

# NÖVÉNYVÉDELEM

A Földművelésügyi Minisztérium tudományos lapja

51. évfolyam 12. szám, 2015. december



KÖSZÖNTJÜK A 25 ÉVES MEZŐGAZDASÁGI BIOTECHNOLÓGIAI  
KUTATÓINTÉZETET



A KÖRNYEZETBARÁT NÖVÉNYVÉDELEMÉRT ALAPÍTVÁNY

# NÖVÉNYVÉDELEM

Megjelenik havonként

Előfizetési díj a 2015. évre AFA-val: 6900 Ft  
A Növényorvosi Kamara és a Magyar Növényvédelmi Társaság tagjainak 6400 Ft/év  
Egyes szám AFA-val: 690 Ft + postaköltség  
Diákoknak 3900 Ft/év

Szerkesztőbizottság:

Elnök: Eke István

Rovatvezetők:

Csóka György (erdővédelem)  
Hartmann Ferenc (gyomyszabályozási technológia)  
Mészáros Zoltán (rovartan)  
Palkovics László (növénykórtan, virológia)  
Petróczy Marietta (növénykórtan)  
Ripka Géza (rovartan, akarológia)  
Solymosi Péter (gyombiológia, gyomyszabályozás)  
Szántóné Veszelka Mária (rovartan, technológia)  
Szeőke Kálmán (rovartan, most időszerű)  
Vétek Gábor (rovartan, technológia)  
Vörös Géza (technológia, rovaratan)

A Szerkesztőbizottság munkáját segítik:

Dzsudzsák Szilvia (HOI)  
Danesházy Zsuzsanna (angol nyelv)  
Böszörményi Ede (angol nyelv)  
Mihályi Krisztina (szerkesztőségi titkár)

Főszerkesztő: Balázs Klára

Szerkesztőség:

Budapest II., Herman Ottó út 15.  
Postacím: 1525 Budapest, Pf. 102.  
Telefon: (1) 39-18-645  
Fax: (1) 39-18-655  
E-mail: balazs.klara@agrar.mta.hu

Felelős kiadó: Mezőszentgyörgyi Dávid  
a Herman Ottó Intézet főigazgatója

Kiadó:

A Környezetbarát Növényvédelemért Alapítvány  
1022 Budapest, Herman Ottó út 15.

Együttműködő partner:

MTA Agrártudományi Kutatóközpont  
Növényvédelmi Intézet

Megrendelhető a Szerkesztőség címén, illetve előfizethető az Alapítvány K&H 10400054-00502306-00000000 számú csekkszámláján.

ISSN 0133-0829

Készítette az AGROINFORM Kiadó és Nyomda Kft.  
Felelős vezető: Stekler Mária  
2015/45

# PLANT PROTECTION

ÚTMUTATÓ A SZERZŐK SZÁMÁRA

A közlemények terjedelmét a mondanivaló jellegé szabja meg, de ne legyen a kettes sortávolságra nyomtatott szöveg a mellékletekkel együtt 15 oldalnál hosszabb. A kéziratot bevezető, anyag és módszer, eredmények (következtetések, köszönetnyilvánítás), irodalom fő fejezetekre kérjük tagolni és a Szerkesztőség címére elektronikus levélben beküldeni. A közlemény címét a Szerző(k) neve, munkahelye és a rövid összefoglaló kövesse, a dolgozat az irodalommal fejeződjön be. A táblázatok és ábrák (címjegyzékkel együtt) a dolgozat végére kerüljenek. Csak jó minőségű, lasernyomtatóval készült ábrát, illetve fekete-fehér fotót fogadunk el. Színes diát és színes fotót csak a borítóra kérünk. Belső színes ábrák elhelyezésére közlési díj befizetése vagy szponzor anyagi támogatása esetén van lehetőség.

Az angol nyelvű összefoglaló új oldalon kezdődjön. Magyar és angol nyelven kulcsszavak közlése is szükséges.

A kéziratban csak a latin neveket kérjük kurzívval (egyszeri aláhúzás vagy italic nyomtatás) jelölni, egyéb tipizálás mellőzendő. A technológia részbe szánt kézírathoz összefoglalót nem kérünk. A Szerkesztőség csak az előírásoknak megfelelő eredeti kéziratot fogad el.

A Szerkesztő bizottság az internet honlapokról származó adatokra való hivatkozásokat nem tartja elfogadhatónak, ezért felhívja a Szerzők figyelmét, mellőzzék ezeket. Kivételt képeznek az interneten „on-line” elérhető tudományos folyóiratok, amelyek lektorált, szakmailag ellenőrzött dolgozatokat közölnek. Az ezekre történő hivatkozás esetén a szokásos bibliográfiai adatokat kell megadni.

A kézirat beadásával egyidejűleg kérjük a Szerző(k) személyi adatait (név, lakcím, munkahely, munkahely címe, telefon, fax, e-mail) megadni.

## CÍMKÉP:

25 éves a Mezőgazdasági  
Biotechnológiai Kutatóintézet  
(NAIK MBK)

## COVER PHOTO:

The Agricultural Biotechnology Institute  
(ABC) of the National Agricultural  
Research and Innovation Center (NARIC)  
is 25 years old

## ÜDVÖZLET AZ OLVASÓNAK!

2014. január 1-jével megkezdte működését a Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ (NAIK). A gödöllői székhellyel megalapított központ tizenhárom agrár- és élelmiszergazdasághoz kapcsolódó kutatóintézet összevonásával, működésének összehangolásával jött létre és további négy kutatóintézet gazdasági társaságként csatlakozott hozzá. A NAIK intézeteinek kutatási tevékenysége lefedi a mezőgazdaság minden jelentős területét, beleértve a halászatot, szántóföldi növény-, dísnövény-, gyümölcs- és zöldségnevelést, szőlészeti és borszati kutatásokat, állattenyésztést és nemesítést, öntözést és vízgazdálkodást, mezőgazdasági gépészetet, erdészeti kutatásokat, mezőgazdasági biotechnológiát, élelmiszertudományt és agrárkörnyezet-tudományt, valamint a hozzá kapcsolódó oktatási és szaktanácsadási tevékenységet.

A Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ (NAIK) mint szervezet, példa nélkül áll Magyarországon az agrárkutatás területén, hiszen az ágazathoz kapcsolódó kutatási egységek, intézetek még soha sem tartoztak egy szervezetbe. Eddig nem volt arra precedens, hogy a kutatási célok, feladatok kitűzése, megosztása ilyen szervezetten történhetett volna, mint a 2014. január 1-jén létrehozott NAIK keretei között.

Az új intézmény révén olyan integrált agrárkutató hálózat jött létre, amely magas színvonalon képes a magyar agrárgazdaság versenyképességének növelését és a fenntartható fejlődését elősegítő gyakorlatorientált kutatási-fejlesztési és innovációs programok kidolgozására és végrehajtására.

A NAIK tevékenysége során szakmai szempontból a következő területek rendelkeznek prioritással:

- a fenntartható mezőgazdasági termelés feltételrendszerét maximális mértékben támogató kutatások, ideértve a biológiai sokféleség megőrzését és a természeti erőforrások (víz, talaj, levegő) védelmét, valamint a biológiai folyamatokban rejlő védekezési lehetőségek kiaknázását (pl. agroerdészet),
- a klímaváltozás elleni küzdelem,
- a gazdaságok energetikai függetlenségének növelése a melléktermékek hasznosításának előmozdításával és/vagy energiaszegény agrotechnikai eljárások alkalmazásával,
- az ország energetikai függetlenségének javítása a mezőgazdaságban keletkező szerves anyagok környezetbarát módon történő energetikai célú hasznosításával,
- az állattenyésztés és a növénytermelés egyensúlyát javító technológiák fejlesztése, különös tekintettel az állattenyésztésből kikerülő és a növénytermelésben fölhasznált szerves anyagok arányának növelésére,
- a társadalom élelmezés-minőségének javítása, többek között az édesvízi haltenyésztés és ezen keresztül a halfogyasztás növelésével,
- a társadalom minőségi táplálkozásának elősegítése magas minőségű, illetve funkcionális élelmiszerek kifejlesztésével.

A NAIK legfiatalabb intézete a Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézet (NAIK MBK), azonban 25 éves működése során olyan jelentős kutatási tevékenységet indított el, amellyel már a kezdeti évek során felkerült a világ jelentős élettudományi kutatóintézeteinek térképére, így méltán nevezünk az intézetet a NAIK „zászlóshajójának”. Úgy gondolom, hogy e jubileumi számban található írások is ezt támasztják alá.

**Jenes Barnabás**  
főigazgató

Megjelenik havonként

Előfizetési díj a 2015. évre ÁFÁ-val: 6900 Ft  
A Növényorvosi Kamara és a Magyar Növényvédelmi Társaság tagjainak 6400 Ft/év  
Egyes szám ÁFÁ-val: 690 Ft + postaköltség  
Diákoknak 3900 Ft/év

Szerkesztőbizottság:

Elnök: Eke István

Rovatvezetők:

Csóka György (erdővédelem)  
Hartmann Ferenc (gyomyszabályozási technológia)  
Mészáros Zoltán (rovartan)  
Palkovics László (növénykórtan, virológia)  
Petróczy Marietta (növénykórtan)  
Ripka Géza (rovartan, akarológia)  
Solyosi Péter (gyombiológia, gyomyszabályozás)  
Szántóné Veszelka Mária (rovartan, technológia)  
Szeőke Kálmán (rovartan, most időszerű)  
Vétek Gábor (rovartan, technológia)  
Vörös Géza (technológia, rovaratan)

A Szerkesztőbizottság munkáját segítik:

Dzsudszák Szilvia (HOI)  
Dancsházy Zsuzsanna (angol nyelv)  
Böszörményi Ede (angol nyelv)  
Mihályi Krisztina (szerkesztőségi titkár)

Főszerkesztő: Balázs Klára

Szerkesztőség:

Budapest II., Herman Ottó út 15.  
Postacím: 1525 Budapest, Pf. 102.  
Telefon: (1) 39-18-645  
Fax: (1) 39-18-655  
E-mail: balazs.klara@agrar.mta.hu

Felelős kiadó: Mezőszentgyörgyi Dávid  
a Herman Ottó Intézet főigazgatója

Kiadó:

A Környezetbarát Növényvédelemért Alapítvány  
1022 Budapest, Herman Ottó út 15.

Együttműködő partner:

MTA Agrártudományi Kutatóközpont  
Növényvédelmi Intézet

Megrendelhető a Szerkesztőség címén, illetve előfizethető az Alapítvány K&H 10400054-00502306-00000000 számú csekkszámláján.

ISSN 0133-0829

Készítette az AGROINFORM Kiadó és Nyomda Kft.  
Felelős vezető: Stekler Mária  
2015/45

ÜTMUTATÓ A SZERZŐK SZÁMÁRA

A közlemények terjedelmét a mondanivaló jellege szabja meg, de ne legyen a kettes sortávolságra nyomtatott szöveg a mellékletekkel együtt 15 oldalnál hosszabb. A kéziratot bevezető, anyag és módszer, eredmények (következtetések, köszönetnyilvánítás), irodalom fő fejezetekre kérjük tagolni és a Szerkesztőség címére elektronikus levélben beküldeni. A közlemény címét a Szerző(k) neve, munkahelye és a rövid összefoglaló kövesse, a dolgozat az irodalommal fejeződjön be. A táblázatok és ábrák (címjegyzékkel együtt) a dolgozat végére kerüljenek. Csak jó minőségű, lasernyomtatóval készült ábrát, illetve fekete-fehér fotót fogadunk el. Színes diát és színes fotót csak a borítóra kérünk. Belső színes ábrák elhelyezésére közlési díj befizetése vagy szponzor anyagi támogatása esetén van lehetőség.

