

A selyemkóró vírusrezervoár szerepe

Péri Lilla Dorottya

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Növényorvos mesterképzés, nappali munkarend

Növényvédelmi Intézet, Növénykórtani tanszék

Belső témavezetők:

Dr. Várallyay Éva, tudományos tanácsadó, NVI, Növénykórtani Tanszék, Genomikai Kutatócsoport

Nagyné Dr. Galbács Zsuzsanna, tudományos munkatárs, NVI, Növénykórtani Tanszék, Genomikai Kutatócsoport

A növényi vírusfertőzésekkel szemben jelenleg nincs rendelkezésünkre álló növényvédelmi technológia. Ezért a gyomnövények, mint vírusrezervoárok által jelentett kockázat felmérése kulcsfontosságú lehet a növénypatogén virális kórokozók terjedésének és fennmaradásának megelőzésében. A vírusrezervoár szerep megismerése különösen fontos lehet az invazív növények esetén, melyek új vírusok vagy variánsok megjelenésében is nagy szerepet játszhatnak. A selyemkóró (*Asclepias syriaca*) Észak-Amerikából származó invazív gyomnövény, mely Magyarországon egyre nagyobb területen van jelen. Kedveli a bolygatott, tápanyagban gazdag talajt, így gyakran megjelenik mezőgazdasági művelés alatt álló területeken is, ahol gyomnövényként nagy károkat okozhat. A szakirodalomban ismert, hogy elterjedt és jelentős károkat okozó növénypatogén vírusok, mint például az uborka-mozaikvírus (CMV) és a dohány-mozaikvírus (TMV) gazdanövénye lehet, így elterjedése egy új fertőzési forrás megjelenésének veszélyét hordozza magában. Az új vizsgálati módszerek, többek között a nagy áteresztőképességű szekvenálási technikák (HTS) fejlődése, lehetővé teszi a selyemkórón előforduló további vírusok kimutatását és diagnosztikai vizsgálatát.

Diplomadolgozatomban egy Kecskeméten található szőlősből és egy Csepelen található meggyültetvényből gyűjtött selyemkóró mintákat vizsgáltam. A begyűjtött selyemkóró növények levelei közül több is vírusos megbetegedésre utaló tüneteket mutatott. A mintákból totál nukleinsavat tisztítottam, majd DNáz-os kezelés után a minták szekvenálása Illumina platformon történt. A kapott szekvenciák elemzését a CLC programban végeztem el. A bioinformatikai elemzés több vírus lehetséges jelenlétét mutatta ki, melyek közül két vírus

RNS-ét független módszerekkel is visszaigazoltam. Az uborka mozaik vírus (CMV) jelenlétét mindkét mintavételi területről származó mintákból RT-PCR és lateral flow szerológiai gyorseszteszt segítségével is validáltam. A csopaki mintában a Wuhan aphid virus 2 (WHAV-2), jelenleg bizonytalan besorolású Jingmenvírusok közé tartozó, ssRNS (+), 4 szegmensű genommal rendelkező kórokozó jelenlétét RT-PCR-el igazoltam vissza. A WHAV-2-t eddig, a szakirodalom alapján, csak levéltetű fajokból és zöldborsóból mutatták ki. Magyarországi jelenléte és selyemkóró gazdanövénye eddig még nem volt ismert. Eredményeim rávilágítanak arra, hogy a selyemkóró jelentős szereppel bírhat vírusrezervoárként, ezzel növelve invazív gyomnövényként okozott kártételét.