

# **A ligeti szőlő (*Vitis sylvestris*) viromjának vizsgálata HTS-sel és molekuláris módszerekkel**

**Hegedüs Vivien**

Növényorvosi mesterképzési szak, nappali tagozat

Növényvédelmi intézet

*Belső témavezető:* Dr. Bán Rita (Egyetemi docens, Kertészettudományi kar, Növényvédelmi intézet, Integrált Növényvédelmi tanszék)

*Belső témavezető:* Dr. Várallyay Éva (MATE NVI Genomikai kutatócsoport, Tudományos tanácsadó)

Dr. Jaksa-Czotter Nikoletta (MATE NVI Genomikai kutatócsoport, Tudományos munkatárs)

A szőlőtermesztésben a vírusok okozzák a legtöbb nehézséget a termesztők számára. Genetikai diverzitásuk és terjedési mechanizmusuk jelentősen meghatározza az ellenük való védekezést. A szakdolgozatom célja a *Vitis sylvestris* feketeerdei és hédervár-kimlei populációk vírusfertőzöttségének feltérképezése volt, kiemelt figyelmet fordítva a GRSPaV, GFVA és a Gvt vírusokra, valamint ezek filogenetikai elemzésére, hogy a köztük lévő evolúciós kapcsolatot jobban megérthessük.

A kísérlethez 3 helyről, a Feketeerdőben két részről és a Hédervár-Kimle közötti részről, 2019. június 27-én begyűjtött *Vitis sylvestris* mintákat vizsgáltam. A minták RNS kivonataiból az RNS-eket és a kisRNS-eket szekvenálták, majd ezekből készítettek egy RNS és kisRNS könyvtárat. Először szekvenálás eredményeit bioinformatikai módszerekkel elemeztem, és az E-érték alapján 2 vírus jelenlétét tudtam igazolni, a GRSPaV-t és a GFVA-t. Ezt követően a rendelkezésre álló primereket ráillesztettem a kapott vírus specifikus kontig szekvenciákra. Mivel a GFVA esetében nem állt rendelkezésre specifikus primerpár, primereket terveztem. A tervezett primerek optimális annealálási hőmérsékletét gradiens-PCR-el állapítottam meg, majd elvégeztem az RT-PCR-reakciót. A kapott terméket tisztítottam, majd ligáltam és *E. coli* kompetens baktériumsejtbe transzformáltam. A klónokból plazmid DNS-t izoláltam, majd tisztítás után szekvenáltattam őket. A szekvenálás eredményeit az NCBI adatbázisában szereplő referencia genomokkal összevettem. A kapott eredmények azt igazolták vissza, hogy a GRSPaV a referencia genommal nagymértékű egyezést mutatott, ezzel szemben a GFVA nem egyezett a referencia genommal, helyette a GVT referencia genomhoz állt közel. Ennek oka az lehet, hogy a GFVA a GVT vírusból mutálódott. Utolsó lépésben filogenetikai törzsfát készítettem, mely jól szemlélteti a minták rokonságát más szőlővírusokkal.