Az angol nyelvű összefoglaló új oldalon kezdődjön. Magyar és angol nyelven kulcsszavak közlése is szükséges.

A kéziratban csak a latin neveket kérjük kurzívval (egyszeri aláhúzás vagy italic nyomtatás) jelölni, egyéb tipizálás mellőzendő. A technológia részbe szánt kéziratához összefoglalót nem kérünk. A Szerkesztőség csak az előírásoknak megfelelő eredeti kéziratot fogad el.

A Szerkesztő bizottság az internet honlapokról származó adatokra való hivatkozásokat nem tartja elfogadhatónak, ezért felhívja a Szerzők figyelmét, mellőzzék ezeket. Kivételt képeznek az interneten „on-line” elérhető tudományos folyóiratok, amelyek lektorált, szakmailag ellenőrzött dolgozatokat közölnek. Az ezekre történő hivatkozás esetén a szokásos bibliográfiai adatokat kell megadni.

A kézirat beadásával egyidejűleg kérjük a Szerző(k) személyi adatait (név, lakcím, munkahely, munkahely címe, telefon, fax, e-mail) megadni.

## CÍMKÉP:

25 éves a Mezőgazdasági  
Biotechnológiai Kutatóintézet  
(NAIK MBK)

## COVER PHOTO:

The Agricultural Biotechnology Institute  
(ABC) of the National Agricultural  
Research and Innovation Center (NARIC)  
is 25 years old

## ÜDVÖZLET AZ OLVASÓNAK!

2014. január 1-jével megkezdte működését a Nemzeti Agrárkutató és Innovációs Központ (NAIK). A gödöllői székhellyel megalapított központ tizenhárom agrár- és élelmiszergazdasághoz kapcsolódó kutatóintézet összevonásával, működésének összehangolásával jött létre és további négy kutatóintézet gazdasági társaságként csatlakozott hozzá. A NAIK intézeteinek kutatási tevékenysége lefedi a mezőgazdaság minden jelentős területét, beleértve a halászatot, szántóföldi növény-, dísznövény-, gyümölcs- és zöldségnevelést, szőlészeti és borszati kutatásokat, állattenyésztést és nevelést, öntözést és vízgazdálkodást, mezőgazdasági gépészetet, erdészeti kutatásokat, mezőgazdasági biotechnológiát, élelmiszertudományt és agrárkörnyezet-tudományt, valamint a hozzá kapcsolódó oktatási és szaktanácsadási tevékenységet.

A Nemzeti Agrárkutató és Innovációs Központ (NAIK) mint szervezet, példa nélkül áll Magyarországon az agrárkutató területén, hiszen az ágazathoz kapcsolódó kutatóintézetek, intézetek még soha sem tartoztak egy szervezetbe. Eddig nem volt arra precedens, hogy a kutatóintézetek célok, feladatok kitűzése, megosztása ilyen szervezeten történhetett volna, mint a 2014. január 1-jén létrehozott NAIK keretei között.

Az új intézmény révén olyan integrált agrárkutató hálózat jött létre, amely magas színvonalon képes a magyar agrárgazdaság versenyképességének növelését és a fenntartható fejlődését elősegítő gyakorlatorientált kutató-fejlesztési és innovációs programok kidolgozására és végrehajtására.

A NAIK tevékenysége során szakmai szempontból a következő területek rendelkeznek prioritással:

- a fenntartható mezőgazdasági termelés feltételrendszerét maximális mértékben támogató kutatások, ideértve a biológiai sokféleség megőrzését és a természeti erőforrások (víz, talaj, levegő) védelmét, valamint a biológiai folyamatokban rejlő védekezési lehetőségek kiaknázását (pl. agroerdészet),
- a klímaváltozás elleni küzdelem,
- a gazdaságok energetikai függetlenségének növelése a melléktermékek hasznosításának előmozdításával és/vagy energiaszegény agrotechnikai eljárások alkalmazásával,
- az ország energetikai függetlenségének javítása a mezőgazdaságban keletkező szerves anyagok környezetbarát módon történő energetikai célú hasznosításával,
- az állattenyésztés és a növénytermelés egyensúlyát javító technológiák fejlesztése, különös tekintettel az állattenyésztésből kikerülő és a növénytermelésben fölhasznált szerves anyagok arányának növelésére,
- a társadalom élelmiszer-minőségének javítása, többek között az édesvízi haltenyésztés és ezen keresztül a halfogyasztás növelésével,
- a társadalom minőségi táplálkozásának elősegítése magas minőségű, illetve funkcionális élelmiszerek kifejlesztésével.

A NAIK legfiatalabb intézete a Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézet (NAIK MBK), azonban 25 éves működése során olyan jelentős kutatóintézet tevékenységet indított el, amellyel már a kezdeti évek során felkerült a világ jelentős élettudományi kutatóintézeteinek térképére, így méltán nevezünk az intézetet a NAIK „zászlóshajójának”. Úgy gondolom, hogy e jubileumi számban található írások is ezt támasztják alá.

**Jenes Barnabás**  
főigazgató

## ÜDVÖZLET A NÖVÉNYVÉDELEM OLVASÓINAK!

Az a megtiszteltetés ért bennünket, hogy bemutatathatjuk a Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézetet (MBK) a Növényvédelem Tisztelt Olvasóinak. Intézetünk a Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ (NAIK) egyik alap intézménye. Az MBK feladata, hogy magas színvonalú alap és alkalmazott kutatást folytasson a növények és állatok nemesítése valamint a korszerű környezetvédelmi technológiák területén. Intézetünk működését mindig az újjító szándék, a legmodernebb technológiák alkalmazása jellemezte. Közszolgálati intézményként kiemelt céljaink között szerepel egy olyan kutatási és fejlesztési környezet megteremtése, amelyben a környezetvédelmi szempontokat, a természet megóvását és a hatékony energiafelhasználást célzó, korszerű technológiákat alkalmazzuk. További célunk, hogy olyan ismereteket, termékeket és szolgáltatást biztosítsunk, amelyek találkoznak a fenntartható fejlődés, a minőség és a fogyasztó-orientált élelmiszertermelés igényeivel. Összefoglalva, az MBK kutatási tevékenységének legfontosabb célja a magyar mezőgazdaság versenyképességének fokozása.

Az MBK szoros kapcsolatot ápol a NAIK társintézményeivel, MTA kutatóintézetekkel, nemzetközi kutatóintézetekkel és nem utolsósorban egyetemekkel. Tevékenységünk egyik kiemelt területe a képzés, továbbképzés és oktatás. Az MBK-ban felhalmozott tudást kívánjuk a legszélesebb körben terjeszteni a középiskolától kezdve az egyetemi képzésen át a kutatói és szakember utánpótlás kineveléséig valamint tevékenységünk megismertetése és népszerűsítése a szélesebb körben szakemberek és érdeklődők számára. Ezért is örömeinkre szolgál, hogy tevékenységünk egy szeletével a Növényvédelem olvasóit is megismertethetjük.

Az MBK négy szervezeti egységből épül fel:

A Növénybiotechnológiai Főosztály kutatócsoportjai a gazdaságilag fontos haszonnövények és modell szervezetek biokémiai, fiziológiai, sejtbiológiai, epigenetikai és fejlődésbiológiai jelenségeit vizsgálják.

A Genetikai Főosztály legtöbb projektje a gazda – patogén kölcsönhatások tanulmányozására irányul mind állati, mind növényi rendszerekben, beleértve a „hasznos” kölcsönhatásokat, a szimbiózisokat is.

Az Állatbiotechnológiai Főosztály célja a legmodernebb nemzetközi kutatási trendek hazai igényekhez történő adaptálása, kérődző, baromfi, nyúl és modellorganizmusok esetén.

A Genomikai Főosztály csoportjai különböző témákon dolgoznak, így a genomika (hazánkban elsőként elvégezve az őshonos mangalica fajták teljes örökítőanyagának meghatározását), virális kórokozók genomikai módszerekkel történő azonosítása, és dihaploid (egységes örökítőanyagot hordozó) növények előállítás, segítve és gyorsítva a nemesítők munkáját.

Ezek a témák jelentős része a növényvédelmet is szolgálja közvetlen, vagy közvetett módon. A termesztett és vadon élő növények is (melyek köztes gazdaként szolgálhatnak kórokozók számára) az éghajlatváltozás okán is egyre jobban ki vannak téve kórokozók támadásának. Új és új invazív vírusok, gombák, baktériumok jelennek meg, olyanok is, melyekkel korábban nem találkozott a természet, továbbá ezek a kórokozók rendkívül változatosak lehetnek, áttörve a korábbi rezisztenciákat. Ezért is fontos, hogy ezeket a kórokozókat időben felismerjük, azonosítsuk, ellenük lehetséges védekezési stratégiákat dolgozzunk ki, így támogatva a növényvédelmet.

Ebbe a munkába nyújt bепillantást a Növényvédelem eme tematikus száma. Reméljük, hogy ezzel sikerül a korszerű növényvédelem „hátszögébe” is betekintést nyújtanunk.

**Olasz Ferenc**  
igazgató

*Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézet*

## AZ RNS INTERFERENCIA SZEREPE A NÖVÉNYEK PATOGÉNEKKEL SZEMBENI VÉDEKEZÉSÉBEN ÉS A FEJLŐDÉSBIOLÓGIAI FOLYAMATOKBAN

Bálint Jeannette<sup>1</sup>, Kis András<sup>1</sup>, Taller Dénes<sup>1</sup>, Nagy Tibor<sup>1</sup>, Barta Endre<sup>1</sup>, Molnár János<sup>2</sup>, Tusnády E. Gábor<sup>2</sup>, Marincs Ferenc<sup>1</sup> és Havelda Zoltán<sup>1</sup>

<sup>1</sup>NAIK- Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézet, 2100 Gödöllő, Szent-Györgyi Albert út 4.

<sup>2</sup>Enzimológiai Intézet, MTA Természettudományi Kutatóközpont, 1117, Budapest, Magyar Tudósok körútja 2.

E-mail: balintjeannette@abc.hu

*A nem régiben felfedezett RNS interferencia jelensége egy olyan molekuláris mechanizmus, amely képes a génextpresszió finom szabályozására. A folyamat főszereplői a szabályozó kis RNS-ek, amelyek poszt-transzkripcionális gátlás révén képesek a cél RNS-re hatást gyakorolni. Növényekben, jelen esetben paprikában és búzában az új-generációs szekvenálás (NGS) segítségével számos fontos szabályozó kis RNS-t találhatunk, amelyek szerepet játszanak a fejlődésbiológiai folyamatokban és a növény-patogén interakciókban. A új szekvenálási technológia létrejötte lehetővé teszi, hogy genom szinten analizáljunk és felderítsünk új kis RNS-eket, amelyekhez új funkciókat rendelhetünk, megfejtethetjük, hogy milyen molekuláris mechanizmusokban játszanak szerepet és hogy, miként vesznek részt a patogének elleni védekezés kialakításában. Kutatásunk célja, olyan kis RNS-ek, valamint ezek cél mRNS-ének analizálása és detektálása, amelyek valamilyen módon közre játszanak a fejlődési folyamatokban és az antipatogén védekezési mechanizmusokban. Ehhez mintáinkat mindkét vizsgált növény esetén a termésből vettük, hogy a termés érés során nyomon tudjuk követni a kis RNS-ek expressziós szintjét és hogy figyelni tudjuk változásukat a különböző fejlődési stádiumokban.*

**Kulcsszavak:** RNS interferencia, patogén, miRNS, siRNS, paprika, búza

### RNS interferencia

Egy növény élete során számos megjósolhatatlan környezeti hatással találkozik, melyekre választ kell adnia a fennmaradásához. A környezeti tényezőkhöz való alkalmazkodása, az adaptációs képessége és a fiziológiai állapotának rugalmassága teszi lehetővé, hogy a különböző biotikus (patogének, kártevők, talaj mikrofaunája), és abiotikus (fény, hőmérséklet, levegő, víz, szél) stresszre reagálni tudjanak (Balmer és Mauch-Man 2013). A növények reakciója, egymással összefüggő biológiai folyamatok sorozata, melyek egy bonyolult hálózati rendszert alkotnak. A környezeti hatásokra adott reakcióért felelős mechanizmusok biológiai háttere igen bonyolult, ezért ezek megfejtésére, csak az utóbbi idők technikai fejlődése adhat választ (Hoffmann 2011).

