**Streszczenie**

**Zadanie nr** 3-1-00-4-01

Tytuł zadania: **Ukierunkowana mutageneza genów podatności na infekcje wirusowe i uzyskanie roślin jęczmienia o podniesionej odporności na BaYMV i BaMMV**

W roku 2021 zrealizowano cztery następujące tematy: 1) Identyfikacja *in silico* paralogów *eIF4E* w genomie jęczmienia, oznaczanych dalej, jako *HveIF4E* oraz ich eksperymentalna weryfikacja. 2) Poznanie wybranych regionów sekwencji genomowej *HveIF4E* w odmianie Golden Promise. 3) Pozyskanie izolatów wirusa żółtej mozaiki jęczmienia (BaYMV) i wirusa łagodnej mozaiki jęczmienia (BaMMV). 4) Wykonanie pierwszego etapu analizy ekspresji wybranych *HveIF4E* w roślinach odmiany Golden Promise.

Zadanie zrealizowano w 100%.

Najważniejsze wyniki uzyskane w roku 2021:

Zidentyfikowano 5 genów jęczmienia kodujących białka z domeną IPR001040 czynnika inicjacji elongacji 4E. Geny te reprezentują paralogi rodziny *HveIF4E*. Są one zlokalizowane są na 4 chromosomach 1H, 2H, 3H i 4H. Dwa z tych paralogów są na chromosomie 3H, tym samym na którym zmapowano allele genu odporności na wirusy. Eksperymentalnie potwierdzono, że geny te zlokalizowane in silico są składnikami genomu jęczmienia.

Poznano sekwencje nukleotydowe regionów kodujących dwóch paralogów eIF4E zlokalizowanych na chromosomie 3H oraz wykazano 100% identyczność odczytanych eksperymentalnie sekwencji odmiany Golden Promise z odpowiadającymi im regionami genomu odmiany Morex (EnsemblePlants).

Z kolekcji DSMZ pozyskano izolaty wirusów BaMMV i BaYMV. Obserwowano różne poziomy infekcyjności ww. izolatów po inokulacji różnych odmian jęczmienia. Wysoka skuteczność inokulacji Maris Otter odmiany podatnej i modelowej dla tych prac potwierdza przydatność otrzymanych izolatów do planowanych badań. Skuteczność inokulacji odmiany Golden Promise jest wystarczająca dla izolatu BaMMV. Natomiast wymaga dopracowania dla izolatu BaYMV. Charakterystyka molekularna obydwu izolatów potwierdziła ich wysokie podobieństwo do izolatów europejskich (niemieckich i francuskich) oraz japońskich.

Amplifikowano fragmenty transkryptu dwóch paralogów: 3aH HORVU3Hr1G113940 i 3bH HORVU3Hr1G007130. Wykazano, że w ustalonych warunkach amplifikowane są specyficznie fragmenty cDNA każdego transkryptu. Obydwa geny ulegają ekspresji w siewkach jęczmienia. Ilość transkryptu genu 3aH-HORVU3Hr1G113940 jest około 10 razy większy niż transkryptu 3bH-HORVU3Hr1G007130. Tak duże różnice mogą wskazywać na różne funkcje i potrzebę szczegółowej analizy ekspresji w wybranych genotypach w czasie infekcji.