej: w tym zmieniające się w ostatnim czasie warunki klimatyczne oraz różnorodność lokalnych gatunków żywicielskich. Zaplanowane w projekcie badania zostaną przeprowadzone z wykorzystaniem najnowocześniejszych technik biologii molekularnej, w tym sekwencjonowania wysokoprzepustowego, które umożliwi wykrycie różnych gatunków wirusów w zebranych materiale roślinnym oraz mszycach. Pozwoli to na analizę struktury i dynamiki zmienności populacji wirusów porażających cukinię w Polsce a także jej korelację z występowaniem różnych gatunków wirusów w sąsiadujących z uprawami roślinach dziko-rośnących i chwastach oraz w ich wektorach (mszycach). Badania dotyczące zróżnicowania genetycznego populacji wirusa mozaiki arbuza zostaną przeprowadzone na podstawie uzyskanych w ramach projektu sekwencji genu kodującego białko płaszczka wirusa i innych izolatów WMV, zebranych przez nasz zespół badawczy w poprzednich latach (95 izolatów) oraz sekwencji dostępnych w bazach danych. Analizy będą przeprowadzone z wykorzystaniem zaawansowanych programów bioinformatycznych pozwalających na analizę pokrewieństwa genetycznego między izolatami wirusa, zjawiska rekombinacji w populacji wirusa, korelacji między stopniem zróżnicowania genetycznego a pochodzeniem geograficznym izolatu i jego gospodarzem. Dane te poszerzą naszą wiedzę na temat dynamiki ewolucyjnej i epidemiologii wirusa, zwłaszcza w kontekście rosnącego obrotu materiałem roślinnym na świecie. W ramach projektu będziemy również analizować występowanie oraz wpływ mieszanych infekcji na symptomy na roślinach oraz akumulację wirusa. Ponadto prześledzimy wpływ mieszanych infekcji na ewolucję wirusów i możliwość powstawania nowych wariantów genetycznych na drodze rekombinacji. Realizacja zadań przewidzianych w projekcie będzie stanowić ważny element w poszerzeniu wiedzy dotyczącej oddziaływań i zależności między patogenem, gospodarzem, wektorem i środowiskiem oraz czynników, które wpływają na występowanie infekcji wirusowych w uprawach oraz kształtujących strukturę ich populacji. Wiedza ta jest kluczowa w opracowywaniu strategii ochrony roślin przed tymi patogenami. Projekt będzie realizowany w ramach współpracy z naukowcami z Hiszpanii i Holandii, którzy posiadają duże doświadczenie z zakresu ekologii, epidemiologii i ewolucji wirusów. W projekcie przewidziano również stypendium dla studenta a zaplanowane badania będą stanowić część rozprawy magisterskiej. Rezultaty projektu zostaną zamieszczone na Platformie Sygnalizacji Agrofagów <https://www.agrofagi.com.pl/> umożliwiającej systematyczne monitorowanie zagrożeń ze strony różnych patogenów i szkodników dla upraw co jest istotnym elementem integrowanej ochrony roślin.