Jelen cikkben, egy nem régiben feltárt új szabályozási mechanizmust szeretnénk taglalni, mely a hírvívő RNS (mRNS) transzkripcióját követően, poszt-transzkripcionális szinten szabályozza a gén expressziót, ezzel fontos szerepet betöltve a fejlődésbiológiai folyamatokban és a stressz válaszokban. Ez a szabályozási mechanizmus a RNS interferencia, amely jelen van gyakorlatilag minden eukarióta szervezetben (Balmer és mtsai 2013).

Az RNS interferenciát először növényekben figyelték meg, mint jelenséget, majd később majdnem az összes eukarióta szervezetben, beleértve a protozoákat, nematódákat, rovarokat, emlősöket és az embert is. Növényekben az RNS interferencia jelenségének felfedezését egy transzgenikus rendszerben írták le, ahol a kísérlet eredeti célja az volt, hogy a petúnia virágának a lila színét elmélyítsék. 1990-ben R.

Jorgensen laboratóriuma megvizsgálta, mi történik, hogy ha a virág lila színét kialakító gént módosítják (Agrawal és mtsai 2003). A szírom a lila színt egy chalkon-szintáz (*CHS*) nevű enzimnek köszönheti. Ez az enzim kulcsszerepet játszik a virág színét kialakító antocián bioszintézisben. Ennek gátlása vagy serkentése a szírmok pigmentátságát módosíthatja. Jelen esetben a cél a *CHS* túltermeltetése volt a *CHS*-t kódoló transz-gén genomba történő beépítésével. A *CHS* mRNS túltermelése azonban egyes transzgenikus vonalakban azt eredményezte, hogy a petúnia növények elvesztették mind az endogén, mind a transzgen *CHS* aktivitást és a virágok különböző színekben jelentek meg vagy teljesen kifehéredtek (Napoli és mtsai 1990). Ennek a folyamatnak a molekuláris hátterét akkor még nem tudták pontosan meghatározni. Ma már tudjuk, hogy a *CHS* transzgen túltermeltetése egyes estekben előidézte az RNS interferencia működését, mely az endogén és a transzgen mRNS-ek szekvencia specifikus lebomlásához vezetett, így megakadályozva az antocián képződést. Ez a jelenség a koszupresszió, amely egy merőben új RNS alapú génszabályozást írt le.

Ezzel azonos időben másik két laboratórium szintén leírta, hogy az átíródó transzgenek lecsökkentették a homológ endogén gének mRNS szintjét (Ingelbrecht és mtsai 1994) (Vander és mtsai 1990). A koszupresszió minden esetben az endogén és a transzgen mRNS-ek degradációját okozza (Kooter és mtsai 1999). Ezután számos irodalmi adat keletkezett a koszupresszióról, mint jelenségről, ami megfelel az új RNS alapú szabályozásnak az RNS interferenciának.

Az RNS interferencia egy szekvencia specifikus mechanizmus, melynek alapját a kis RNS-ek adják. Ezek a kis RNS-ek 21-24 nukleotid hosszúságúak (Ding és mtsai 2007). Ez a rendszer nemcsak az mRNS degradációját érinti, hanem szerepet játszik az mRNS-ek translációs gátlásában és a kromatin struktúra kialakításban is (Kruszka és mtsai 2012).

A kis RNS-ek két fő csoportra bonthatók, mikro RNS-ekre (miRNS) és kis interferáló RNS-ekre (siRNS). A két csoport működési

mechanizmusát tekintve sok esetben megegyezik egymással, azonban lényegi különbségek is megmutatkoznak a két eltérő kis RNS útvonalában. Munkánk során a szabályozó kis RNS-ek működésének és szerepének biológiai hátterét vizsgáljuk.

## A miRNS-ek

Az első miRNS gént a *lin-4*-et fonálféregben (*Caenorhabditis elegans*) fedezték fel Ambros és munkatársai 1993-ban, mint endogén szabályozó gént, mely a lárvák egyedfejlődési folyamataiban játszik szerepet (Bartel 2004). A növényi miRNS-eket 2002-ben fedezték fel és ezt követően, több mint 1000 miRNS-t azonosítottak különböző fajokban. A legtöbb növény több mint 100 miRNS génnel rendelkezik, melyek főként az intergenikus régiókban, a genomban szétszórva helyezkednek el (Kestrel és Xuemei 2013). Leginkább a fejlődésbiológiai hatásmechanizmusokban játszanak szerepet, de több mint 18 miRNS családot írtak le különböző fajokban, melyek fontos szerepet töltenek be az abiotikus stresszre adott válaszokban, úgy, mint a hideg és hő tűrés, só tűrés, szárazság tűrés és UVB hatása (Sunkar és mtsai 2012). Ezen felül részt vesznek a biotikus stresszre adott válaszok kialakításában is, úgy mint a baktérium elleni védekezés kialakítása, a bakteriális patogének elleni védekezés, növény-vírus kölcsönhatás (Balmer és Mauch-Man 2013), valamint a nematódák és számos növényt károsító patogének elleni védekezésben (Voinnet 2008).

## A miRNS-ek keletkezése

A miRNS-ek rövid 21–24 nukleotid hosszú, fehérjét nem kódoló, endogén származású kis RNS-ek. Ez azt jelenti, hogy az élő szervezet önmagában tartalmazza azt a gént, melyről az érett miRNS keletkezni fog. Ez az úgynevezett miRNS gén (*l. ábra*). A miRNS génről a sejtmagban először keletkezik egy elsődleges miRNS, a (pri-miRNS), mely egy hajtű szerű struktúrát vesz fel. Ezt a szerkezetet, egy speciális endonukleáz (Dicer) enzim elhasítja, majd ezt követően kialakul a prekursor miRNS (pre-



miRNS). Növények esetében a pre-miRNS-t még a sejtmagban a Dicer enzim újra elhasítja. Ezt követően a sejtmagból a citoplazmába már a miRNS/miRNS\* duplex jut ki (1. ábra). A duplaszálú miRNS egyik szála beépül egy kulcsfontosságú fehérjébe, az ARGONAUTA fehérjébe, a másik szála pedig általában eliminálódik. Az ARGONAUTA fehérje központi eleme az RNS indukálta csendesítő komplexnek (RISC). A RISC többféle útvonalon is képes kifejteni a hatását, előidézheti az mRNS hasítását és degradációját, vagy translációs gátlását (1. ábra).

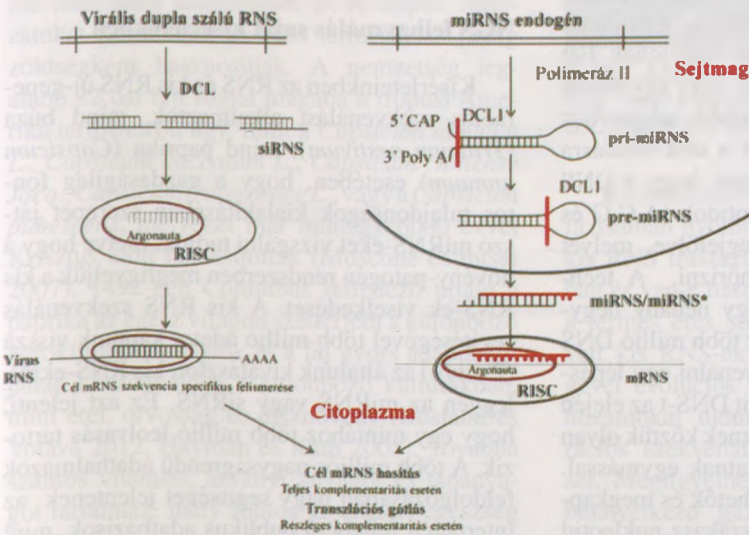
**A siRNS-ek**

Az RNS interferenciát, mint a géncsendesítés kísérletes technikáját fedezték fel először, majd további kutatások arra következtettek, hogy ennek a rendszernek természetes funkciói is vannak. Növényekben, ilyen az invazív nukleinsavak (transzgenek, traszpozonok,

viroidok) elleni védekezés, amely például az antivirális mechanizmusokban játszik fontos szerepet. Ennek feltétele, hogy az élő szervezet, jelen esetben növényt egy vírus megtámadjon. A vírusfertőzést követően a növényi sejten az exogén származású egyszálú vírus RNS-ből duplaszálú RNS termékek keletkeznek. Ezek az RNS-ek, kisebb 21–22 bázispár hosszúságú darabokra darabolódnak a Dicer enzim hasításának köszönhetően. Ezt követően a keletkezett siRNS-ek egy szálú formában beépülnek a RISC-be. Miután a siRNS beépült a RISC-be, az ARGONAUTA fehérje elhasítja a cél vírus RNS-t. Ebben az állapotukban az RNS-ek sebezhetővé válnak, és degradálódnak (1. ábra) (Carthew és Sontheimer 2009).

**NGS- Új generációs szekvenálás**

A technológia fejlődésének köszönhetően ma már nem csak a régi módszerekkel tudjuk meghatározni egy adott élőlény genom, gén vagy kis RNS információ tartalmát. Napjainkban az új generációs szekvenálás (*Next Generation Sequencing, NGS*) a molekuláris biológia egyik legmeghatározóbb eszközévé vált. A molekuláris biológia feladata a „kód” megfejtése. Ahhoz, hogy megfejtsük a kódot, nagy mennyiségű információra van szükségünk. Kezdetben nehézkes volt a genomban tárolt információk megfejtése, mára azonban az egyre jobban fejlődő szekvenálási technikáknak köszönhetően nagyságrenddel kevesebb idő alatt nagyságrenddel több információhoz juthatunk. Munkánkhhoz mi is az új generációs szekvenálást választ-



1. ábra. miRNS és siRNS útvonala. A virális duplaszálú RNS-ből a DCL hasítása során kis interferáló RNS-ek keletkeznek. Az egyik szál beépül az ARGONAUTA fehérjébe, mely a RISC központi fehérjéje. Létrejön az RNS csendesítő komplex (RISC). A beépült szál szekvencia specifikusan megtalálja a cél mRNS-t, oda vonzza a RISC-et, majd elhasítja. Az endogén duplaszálú miRNS-ből szintén a DCL aktivitásának köszönhetően először pri-miRNS, majd pre-miRNS keletkezik. Kialakul a miRNS/miRNS\* duplex. Az egyik szál beépül a RISC-be, majd a szál komplementaritása alapján felismeri a gátolni kívánt mRNS-t, melyet vagy elhasít vagy translációsan gátol.

