

Intenzív és extenzív területeken élő gyomok viromjának vizsgálata HTS-sel és molekuláris módszerekkel

Vajta Szilárd Péter

Növényorvos Msc nappali tagozat

Integrált Növényvédelmi Tanszék, Növényvédelmi Intézet

Belső témavezetők és munka helyeik:

Dr. Bán Rita habil. egyetemi docens, PhD

Integrált Növényvédelmi Tanszék, Növényvédelmi Intézet

Dr. Várallyay Éva tudományos tanácsadó, DSc

Nagyné Dr. Galbács Zsuzsanna tudományos munkatárs, PhD

Genomikai Kutatócsoport, Növénykórtani Tanszék, Növényvédelmi Intézet

A kísérlethez két eltérő művelés módú területről gyűjtötték be a növényi mintákat (egy extenzív és egy intenzív) 2017-ben Erdélyben (Szabó A-K. et al. 2020). A két területről összesen 3 fajt reprezentatív módon mintázták meg. Seprencét (*Erigeron annuus*) mind a két helyszínen, betyárkorót (*Conisa canadensis*) az extenzív, aranyvesszőt (*Solidago canadensis*) pedig csak az intenzív művelésű területen mintáztak. A mintázott növények RNS kivonatainak RNS és kisRNS tartalmát szekvenálták nagy-áteresztőképességű szekvenálással.

Munkámat a gyomnövényekből készült HTS-ek eredményének elemzésével kezdtem, amihez bioinformatikai módszereket használtam. Az elemzés során kapott vírustalálatokat az „E value” alapján, illetve génuszonként csoportosítottam. Az elemzés során a következő vírusok lehetséges jelenlétére kaptam találatot: Wuhan aphid vírus 2 (WHYC2), Wuhan insect vírus 21, Aphis glycines vírus: (AGV 1), carnation Italian ringspot virus (CIRV), Hubei permutotetra-like vírus, Tomato bushy stunt virus (TBSV), Erysiphe necator ourmia-like vírus, Alternaria arborescens mitovirus.

A HTS-sel detektált vírusok visszaigazolását független módszerekkel a Wuhan aphid vírus 2 esetében kezdtem meg. Ehhez primert terveztem, gradiens PCR-rel optimalizáltam a primerek annealálási hőmérsékletét, elvégeztem a PCR reakciót, a PCR reakció termékét tisztítottam majd PJET vektorba ligáltam és *E. coli* baktériumba transzformáltam. A klónokból plazmid DNS-t tisztítottam, és szekvenáltattam.

Ugyan a PCR tesztet a Wuhan aphid vírus 2 kimutatására terveztem, a PCR termék a gazdanövény (seprence) saját RNS-ének bizonyult. Ennek oka lehet, hogy a mintázott növényben alacsony volt a vírus koncentrációja. A jövőben tervezzük a WHYC2 és a további azonosított vírusjelenlétének RT-PCR-rel való visszaigazolását, újabb primerek tervezése után.