

# Egy új, CH2 törzsbe tartozó Pepino mozaik vírus izolátum megjelenése Magyarországon

**Juhász Hedvig Ágnes** Növényorvos Msc, nappali, Növényvédelmi Intézet Integrált  
Növényvédelmi Tanszék

*Belső témavezető:* **Dr. Turóczy György** egyetemi docens Magyar Agrár és Élettudományi  
Egyetem, Szent István Campus, Integrált Növényvédelmi Tanszék

*Külső témavezető:* **Dr. Almási Asztéria** tudományos főmunkatárs Hun-REN ATK  
Növényvédelmi Intézet

A pepino mozaik vírus (*Pepino mosaic potyvirus*, PepMV), egyre jelentősebbé válik a paradicsomtermesztésben. Először Peruban azonosították ezt a potexvírust, pepino növényeken, majd elterjedt Európában beleértve Magyarországot is először az EU törzs volt jelen, mostanra azonban több európai országban is a CH2 törzs vált dominánssá. Gyakran egyszerre is előfordulnak ezek a törzsek. Hazánkban nem történt felmérés jelenleg melyik törzs milyen arányban van jelen a fertőzött állományokban. A PepMV a *Tymovirales* rendben belül az *Alphaflexiviridae* családba tartozik. Jelenleg öt PepMV törzset/genotípust tartanak számon; az eredeti perui (LP) törzset, az európai (EU) törzset, az észak-amerikai (US1/CH1) törzset, a chilei-2 (CH2) törzset, valamint nemrégiben felfedezett perui vadparadicsom növényben talált PES törzset. A PepMV a *Solanaceae* családba tartozó paradicsomon megjelenő tüneteinek intenzitása és jellege izolátumonként, és genotípuson belül is eltérő lehet. A fertőzés mechanikailag könnyen átadható, így terjedése a fertőzött növények mechanikai érintkezésével a leggyakoribb. A PepMV elleni keresztvédettség csak paradicsomnövények esetén működik. A növényeket gyengített izolátumokkal oltják be, így megelőzhető a virulens izolátumok felszaporodása. A vizsgálatok során *Nicotiana tabacum* cv *Xanthi nc* valamint *Solanum lycopersicum* cv *MoneyMaker* teszt növényeket használtunk. A növényi minták fertőzése mechanikailag történt 4 leveles korukban. A PepMV köpenyfehérjét (CP) kódoló gén és a TGB (Tripartite Gene Block) fehérjét kódoló gén egy szakaszának nukleotid sorrendjét a tisztított PCR termékből meghatároztuk. Az egyes vírus izolátumok DNS szakaszainak a forward és reverz szekvenciáit illesztettük egymáshoz (Clone Manager 7 szoftver) és összehasonlítást végeztünk a MEGAX szekvenciaelemző program segítségével. Az össznukleinsav kivonás minden mintánál eredményes volt, nem bomlott le az RNS. A PCR termékek hossza a nukleotid

szekvencia meghatározás alapján 742 bázispár (bp) volt. Az NCBI génbankban található PepMV törzsek közül a MU14\_7.11b\_Ra spanyol izolátummal (MK860536 génbanki szám) mutatta a legnagyobb azonosságot, 99,37%-ot, amely a CH2 törzsbe tartozik. A filogenetikai törzsfa készítéséhez a génbankból különböző törzsbe tartozó szekvenciákat vizsgáltunk. Az általunk izolált vírus szekvenciák közül 3-mat választottunk PepMV 39,40,54. A vizsgálatok során a három saját izolátumunk a CH2-es kládba tartozik. A korábban 2004-ben azonosított hazai izolátum még az EU genotípusú törzsbe tartozott. Vizsgálatainkban megbizonyosodhattunk, hogy az európai régiókhöz hasonlóan Magyarországon is megjelent a CH2 genotípus, és az általunk vizsgált minták mind ebbe a kládba kerültek.