tottuk. Az Illumina által forgalmazott technológiát alkalmaztuk, melyet korábban a Solexa cég fejlesztett ki. Ez volt az első rövid leolvasásokat végző technika. Ennek segítségével nem csak DNS-t és RNS-t, hanem kis RNS-ek szekvenálását is el lehet végezni. A technika alapja egy bridge (hid)-amplifikációs módszer. A szekvenálni kívánt DNS-t rövid 100 nukleotid hosszúságú részekre darabolják. Kis RNS szekvenálás során kis RNS könyvtárakat kell készítenünk, az Illumina által gyártott protokoll alapján. Az elkészült könyvtárak a mi általunk szintetizált cDNS-ekből állnak, így ebben az esetben is a DNS-t tudják darabolni. Miután kisebb részekre darabolták a DNS-t egy adenint (A) kapcsolnak a kis darabok 3' végéhez. Ezt követően minden egyes darabhoz egy ismert bázissorrendű timinnel (T) kezdődő darabot illesztenek, mely specifikitást ad a szekvenálni kívánt résznek. Miután kémialag egyszálúvá tették a fragmentumot, rácsatlakoztatják egy olyan szekvenáló lemezre, mely az adapterrel komplementer DNS részt tartalmazza. Ezek az adapterek egyben indító szekvenciái is az ismeretlen DNS darabot felszaporító reakciónak. Ezt követően a szintetizálódott szál, vagy egy másik szállal hibridizál, vagy egy újabb adapterhez kapcsolódik. Ezzel előkészítik a szekvenálásra a mintát. A szekvenálás lényege, hogy a DNS szintézis során beépülő nukleotidok (A,C,G és T) fluoreszcensen vannak megjelölve, melyet CCD kamerával tudnak ellenőrizni. A technológia nagy előnye, hogy egy néhány négyzet centiméteres lemezen akár több millió DNS fragmentumot lehet megszekvenálni egy lépésben. Mivel a szekvenálni kívánt DNS-t az elején több kisebb darabra törték, lesznek köztük olyan részek, amelyek átfedést mutatnak egymással. A szekvenciák így összeilleszhetők és megkapjuk belőle a kiindulási DNS szakasz nukleotid sorrendjét ([www.illumina.com](http://www.illumina.com)). Ehhez fejlett robottechnika, nagy kapacitású számítógépek szükségesek, így ezt mint szolgáltatást tudjuk igénybe venni. A modern technológia segítségével mára már több élőlény teljes genomját, azaz teljes genetikai készletét ismerjük, így a búzáét és a paprikáét is. Ennek a technikának a

segítségével már számos molekuláris biológiai folyamat háttéré egyértelműbbé vált.

### miRNS-k a patogének elleni védekezésben

Az kis RNS szekvenálási kísérletek által sikerült, olyan miRNS típusokat kimutatni, melyek mennyisége megváltozott a növény-patogén interakció során, ezzel igazolva, hogy a miRNS-eknek szerepe van a növény védekezési mechanizmusában is. Ilyen miRNS-eket találtak paradicsomban, szójababban, lucernában és káposztafélékben is. Paradicsomban a miR158, miR394 és miR399 kapcsolatban áll a *Rhizoglyphus regularis* fertőzéssel, a lucernában a miR399, miR169 és miR171 kölcsönhatásban áll a *Sinorhizobium meliloti* jelenlétével (Balmer és Mauch-Man 2013). A paprika, csak úgy, mint számos szabadföldi termesztésű gazdaságilag fontos növény, rengeteg kórokozónak van kitéve. A növényi vírusokkal szemben különösen érzékeny kultúrnövény.

### NGS felhasználás saját kísérletekben

Kísérleteinkben az RNS és kis RNS új-generációs szekvenálást alkalmaztuk, mind búza (*Triticum aestivum*), mind paprika (*Capsicum annuum*) esetében, hogy a gazdaságilag fontos tulajdonságok kialakításában szerepet játszó miRNS-eket vizsgálni tudjuk, illetve hogy a növény-patogén rendszerben megfigyeljük a kis RNS-ek viselkedését. A kis RNS szekvenálás segítségével több millió adatot kaptunk vissza (2. ábra) az általunk kiválasztott kis RNS-ekről, legyen az miRNS vagy siRNS. Ez azt jelenti, hogy egy mintához több millió leolvasás tartozik. A több milliós nagyságrendű adathalmazok feldolgozásában nagy segítséget jelentenek az interneten fellelhető publikus adatbázisok, mint például a miRBase (<http://www.mirbase.org/search.shtml>). Bioinformatikai elemzésekre alkalmas program a miRDeep (<https://www.mdberlin.de/8551903/en>), ami az eddig leírt miRNS-eket tartalmazza és a miRCat (<http://rna-workbench.cmp.uea.ac.uk/tools/analysis-tools/mircat/>), mellyel miRNS-eket tudunk kreálni a szekvenálási adatinkból. A The Pepper

Genome Database (http://peppersequence.genomics.cn/page/species/index.jsp), egy édes paprika, a Zunla részleges genomját, és egy mexikói csipős ősfajta, a Chiltepin (*Capsicum annuum* var. *glabriusculum*) genomját tartalmazza, amellyel összetudjuk hasonlítani a mi eredményeinket és kiindulási pontként felhasználva újabb kis RNS-eket írhatunk le.

Csoportunk egy magyar édes fajtával a „Fehérözönnel” és a paprika mexikói botanikai ősével a „Chiltepinnel” foglalkozik (3. ábra). Választásunk azért esett a paprikára, mert a *Capsicum* nemzetség diverz termés mérettel, formával és színnel rendelkezik, ennek is köszönhető elterjedése, domesztikálása és népszerűsége a mezőgazdaságban és a piacon, ma már, mint *hungaricum* is. A csipős változatokat fűszerként, az édes termésűeket pedig zöldségként hasznosítják. A nemzetség legalább 32 ősi fajt foglal magába a trópusi Amerika területeiről, úgy, mint a *Capsicum annuum* L., *Capsicum baccatum* L., *Capsicum chinense* Jacq., *Capsicum frutescense* L., vagy a *Capsicum pubescens*, melyeket már mintegy 6000 évvel Krisztus előtt házasítottak (Moscone és mtsai 2007). 1492-ben Columbus felfedező útjain a paprika az egész világon szétterjedt a különböző agroklimatikus régiók és a faj gyors adaptációjának köszönhetően a különböző kultúrákban, mint étel, orvosság és dísznövény (Bosland és Votava 2012, Hayman és Kam 2008). Továbbá számos vitamint, ásványi anyagot és tápanyagot tartalmaz, mely fontos az emberi egészség számára is. Diploid faj, fakultatív, önbeporzó növény, mely közeli rokonságban áll a burgonyával (*Solanum tuberosum*), paradicsommal (*Solanum lycopersicum*), dohányossal (*Nicotiana tabacum*) padlizsánnal (*Solanum melongena*) és a petúniával (*Petunia*). A *Solanaceae* család tagjainak kromoszóma száma  $n=12$ , így a paprikáé is, azonban genom méretükben eltérők (Kim és mtsai 2014).

rpm/read per millió	Nyers read szám	Adapterek nélkül	-tRNS; -rRNS; -snRNS
Fehérözön	205076492	191701512	183795581
Tepin	30642699	28567663	27195083

2. ábra. Szekvenálás után visszakapott milliós nagyságrendű adathalmaz a két vizsgált paprika fajtában. Ezen eredmények fokozatos szűkítésével kaptuk az alábbi adatokat. A nyers read szám a teljes adathalmazt tartalmazza összevonva a mintáinkat. A szekvenálás során jelölésésként alkalmazott adapterek eltávolítása után már csökkent a leolvasások száma. Ezt követően kivettük a nagyságban, típusban nem oda illő RNS-ek halmazát.



3. ábra. A kísérlet során használt paprika fajták  
A, D: Tepin (*Capsicum annuum* var. *glabriusculum*);  
B, C: Fehérözön (*Capsicum annuum*)

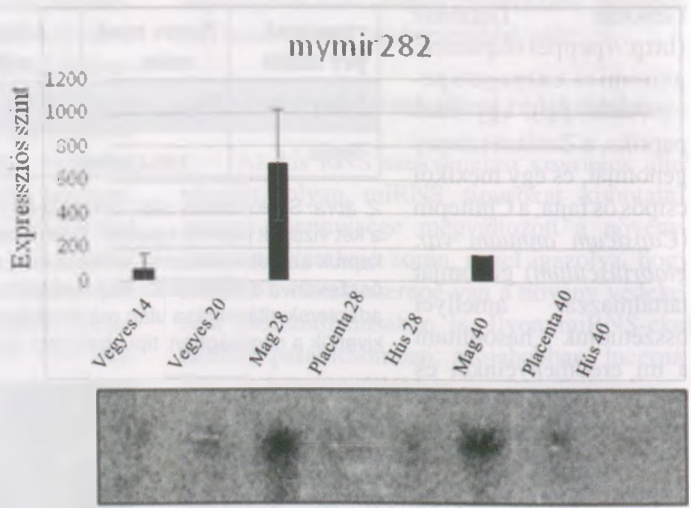
Kísérleteink során a termés érés különböző fázisaiban nyomon követjük, miként változik a kis RNS transzkriptom az adott fejlődési fázisban és van-e hasonlóság vagy éppen különbség a termés érés során a különböző szövetekből vett kis RNS-ek között. Az ősi típus segítségével evolúciós különbségeket vagy epp párhuzamokat tudunk visszakeresni az új-generációs szekvenálás nyújtotta genom analízissel. Megfigyelhetjük, hogy a nemesítés során bekövetkező gazdasági tulajdonságok változása, köthető-e a kis RNS-ekhez és ha igen, melyek azok. Új, eddig le nem irt miRNS-eket határozhatunk meg (4. ábra) és biológiai hátteret kapcsolunk hozzá, valamint megfigyeljük szerepüket a növény védekezési mechanizmusában.

A paprika termését négy különböző fejlődési fázisban vizsgáltuk. Mintát vettünk 14, 20, 28 és 40 napos terméséből, valamint ezt

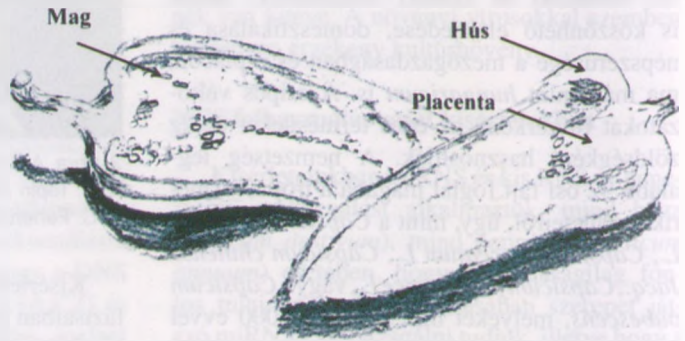
tovább bontva külön vizsgáltuk a magok, a placenta és a hús RNS és kis RNS tartalmát (5. ábra).

Az össz RNS kivonatból kis RNS könyvtárakat készítettünk a fent említett Illumina által gyártott protokoll alapján, majd a minákat elküldtük szekvenáltnak. Minden minta rendelkezik egy párhuzamosan elkészített biológiai ismétléssel, így a kapott eredményeket ennek megfelelően tudtuk értékelni. A szekvenálás eredményeként sikerült azonosítanunk már ismert, konzervatív miRNS-eket, illetve számos új, prediktált miRNS-t is (4. és 6. ábra).

Szekvenálási eredményeink, azonban nem csak a miRNS-ek fontosságára hívták fel a figyelmünket. Az új generációs szekvenálási technológiák segítségével mind egyik mintánkban megtaláltuk az úgynevezett *Bell pepper endornavirus*-t. Kivételesen több, mint 3000 a vírusra illeszkedő leolvasást kaptunk mintánként. Ez azt jelenti, hogy a vírus teljes genomját nézve, több mint 3000 különböző helyről képződhet kis RNS. Az *Endornaviridae* családba tartozó nagy lineáris duplaszálú RNS vírus, melynek genom mérete 14728 bázispár. Képes megfertőzni a növényeket, gombákat és magas határfokon képes továbbítani a fertőzést a magok vagy spórák által (Fukuhara és mtsai 1995). Gazdasági szempontból fontos növényeket fertőz, úgy mint rizs (Moriyama és mtsai 1995), árpa (Zabalgogeaicoa és Gildow 1992) vagy a paprika (Valverde és Gutierrez 2007). Mind egyik vírus jelentős károkat képes okozni a növény fejlődése során, ami jelentős termés kiesést jelenhet a mezőgazdaság számára.



