

Védett növények és inváziós gyomok viromjának vizsgálata a bodoglári Tartós szegfű tanösvényen

Csillag István

Növényorvosi mesterképzési szak, Nappali tagozat, Növényvédelmi Intézet

Belső témavezetők: Dr. Dorner Zita egyetemi docens, MATE, Szent István Campus, Növényvédelmi Intézet, Integrált Növényvédelmi Tanszék

Nagyné Dr. Galbács Zsuzsanna tudományos munkatárs, MATE, Budai Campus, Növényvédelmi Intézet, Növénykórtani Tanszék

Az Észak-Amerikából származó selyemkóró (*Asclepias syriaca*) és betyárkóró (*Conyza canadensis*) hazánkban is inváziós gyomnövényként számontartott fajok, amelyek agresszívan terjednek a mezőgazdasági területeken, valamint a természetes és féltermészetes élőhelyeken egyaránt. Elterjedésük révén nemcsak a kultúrnövények terméshozamát veszélyezteti, hanem jelenlétükkel kiszoríthatják az őshonos flóra fajait is. Különösen elterjedtek a Duna-Tisza közti nyílt homokpusztagyepeken, ami a fokozottan védett tartós szegfű (*Dianthus diutinus*) és sok más védett növényfaj élőhelye. Az inváziós gyomnövények számos növényi vírus számára szolgálnak gazdanövényül és egyben tápnövényei különböző rovar vektoroknak, melyek közvetítésével a vírusok átterjedhetnek a kultúr-, illetve az őshonos növényekre is. A nagy áteresztőképességű szekvenálási technológiák (HTS) megjelenése új lehetőséget kínál a gyomnövényekben és őshonos növényfajokban előforduló vírusok jelenlétének és diverzitásának átfogó feltárására.

Kutatásom célja egy védett tanösvényen előforduló a selyemkóró és betyárkóró, valamint az itt élő szegfűk viromjának meghatározása HTS-el, hogy felmérjük annak lehetőségét, hogy a gyomnövények vírusrezervoárként jelenthetnek-e veszélyt a védett növényfajainkra. A mintagyűjtés a Bodoglárhoz tartozó Tartós szegfű tanösvény több pontján zajlott, olyan helyszíneken, ahol a három vizsgált növényfaj egymás közelében fordult elő. HTS módszerként RNS szekvenálást használtunk, a mintákból tisztított nukleinsavak felhasználásával. A szekvencia adatok bioinformatikai elemzését a CLC Genomics Workbench program segítségével hajtottam végre. Az elemzések során kimutatott Dregea volubilis vírus 2 vírus (DvV2) jelenlétét a selyemkóróban és a tartós szegfűben RT-PCR-rel igazoltam. A PCR-rel kapott termékeket klónoztam, majd nukleotid sorrendjüket Sanger-szekvenálással határoztuk meg. A selyemkóróban és a tartós szegfűben a vírus ugyanazon variánsát azonosítottuk. Ezen eredményünk arra utal, hogy a selyemkóró a DvV2 vírusrezervoárja lehet. Annak eldöntésére, hogy ez a vírus jelent-e veszélyt a tartós szegfű esetében még további vizsgálatok szükségesek.