

STRESZCZENIE

W latach 2008-2012 prowadzono monitoring wirusów na plantacjach cukinii w warunkach polowych. W trakcie prowadzenia badań zebrano 314 prób z cukinii podejrzanych o infekcje wirusowe, z 64 plantacji w województwach wielkopolskim, kujawsko-pomorskim oraz mazowieckim. Identyfikację i charakterystykę wirusów oparto na zakresie porażanych roślin

i objawach chorobowych na nich powodowanych oraz testach serologicznych i molekularnych. W wyniku prowadzonych badań zidentyfikowano następujące gatunki: wirus mozaiki ogórka (*Cucumber mosaic virus*, CMV), wirus żółtej mozaiki cukinii (*Zucchini yellow mosaic virus*, ZYMV), wirus mozaiki arbuza (*Watermelon mosaic virus*, WMV), wirus pierścieniowej plamistości papai (*Papaya ringspot virus*, PRSV) oraz wirus czarnej pierścieniowej plamistości pomidora (*Tomato black ring virus*, TBRV). WMV i PRSV zostały zidentyfikowane w Polsce po raz pierwszy, natomiast CMV został po raz pierwszy zidentyfikowany w Polsce w naturalnej infekcji cukinii. Pozyskane izolaty wirusa mozaiki arbuza oraz wirusa mozaiki ogórka były identyczne; znaleziono tylko jeden izolat wirusa pierścieniowej plamistości papai. Duże zróżnicowanie biologiczne i genetyczne stwierdzono natomiast pomiędzy izolatami wirusów: TBRV i ZYMV.

W trakcie prowadzonych badań w Zakładzie Wirusologii i Bakteriologii IOR-PIB pozyskano 11 zróżnicowanych biologicznie i genetycznie izolatów wirusa czarnej pierścieniowej plamistości pomidora (TBRV) w tym pięć oryginalnych z cukinii: TBRV-CK, TBRV-KC, TBRV-K5, TBRV-K8, TBRV-O1. W celu określenia relacji filogenetycznych pomiędzy polskimi izolatami z cukinii i z innych roślin uprawnych oraz dziko rosnących, a także prześledzenia ich ewolucji molekularnej przeprowadzona została analiza sekwencji fragmentu RdRp (831 nt). Porównanie sekwencji nukleotydów i aminokwasów wykazało wysoki stopień zróżnicowania między nimi. Na poziomie nukleotydowym podobieństwo wyniosło 82,9 - 99,6 %, a na poziomie aminokwasowym 88,8 - 98,9 %. Ponadto, po serii pasażowań u czterech z pięciu testowanych izolatów stwierdzono obecność dodatkowych cząstek RNA o wielkości ok. 500 nt. Wykazano, że w przypadku badanych izolatów małe RNA (D-RNA) pochodzą z RNA1 genomu macierzystego i powstały w wyniku delecji. Zawierają one część regionu kodującego polimerazę RNA zależną od RNA otoczoną przez krótki fragment 5'UTR i cały 3'UTR.

Zebrane izolaty ZYMV oznaczono jako: Cu, Zuy oraz Zug. W prowadzonych badaniach analizowano zakres roślin gospodarzy i symptomy wywoływane przez polskie izolaty ZYMV. Ponadto przeprowadzono analizę filogenetyczną i przebiegu rekombinacji z wykorzystaniem sekwencji nukleotydów genu kodującego białko płaszcz polskich i 67 innych izolatów ZYMV, których sekwencje zdeponowano w Banku Genów. Badania wykazały, że polskie izolaty nie tylko różniły się od siebie w teście biologicznym, ale należą do dwóch różnych grup filogenetycznych. Zmienność trzech polskich izolatów została potwierdzona dodatkowo przez analizę polimorfizmu długości fragmentów restrykcyjnych (ang. Restriction Fragments Length Polymorphism, RFLP), w wyniku której uzyskano trzy różne profile restrykcyjne dla trzech różnych izolatów. Analiza presji selekcyjnej działającej na populację izolatów ZYMV wykazała dominację presji negatywnej, aczkolwiek zidentyfikowano również kodony, które mogą podlegać wpływowi pozytywnej presji selekcyjnej.