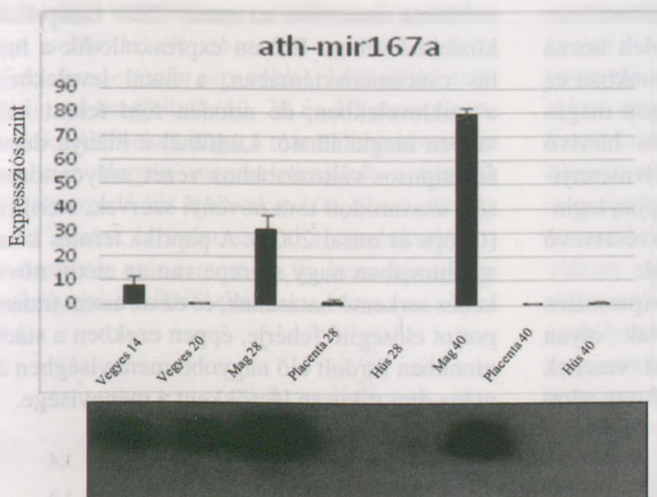
4. ábra. Prediktált miRNS. A mymir282 visszaigazolása bioinformatikai és kis RNS Northern hibridizációs módszerrel



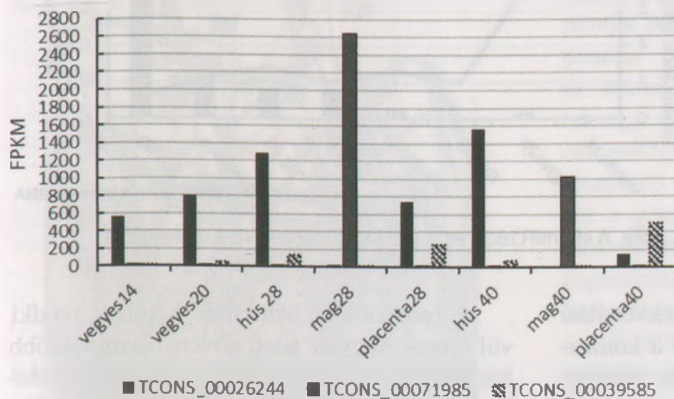
5. ábra. A paprika termés különböző szöveti részei, melyekből mintát vettünk

## Genom szintű mRNS analízis

Az Illumina technológia Sanger szekvenáláson alapul és tömeges leolvasást tesz lehetővé, így párhuzamosan több millió rövid fragmentumot képes szekvenálni. Az általunk használt eszköz nyolc reakcióterrel (sávval) rendelkezik, melyeken egy időben egymástól független minták vizsgálhatóak. Eredményül minden sávon sok millió rövid leolvasást (read) kapunk, ami kétirányú szekvenálás és megfelelő lefedettség mellett alkalmas lehet a „de novo” transzkriptom összeszereléshez is. Azonban ha rendelkezésre



6. ábra. Konzervatív miRNS. A miR167a visszaigazolása bioinformatikai és kis RNS Northern hibridizációs módszerrel



7. ábra. Három kiemelt szövetspecifikus mRNA expressziós mintázata

áll a vizsgált faj genomszekvenciája annak felhasználásával kisebb lefedettség mellett is nagy biztonsággal összefűzhetőek a leolvasott rövid szekvenciák. Az így felépített mRNS-eknek a rövid read-ek abundanciája alapján mintaként számszerűsíthető az expressziós szintje.

A módszer magas érzékenységgű, tiszta, teljes képet és mennyiségi információt is ad a kódoló mRNS-ekről, így lehetővé teszi akár új, ritka vagy kis mennyiségben előforduló transzkriptumok szövetre vagy fejlődési stádiumra jellemző expressziós mintázatainak meghatározását, és lehetőséget ad olyan genomszintű összehasonlító vizsgálatok elvég-

zésére, amivel közelebb kerülhetünk a vizsgált biológiai folyamatok rendszerszintű megértéséhez. További előnye, hogy alkalmazásához nem szükséges a vizsgálni kívánt mRNS-ekre vonatkozó előzetes szekvencia ismeret.

Ezek alapján érthető miért tudott az Illumina alapú mRNS-szekvenálás (*mRNS-Seq*) módszere ilyen gyorsan elterjedni a növénykörtani állapotok, biológiai folyamatok és más transzkriptum alapú összehasonlító vizsgálatok körében. A mi vizsgálatunkban a paprikatermés különböző szövetein alkalmaztuk ezt a módszert, a kapott adatokat több különböző módon is felhasználtuk.

Az általunk meghatározott mRNS profilok összehasonlításával adott a lehetőség olyan mRNS-ek kiemelésére, amik jelentős expressziós változást, vagy szövet specifikus génexpressziót mutatnak. Az mRNS-ekhez az internetes adatbázisok felhasználásával hozzá lehet rendelni a fehérje annotációt, ami lehetőséget ad a funkció prediktálására is. Mi az expressziós értékeket

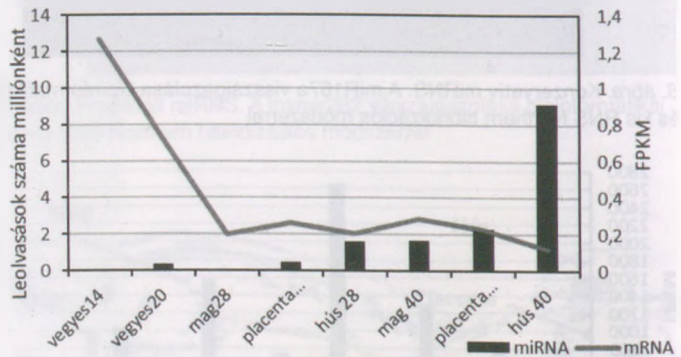
FPKM-ben (*Fragments per kilobase of exon per million reads mapped*), ami a kiválasztott mRNS exonjaira illeszkedő read-ek, egymillió illesztett read-re és a kiválasztott exon hosszára normalizált száma. A mi esetünkben ez a 0-tól a 662027 között változott. A 7. ábrán három olyan mRNS expressziós szintjét ábrázoltuk, amelyek az annotációjuk alapján részt vesznek a növényi védekezési válaszában. A TCONS-00026244 mRNS a burgonyában leírt SNAKIN-2 fehérjével mutat hasonlóságot, aminek leírták az antimikrobiális hatását. Vizsgálatunkban az mRNS főleg a terméshúsban és a korai stádiumokban fejeződött ki. A TCONS-

00071985-ös mRNS-hez egy a lúdfűben leírt CYT5 nevű proteináz inhibitorot rendelt hozzá a bioinformatikai program. Vizsgálatunkban ez az mRNS kizárólag a magban mutatott magas expressziót. A TCONS-00039585-ös hírvívő RNS a placentában fordult elő nagyobb mennyiségben, és szekvencia hasonlóság alapján leginkább egy a hiperszenzitív reakcióban résztvevő fehérjéhez (PR-R1\_TOBAC) áll közel.

A fehérje annotációk és az expressziós mintázat ismeretében kiválaszthatóak olyan mRNS-ek, amelyek jó eséllyel részt vesznek az általunk vizsgált folyamatokban és egy adott szövetre, fejlődési stádiumra jellemzőek.

A miRNS-ek potenciális célmolekuláinak azonosítása jelenleg bioinformatikai módszerek, programcsomagok segítségével történik. Az mRNS-ek és a kis RNS-ek együttes mélyszekvenálása növelheti a bioinformatikai programok megbízhatóságát és segíthet megérteni ennek a bonyolult szabályozási hálózatnak a vizsgált sejt, szövet vagy organizmus tulajdonságait meghatározó molekuláris vonatkozásait. Az mRNS szekvenálási adataink lehetővé tették, hogy mind a konzervatív mind az új, általunk prediktált miRNS-ekhez hozzárendeljünk lehetséges célpont mRNS-eket, fehérje annotációt és az így hozzárendelt rokon fehérje, korábban leírt funkcionális jellemzőit. Ezek az adatok lehetővé teszik a miRNS és a potenciális célpont mRNS szintjének párhuzamos vizsgálatát. Amennyiben itt egy fordított arányosság van a két molekula expressziós szintje között, az jelentősen növeli ennek a szabályozási folyamatnak a valószínűségét. A sly-mir 160a konzervatív miRNS és az általunk prediktált célpont mRNS expressziója jól mutatja a miRNS alapú szabályzásra jellemző mintázatot (8. ábra). Az általunk prediktált target a Swissprot adatbázisban szereplő fehérjék közül az *Arabidopsis*-ban leírt Protein TORNADO 1 (TRN1) fehérjével mutatja a legszorosabb hasonlóságot. Ez

a fehérje részt vesz az auxin (IES) bazipetális közlekedésében. Erősen expresszálódik a hajtás csúcsmerisztémában, a fiatal levelekben, a sziklevelekben, de minden föld feletti szövetben megtalálható. Lúdfűnél a hiánya durva fenotipusos változásokhoz vezet, súlyos törpesség, csavarodott torz növényi szervek, sterilitás (Cnops és mtsai 2006). A paprika termés korai stádiumaiban nagy szerepe van az auxin növekedés serkentő hatásának, és ez az auxin transzportot elősegítő fehérje, éppen ezekben a stádiumokban fordult elő nagyobb mennyiségben és utána drasztikusan lecsökkent a mennyisége.



8. ábra. A sly-miR160a és a prediktált cél mRNS expressziója

A molekuláris nemesítés korában rendkívül fontos, hogy az adott növényről minél több, lehetőleg genom szintű információ álljon rendelkezésre. Az mRNS-ek és a miRNS-ek vizsgálatával lehetőségünk nyílik bepillantani a szöveti fejlődés molekuláris működésébe. A különböző fejlődési stádiumok vizsgálatával esélyt kapunk a molekuláris szabályzó elemek és folyamatok időbeli feltárására. Kutatási programunk célja, hogy egy jól működő vizsgálati rendszert állítson fel, és ennek felhasználásával genom szintű képet adjon a paprika termésfejlődése során lejátszódó RNS szintű változásokról.

### Búza NGS szekvenálás

Hasonlóképpen a paprikához, új generációs szekvenálási technika segítségével elkészítettük a hexaploid búza ( $2n = 6X = 42$ , AABBDD) kis RNS és RNS (transzkriptom) könyvtárát.

A Bánkúti 1201 búzavonal (*Triticum aestivum* ssp. *aestivum*) (9. ábra) és egy tönkölybúza (*Triticum aestivum* ssp. *spelta*) különböző érési stádiumú magjaiból (10, 20 és 30 napos) vontunk ki RNS-eket, hogy a már előbbieken leírt módszer alapján megszekvenáljuk a bennük felhalmozódó kis RNS-eket (10. ábra). Az így nyert adatok bioinformatikai elemzésével azonosítottunk már ismert és új búza specifikus szabályozó kis RNS-eket.



9. ábra. A virágzás kezdetén megjelölt Bánkúti búzagalaszok



10. ábra. Különböző érési stádiumú búzamagok (10D – 10 napos; 20D – 20 napos; 30D – 30 napos)

Kísérleteink során szeretnénk megismerni azokat a mi- és siRNS-eket, amelyek szerepet játszanak a szemtermés kialakulásban, ugyanakkor szeretnénk összevetni a mai termesztett kenyérbúza kis RNS profilját egy ősi, a tudatos nemesítést megelőző időkből származó alfajéval (ssp. *spelta*). Az egyes kis RNS-ek cél mRNS-eit tartalmazó RNS könyvtárakat is felhasználva választ kaphatunk azokra a kérdésekre, hogy vajon mik azok az expressziós, vagy kis RNS szabályozás általi módosulások, melyek a tudatos nemesítés hatására jöttek létre és a kenyérbúza mai fenotípusát eredményezték.

Számos növényfajnál leírták, hogy a szabályozási folyamatokban résztvevő kis RNS-ek expressziója az egyes növény-patogén kapcsolatok által módosul (Balmer és Mauch-Mani 2013). Fény derült több olyan kis RNS expressziójának a csökkenésére, melyek célpontjai patogén válaszokban résztvevő (pathogenesis related-PR) fehérjék mRNS-ei (Li és mtsai 2010). Paradicsomban azonosítottak egy olyan mikro-RNS-t (miR482), amely cél mRNS-e szintén egy patogén válaszban résztvevő fehérjét (NBS-LRR) kódol. Ráadásul a géncsendesítés következményeként számos siRNS keletkezik, melyek más PR-fehérje expresszióját is lecsökkentik. Kimutatták, hogy baktérium, vagy vírus fertőzés hatására a miR482-es kis RNS szintje lecsökken, ezáltal pedig az érintett PR-fehérjék szintje megnő (Shivaprasad és mtsai 2012). Egyszikű példát is megemlítve, búzában 24 kis RNS szintje változott meg lisztharmat (*Erysiphe graminis* f. sp. *tritici*) fertőzés hatására. A kísérletben bizonyították, hogy egy lisztharmat-rezisztenciagént hordozó búza vonalban a miR156-os kis RNS szintje szignifikánsan alacsonyabb volt a nem rezisztens kontroll fajtához képest a gombafertőzést követően. Ugyanígy alacsonyabb volt a miR393 kis RNS szintje, amely cél mRNS-e egy auxin-válaszban felelős faktor (Xin és mtsai 2010).

Kísérleteinkben spontán lisztharmat-fertőzés következtében rendelkezünk olyan RNS és kis RNS könyvtárakkal, melyeket összehasonlítva az egészséges növényével további következtetéseket vonhatunk le a növény-patogén

kapcsolatok terén. A fertőzésnek kitett búza (mind az *ssp. spelta*, mind az *ssp. aestivum*) mintákban azonosítottunk egy olyan leiratlan kis RNS-t, amely nagy mennyiségben volt jelen, ugyanakkor más leközölt búza kis RNS könyvtárakban nem megtalálható, kivéve egy szintén lisztharmat-fertőzött növényből készített kis RNS könyvtárban (NCBI – GSM803794). A továbbiakban szeretnénk tisztázni az említett kis RNS esetleges növény-patogén válaszban kialakított szerepét, illetve további – a lisztharmat-fertőzéssel összefüggésbe hozható expressziós változásokat feltárni a könyvtárainkban.

### Köszönetnyilvánítás

A búza új-generációs kis RNS és RNS szekvenálása a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alap (AGR\_PIAAC\_13-1-2013-0074) támogatásával valósult meg.

A paprika új-generációs kis RNS és RNS szekvenálása az OTKA K109438 számú pályázat támogatásával valósult meg.

### IRODALOM

- Agrawal, N., Dasaradhi, P.V.N., Mohammed, A., Malhotra, P., Bhatnagar, R.K. and Mukherjee\* S.K. (2003) RNA Interference: Biology, Mechanism, and Applications, 67(4): 657–85.
- Balmer, D. and Mauch-Man, B. (2013): Small yet mighty-microRNAs in plants-Microbe Interactions. *MicroRNA* 2 72–79.
- Bartel, D.P. (2004): MicroRNAs: genomics, biogenesis, mechanism, and function. *Cell*, 116: 281–297.
- Bosland, P.W. and Votava, E.J. (2012): Peppers: Vegetable and spice *Capsicums*. *Crops Prod Sci Hortic*, 12: 1–11.
- Carthew, R.W. and Sontheimer, E.J. (2009): Origins and Mechanisms of miRNAs and siRNAs. *Cell*, 136 (4): 642–655.
- Cnops G., Neyt P., Raes J., Petrarulo M., Nelissen H., Malenica N., Luschnig C., Tietz O., Ditegou F., Palme K., Azmi A., Prinsen E. and Van Lijsebettens M. (2006): „The TORNADO1 and TORNADO2 genes function in several patterning processes during early leaf development in *Arabidopsis thaliana*.” *Plant Cell* 18: 852–866.
- Ding, S.W. and Voinnet, O. (2007): Antiviral immunity directed by smRNAs. *Cell*, 130: 413–426.
- Fukuhara, T., Moriyama, H. and Nitta, T. (1995): The unusual structure of a novel RNA replicon in rice. *J Biol Chem*, 270: 18147–18149.
- Griffiths-Jones, S., Grocock, R.J., Dongen, S., Bateman, A. and Enright, A.J. (2006): miRBase: microRNA sequences, targets and gene nomenclature. *Nucleic Acids Res*, 34: D140–144.
- Hayman, M. and Kam, P.C.A. (2008): Capsaicin: A review of its pharmacology and clinical applications. *Curr Anaesth Crit Care*, 19 (5-6): 338–343.
- Hoffmann B. (2011): Növénygenetika
- Ingelbrecht, I., H. Van Houdt, M. Van Montagu. and A. Depicker (1994): Post-transcriptional silencing of reporter transgenes in tobacco correlates with DNA methylation. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA* 91:10502–10506.106.
- Kestrel, R. and Xuemei, C. (2013): Biogenesis, Turnover and Mode of Action of Plant MicroRNAs. *The Plant Cell*, Vol. 25: 2383–2399.
- Kim, S., Park, M., Yeom, S.I., Kim, Y.M., Lee, J.M., Lee, H.A., Seo, E., Choi, J., Cheong, K., Kim, K.T., Jung, K., Lee, G.W., Oh, S.K., Bae, C., Kim, S.B., Lee, H.Y., Kim, S.Y., Kim, M.S., Kang, B.C., Jo, Y.D., Yang, H.B., Jeong, H.J., Kang, W.H., Kwon, J.K., Shin, C., Lim, J.Y., Park, J.H., Huh, J.H., Kim, J.S., Kim, B.D., Cohen, O., Paran, I., Suh, M.C., Lee, S.B., Kim, Y.K., Shin, Y., Noh, S.J., Park, J., Seo, Y.S., Kwon, S.Y., Kim, H.A., Park, J.M., Kim, H.J., Choi, S.B., Bosland, P.W., Reeves, G., Jo, S.H., Lee, B.W., Cho, H.T., Choi, H.S., Lee, M.S., Yu, Y., Do Choi Y, Park B.S, van Deynze A, Ashrafi H, Hill T, Kim W.T, Pai H.S, Ahn H.K, Yeam I, Giovannoni J.J, Rose J.K, Sørensen I, Lee S.J, Kim R.W, Choi I.Y, Choi B.S, Lim J.S, . and Choi D. (2014): Genome sequence of the hot pepper provides insights into the evolution of pungency in *Capsicum* species. *Nature genetics*, 270–277.
- Kooter, J. M., Matzke, M. A. and Meyer, P (1999): Listening to silent gene: transgene silencing, gene regulation and pathogen control. *Trends Plant Sc*, 4: 340–347.
- Kruszka, K., Pieczynski, M. and Windels, D. (2012): Role of microRNAs and other sRNAs of plants in their changing environments. *J Plant Physiol*, 169: 1664–1672.
- Li, Y., Zhang, Q., Zhang, J., Wu, L., Qi, Y. and Zhou, J.M. (2010): Identification of microRNAs involved in pathogen-associated molecular pattern-triggered plant innate immunity. *Plant physiology*, 152: 2222–2231.
- Moriyama, H., Nitta, T. and Fukuhara, T. (1995): Double-stranded RNA in rice: a novel RNA replicon in plants. *Mol Gen Genet*, 248: 364–369.
- Napoli, C., Lemieux, C. and Jorgensen, R. (1990): Introduction of chimeric chalcone synthase gene into *Petunia* results in reversible cosuppression of homologous genes in trans. *Plant Cell*, 2: 279–289.



- Shivaprasad, P.V., Chen, H.M., Patel, K., Bond, D.M., Santos, B.A. and Baulcombe, D.C.** (2012): A microRNA superfamily regulates nucleotide binding site-leucine-rich repeats and other mRNAs. *The plant cell*, 24: 859–874.
- Sunkar, R., Li, Y.F. and Jagadeeswaran, G.** (2012): Functions of microRNAs in plant stress responses. *Trend Plant Sci*, 17:196–203.
- Valverde, R. A. and Gutierrez, D.L.** (2007): Transmission of a dsRNA in bell pepper and evidence that it consists of the genome of an endornavirus. *Virus Genes*, 35:399–403.
- Vander Krol, A. R., L. A. Mur, M. Beld, J. N. M. Mol, and A. R. Stuitje** (1990): Flavanoid genes in petunia: addition of limited number of gene copies may lead to a suppression of gene expression. *Plant Cell*, 2:291–299.
- Voinnet, O.** (2008): Post-transcriptional RNA silencing in plant-microbe interactions: a touch of robustness and versatility. *Curr Opin Plant Biol*, 11:464–70.
- Xin, M., Wang, Y., Yao, Y., Xie, C., Peng, H., Ni, Z. and Sun, Q.** (2010): Diverse set of microRNAs are responsive to powdery mildew infection and heat stress in wheat (*Triticum aestivum* L.). *BMC plant biology*, 10:123.
- Zabalgoitia, I.A. and Gildow, F. E.** (1992): Double-stranded ribonucleic acid in 'Barsoy' Barley. *Plant Sci*, 83:187–194.

## THE ROLE OF THE RNA INTERFERENCE IN THE PROTECTION OF PLANTS AGAINST PATHOGENS AND IN THE DEVELOPMENTAL BIOLOGY PROCESSES

**Jeannette Bálint<sup>1</sup>, A. Kis<sup>1</sup>, D. Taller<sup>1</sup>, T. Nagy<sup>1</sup>, E. Barta<sup>1</sup>, J. Molnár<sup>2</sup>, G.E. Tusnády<sup>2</sup>, F. Marincs<sup>1</sup> and Z. Havelda<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>NARIC- Agricultural Biotechnology Institute, Gödöllő, 2100 Szent-Györgyi Albert street 4.

<sup>2</sup>Institute of Enzymology, Research Centre for Natural Sciences, Hungarian Academy of Sciences, 1117, Budapest, Magyar Tudósok körútja 2.

E-mail: balintjeannette@abc.hu

The recently discovered RNA interference is a molecular mechanism, which is involved in the fine regulation of gene expression and other important biological functions. The protagonists of the process are the small regulatory RNAs which are able to affect the target RNAs through post-transcriptional inhibition. In plants, in this case in pepper and in wheat, we can identify several important regulatory small RNAs using the Next-Generation Sequencing (NGS) technology playing role in developmental processes and plant-pathogen interactions. The discovery of NGS technologies allows the genome-wide investigation small RNAs and mRNAs. Thus we can assign new functions to the small RNAs identifying molecular mechanisms. In addition, we can also identify small RNAs participating in plant-pathogen interactions. The aim of our research is to reveal small regulatory RNAs, and their target RNAs, playing important role in developmental processes and anti-pathogene defence. To carry out our experiments we collected RNA samples from the developing fruits/seeds, both of the investigated plants, in order to follow the changes in gene expression levels of the small RNAs and mRNAs during the developmental processes.

**Keywords:** RNA interference, pathogen, miRNA, siRNA, pepper, wheat

## SZŐLŐÜLTETVÉNYEINK METAGENOMIKAI DIAGNOSZTIKÁJA ÚJ, HAZÁNKBAN EDDIG NEM LEÍRT VÍRUSOK JELENLÉTÉT MUTATTA KI

Czotter Nikoletta<sup>1</sup>, Szabó Emese<sup>1</sup>, Molnár János<sup>2</sup>, Pesti Réka<sup>1</sup>, Oláh Enikő<sup>1</sup>, Deák Tamás<sup>3</sup>, Blsztray György<sup>3</sup>, Tusnády E. Gábor<sup>2</sup>, Kocsis László<sup>4</sup>, Burgyán József<sup>1</sup> és Várallyay Éva<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézet, NAIK, 2100 Gödöllő, Szent-Györgyi A. u. 4.

<sup>2</sup>Enzimológiai intézet, MTA Természettudományi Kutatóközpont, 1117, Budapest, Magyar Tudósok körútja 2.

<sup>3</sup>Szőlészeti és Borászati Intézet, Szőlészeti Tanszék, Budapesti Corvinus Egyetem, 1118 Budapest, Villányi út 29-43.

<sup>4</sup>Pannon Egyetem, Georgikon Kar, Kertészeti Tanszék, 8360, Deák Ferenc utca 16.

Email: varallya@abc.hu

*A szőlőt igen sok kórokozó betegítheti meg, köztük 60 vírus és viroid. Munkánk során a hagyományos módszerek helyett egy alapvetően új megközelítési módot használtunk a szőlő vírusfertőzöttségének kimutatására: a vírus eredetű kisRNS-ek újgenerációs szekvenálását, amellyel hazánk különböző borvidégein, termő szőlőültetvények vírusdiagnosztikáját végeztük el. A felmérésünk két, hazánkban eddig nem leírt vírus: Szőlő Syrah vírus 1 és Szőlő Pinot gris vírus gyakori elterjedését mutatta ki. A vírusok jelenlétét RT-PCR-rel és hagyományos szekvenálással igazoltuk.*

**Kulcsszavak:** szőlő, vírus, diagnosztika, kisRNS-ek újgenerációs szekvenálása

A szőlőt több mint 60 vírus és viroid képes megfertőzni (Martelli, 2014), de a vírusos megbetegedések sokáig látensek maradhatnak. A változó éghajlat és a növény más kórokozókval való fertőzöttsége azonban a tőke egészségi állapotának romlásához vezethet, ami kedvez a vírusok elterjedésének. Az ekkor megjelenő tünetek ellen növényvédő szerekkel nem védekezhetünk, a vírusfertőzés termésvesztésget, az ültetvény leromlását, súlyos esetben pusztulását okozhatja. A fajtatulajdonságok fenntartása miatt vegetatívan szaporított és hosszú évtizedekig fenntartott szőlőültetvények egészségének kulcsa a vírusmentes szaporítóanyagok használatának és a vírusfertőzés terjesztéséért felelős vektorok elleni növényvédelemnek a kombinációja. A szaporítóanyagokban levő kórokozók hatékony kimutatása pedig a használt diagnosztikai módszerek érzékenységétől függ. A hagyományos vírusdiagnosztika a vírus köpenyfehérjéjének kimutatására tervezett szerológiai, illetve a vírus örökítő anyagának kimutatására használt molekuláris biológiai vizsgálatokra támaszkodik. Ezen módszerek használata azonban csak arra a kérdésre adhat választ, hogy egy

adott patogén jelen van-e a mintában, vagy sem? A mintában levő összes kórokozó kimutatására alkalmas biotesztek ugyan érzékenyek, de hosszú évekig tarthatnak, a tesztnövények használata drága, sok munkát, helyet igényel.

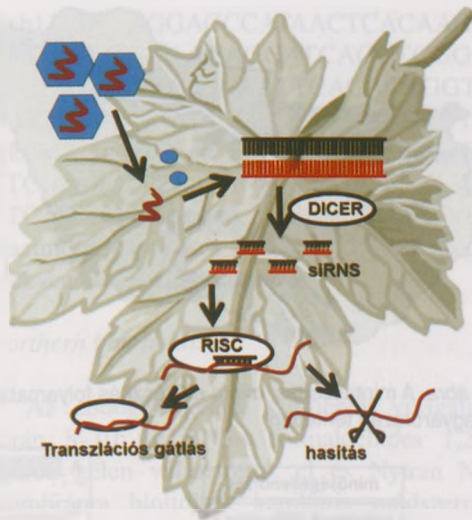
Az újgenerációs szekvenálások fejlődése és az RNS interferencia folyamatának felderítése új lehetőségeket nyitott a vírusdiagnosztikában is (Pantaleo és mtsai 2010, Navarro és mtsai 2009, Giampetruzzi és mtsai 2012).

Az újgenerációs szekvenálások („next generation sequencing–NGS”) a hagyományos, egy adott molekula bázis sorrendjét meghatározó, Sanger szekvenálással szemben alapvetően más kémiával és detektálási módszerrel működnek. A szekvenálás eredménye ebben az esetben a minta egészének nukleinsav sorrendje (több millió bázis szekvenciája). Ez tartalmazza a gazda, de kórokozóval való fertőzés esetén a kórokozó örökítő anyagának bázissorrendjét is. Ezzel a metagenomikai módszerrel arra is lehetőség nyílik arra, hogy egy ültetvényben jelenlevő összes vírus és viroid (virom) szekvenciáját megállapítsuk (Coetzee és mtsai 2010).

Virusfertőzés során a növény védekező rendszere (RNS interferencia vagy géncsenesítés) olyan specifikus reakciókat indít be, amelyek eredményeképpen a növény, a fertőző vírust lebontja (Csorba és mtsai 2009). A lebontás specifitását a vírus szekvenciájával megegyező szekvenciájú 21–25nt hosszúságú siRNS-ek („small interfering RNA–siRNA”) adják (Baulcombe 2004) (1. ábra). Mivel a virusfertőzés során a siRNS-ek a vírusról keletkeztek, a velük „töltött” komplex magát a vírus RNS-t találja meg és hasítja el, így gátolva meg a vírus replikációját és továbbterjedését. Vírussal, vagy viroiddal fertőzött növényben tehát jelen vannak a kórokozó szekvenciájával megegyező siRNS-ek, amelyek nukleotid sorrendje NGS-sel meghatározható (Pantaleo és mtsai 2010, Navarro és mtsai 2009), így a jelen lévő vírusok azonosíthatók, még akkor is, ha eddig teljesen ismeretlenek voltak (Wu és mtsai 2012, Giampetruzzi és mtsai 2012). Az újgenerációs szekvenáláson alapuló vírusdiagnosztika új vírusok azonosításához vezetett (Martelli 2014).

A Szőlő *Syrah virus1*-et (GSyV1), (feltételezett marafivirus-t), egy leromlást mutató kaliforniai Syrah ültetvényen Roche 454-es szekvenálással azonosították (Al Rwahnih és mtsai 2009) és párhuzamosan az USA délkeleti partján vad *Vitis* fajokban is megtalálták (Sabanadzovic és mtsai 2009). Azóta jelenlétét leírták Chilében (Engel és mtsai 2010), Washingtonban (USA) (Mekuria és Naidu 2010), Szlovákiában és Csehországban (Glasa és mtsai 2015), de az NCBI adatbázis tartalmaz GSyV1 szekvenciákat Kanadából (JX513896), Franciaországból (JN698963) és Olaszországból (FR877531) is.

A Szőlő *Pinot gris* vírust (GPGV), egy, a *Betaflexiviridae* családba tartozó trichovírust, beteg szürkebarát ültetvényen végzett kisRNS szekvenálással, Trentinóban írták le (Giampetruzzi és mtsai 2012). Az irodalomban található szakcikkek szerint megtalálható Koreában (Cho és mtsai 2013), Szlovákiában és Csehországban (Glasa és mtsai 2014), Franciaországban (Beuve és mtsai 2015), Szlovéniában (Plesko és mtsai 2014) és Kínában (Fan és mtsai 2015).



1. ábra. Az RNS interferencia működése a vírusok elleni védekezésben

A siRNS-ek a védekezési reakció során keletkeznek a vírus replikáció során létrejövő kétszálú RNS-ről (dsRNS) a növény egy RNáz aktivitással rendelkező enzime, a DICER, aktivitásának eredményeképpen. A siRNS-ek egyik szála beépül a géncsenesítés végrehajtó komplexébe, a RISC-be („RNA induced silencing complex”–RNS indukálta géncsenesítési komplex), ami felismer minden olyan RNS-t, ami szekvencia komplementaritást mutat a beépült kisRNS-sel és lebontja azt.

Munkánk során kisRNS-ek NGS-ével vírusdiagnosztikai felmerést végeztünk Magyarország 9 borvidékének 20 szőlőültetvényén, mely során a GSyV1 és a GPGV széleskörű elterjedését mutattuk ki.

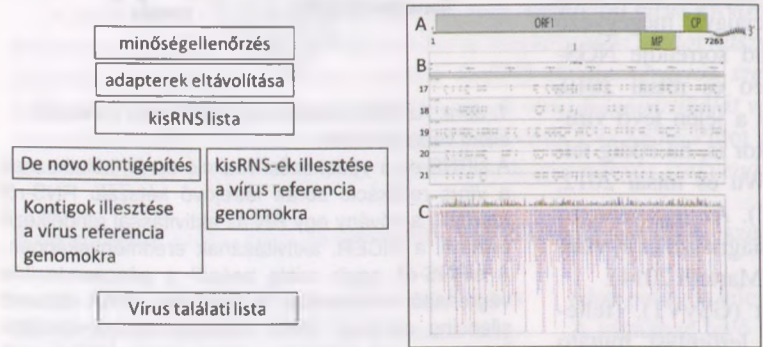
## Anyag és módszer

### Növény anyag és RNS kivonás

Vizsgálatainkhoz a szükséges növényanyagot Magyarország 9 különböző borvidékének, 20 mintavételi helyéről, ültetvényenként 5–10 véletlenszerűen kijelölt tőkeről gyűjtöttük be (2. ábra). A növényi minták különböző részeiből (levél, hajtáscsúcs, virág és kacs) RNS-t vontunk ki CTAB alapú módszerrel (Gambino és mtsai 2008). Az egyes szőlő minták szerveiből kivont RNS-ből egyed, illetve ültetvény szinten keveréket („pool”-t) állítottunk elő.



2. ábra. A mintaszedés, minta előkészítés folyamata. Az ábra bal oldalán a mintavételi helyeket tüntették fel Magyarország térképén



3. ábra. Bioinformatikai analízis folyamata  
Az ábra jobb oldalán a GPGV esetében kapott eredményeket illusztráltuk. A) A 7263nt hosszú GPGV genomszerveződése, ORF1 a feltételezett replikáz, MP a mozgást segítő fehérjét, CP a köpenyfehérjét jelöli. B) A de novo összeillesztett kontigok elhelyezkedése a GPGV genomon a 17–21 minta esetében. C) A kisRNS-ek illesztése a GPGV genomra a 14-es minta esetében. Piros színnel a kis RNS-ek genomhoz viszonyított szensz, kék színnel az antiszensz irányultságát jeleztük.

**KisRNS könyvtár készítés**

Az egyes ültetvények fentiek alapján elkészített RNS keverékéből 20–30 µg-nak megfelelő mennyiségű RNS-t 65 °C-on 20 percig denaturáltunk. Ezt követően az RNS mintákat 8%-os urea tartalmú poliakrilamid gélen választottuk el, a gélből kitisztítottuk a kisRNS frakciót, majd belőlük kisRNS cDNS könyvtárat készítettünk Illumina Truseq Small RNA Sample Preparation protokoll segítségével. A protokollnak megfelelően első lépésként az RNS molekulák 3’ és 5’ végeihez adapter szekvenciákat ligáltunk. Ezt követően reverz transzkripcióval cDNS-t szintetizáltunk, RevertAid H Minus Reverse Transcriptase (Thermo scientific) enzim

segítségével. Végül PCR reakcióban amplifikáltuk az adapterekkel ellátott kisRNS-eket. A kapott terméket visszaizoláltuk 8%-os urea mentes gélből, majd 1× TE pufferben oldottuk vizsza. A kisRNS cDNS könyvtárak szekvenálását az UD-Genomed Kft. végezte.

**Bioinformatikai adatfeldolgozás**

A nyers könyvtár szekvenciák jellemző adatainak kinyerésére és a szekvenálás minőségének ellenőrzésére FastQC programot használtunk. A primer és adapter szekvenciák eltávolítását, trimmelését Trimmomatic programmal végeztük. A trimmelt kisRNS szekvenciákat az NCBI RefSeq adatbázis növény vírus referencia szekvenciáihoz illesztettük. Az illesztéshez BWA aln programot alkalmaztunk. A kisRNS szekvenciákat *de novo* is összeillesztettük hosszabb darabokká („kontig”-okká) 13-as és 15-ös kmer méret beállítása mellett, a Velvet Software segítségével (Zerbino és Birney 2008). Az ismert szőlőt fertőző vírusok jelenlétét ezen kontig szekvenciák NCBI RefSeq adatbázis növény vírus referencia szekvenciáihoz illesztve kaptuk meg (3. ábra).

*Viruskimutatás RT-PCR-rel*

Az egyes szőlő minták ültetvény pooljaiból cDNS-t szintetizáltunk RevertAid kit (Revert Aid First Strand cDNA Synthesis kit-Thermo Scientific) segítségével és RT-PCR módszerrel vizsgáltuk a bioinformatika eredményei által előre jelzett szőlő vírusokat. A vírusok detektálására irodalomban publikált primereket használtunk: GSYV1 (Al Rwahnih és mtsai 2009, Sabanadzovic és mtsai 2009) és GPGV (Glasa és mtsai 2014) A vírus specifikus indítószekvenciákkal végzett DNS amplifikációt a Thermo Scientific Phire Green Hot Start II DNS polimeráz enzimmel végeztük. A kapott PCR termékeket agaróz gélen (1,2%) méret szerinti elválasztással, gélelektroforézissel ellenőriztük. A kapott termékek egy részének bázissorrendjét a tisztított PCR termékek hagyományos Sanger szekvenálásával is ellenőriztük. A Sanger szekvenálással meghatározott köpenyfehérje szekvenciák filogenetikai elemzését a MEGA6 program segítségével, a Maximum Likelihood módszer alapján végeztük. Referenciaként az adatbázisban található GSYV1 és GPGV szekvenciákat, illetve csoporton kívüli rokonként a GSYV1 esetében a *Grapevine rupestris vein feathering virus* (GRVVFV: AY706994), a GPGV esetében *Grapevine berry inner necrosis virus* (GINV:NC\_015220) köpenyfehérjéjének szekvenciáját használtuk.

*Szőlő endogén gének klónozása*

Kísérleteinkhez a GPGV és *Vitis vinifera* endogén gének (Rubisco, Elongációs faktor (Ef), Aktin) darabjait klónoztuk. Virusfertőzött szőlő RNS kivonatból random primert használva cDNS készítettünk a Thermo Scientific RevertAid First strand cDNA Synthesis kit segítségével. A cDNS-ről RT-PCR reakcióban felszaporítottuk a GPGV egy darabját (GPGV24F:GTGTAAGTCTTTAAAACACG, PGV7220R:GTTACGTGCTCCTATGAGAC) és pGEMTEasy vektorba klónoztuk. Az endogén gének darabjainak sokszorozását szintén RT-PCR reakcióban végeztük a következő indítószekvenciákat használva: Rubisco:

Rub1115F: AGGAGCCATAACTCACAAGG, Rub717R:GGAAACAGGATCAGCTGGGC, Ef:Ef2181F:TGATGCAATTCACAGAGGTG G,Ef2635R: CGGACCACTTATAGCTTGTC, Aktin:Actin601F:ACTGGTATTGTGCTGGA TTC,Actin1200R:GATGCAAGAATTGATC CTC. Az endogén gének darabjait BlueScriptKS plazmidba klónoztuk. A klónozás sikerességét szekvenálással ellenőriztük le.

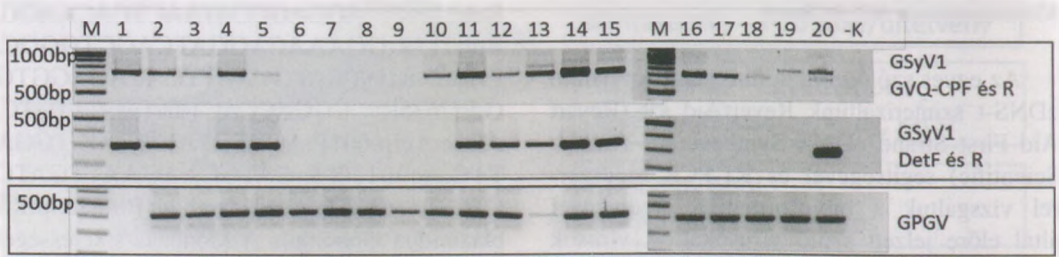
*Northern blot analízis*

Az endogén gének szintjének vizsgálata során 8–10 µg RNS-t formaldehides 1,2% agaróz gélen választottuk el és Nytran NX membránra blottoltuk kapilláris módszerrel, majd UV fényvel keresztkötöttük. A membránt Church pufferben előhibridizáltuk. A klónozott endogén gének darabjairól a Thermo Scientific Decalabel DNA labelling kit segítségével készítettünk radioaktívan P<sup>32</sup> izotóppal jelölt DNS próbát. A hibridizálást 65 °C-on egy éjszakán keresztül végeztük, majd mostuk a membránokat csökkenő sókoncentrációt (2xSSC-0,1XSSC 0,1% SDS-t) használva.

Az ismert mikroRNS-ek (miRNS-ek) vizsgálatához a totál nukleinsav kivonatokat 12%-os denaturáló poliakrilamid gélen választottuk el és Nytran NX membránra blottoltuk. A membránt 50°C-on hibridizáltuk miR168-ra és miR159-re specifikus LNA próbával (Varallyay és mtsai 2008).

**Eredmények és megvitatásuk***Virusdiagnosztikai ültetvényfelmérés kisRNS-ek újgenerációs szekvenálásával*

Munkánk során, az ország 9 borvidékének, 20 ültetvényének virusdiagnosztikáját végeztük el kisRNS-ek újgenerációs szekvenálásával. A nyers szekvenciák trimmelése után átlagosan 8 millió kisRNS szekvenciát, „read”-et, kaptunk könyvtárunként. A trimmelt kisRNS szekvenciákat, valamint a Velvet programmal végzett de novo szekvencia összeszereléssel kapott eredményeket az NCBI RefSeq adatbázis növény vírus referencia szekvenciáihoz illesztettük



4. ábra. A bioinformatikai elemzések eredményének igazolása vírus specifikus RT-PCR-rel. Az ültetvények RNS mintáiból cDNS-t szintetizáltunk. A cDNS-ről vírus specifikus indítószekvenciák segítségével PCR reakciót végeztünk. A GSYV1 esetében a DetF-DetR primerpár a metiltranszferáz, míg a GVQF-GVQR primerpár a köpenyfehérje gén egy részét sokszorozza. A keletkezett termékeket 1,2%-os agaróz gélen választottuk szét. A számok a tesztelt ültetvényeket jelzik, markerként 100bp plus Generulert használtunk. Negatív kontrollként egy egészséges növényből kivont RNS-ről írt cDNS templát szolgált.

(3. ábra). A referencia adatbázishoz illesztés során magas találatot kaptunk két vírusra, *Szőlő Syrah-1* (GSyV1: FJ436028) és *Szőlő Pinot gris* (GPGV: FR877530) vírusokra, melyek előfordulását magyarországi szőlő ültetvényeken eddig nem írták le. Az 1. táblázatban összefoglaltuk a bioinformatikai elemzések eredményét az egyes könyvtárakra e két vírus esetében.

#### GSyV1 és GPGV Magyarországi előfordulásának igazolása

A vírusok jelenlétét RT-PCR reakcióval igazoltuk. A GSYV1 esetében két különböző primerpárral a metiltranszferáz, és a köpenyfehérje gén egy darabját sokszoroztuk. A 4. ábrán bemutatott gélképek alapján látható, hogy előbbivel 10, míg utóbbival 15 esetben tudtunk vírus specifikus terméket azonosítani. A GPGV esetében a köpenyfehérje egy darabját sokszoroztuk vírus specifikus indítószekvenciákkal és csupán egy ültetvényt találtunk e vírustól mentesnek. A vírusok detektálását az RT-PCR-től eltérő technikával, Northern hibridizálással is szeretnénk volna igazolni. A GPGV-t sikerült ezzel a technikával is kimutatnunk (6. ábra), de a GSYV1-et teljes bizonyossággal nem. Ennek oka valószínűleg az, hogy a vírus a szőlőben igen kis koncentrációban van jelen. A PCR termékeket tisztítottuk, majd nukleinsav sorrendjüket hagyományos Sanger szekvenálással is ellenőriztük. Az 5. ábrán a kapott köpenyfehérjék szekvenciáinak összehasonlítását mutat-

juk be. A filogenetikai fákról jól leolvasható, hogy a hazai GPGV variánsok egymáshoz nagyon hasonlítanak, míg a GSYV1 variánsok sokkal változékonyabbak, ahogy azt Glasa és munkatársai (2015) is megállapították. Ezt a megfigyelést támasztja alá az a tény is, hogy a metiltranszferáz génre specifikus DetF és DetR indítószekvenciákkal számos esetben nem tudták a vírus jelenlétét igazolni, ahogy az öt esetben nekünk sem sikerült.

#### A GSYV1 és a GPGV hatása a szőlő gazdag-ének expressziójára

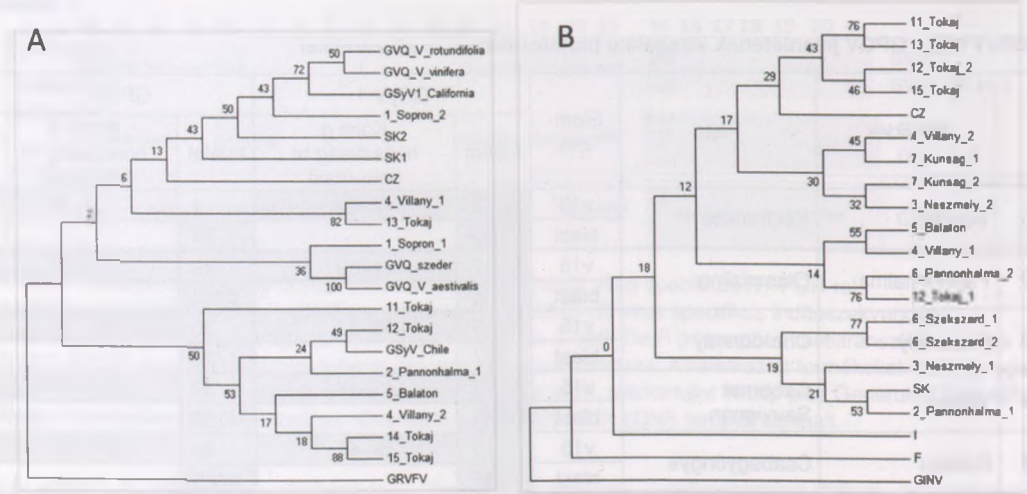
A GSYV1 és a GPGV szerepét a szőlőn megjelenő tünetek kialakításában még nem ismerjük. Lágyszárú növényeken végzett kísérleteink eredményei szerint a kompatibilis vírus-növény kapcsolatok egy részében a vírus nagymértékben megváltoztatja a gazdanövény génextpressziós mintázatát, míg más esetekben annak ellenére, hogy a vírus jól replikálódik és elterjed a növényben ez a hatás nem következik be (Havelda és mtsai 2008). Mi több ekkor a stressz gének indukciója is elmarad. Néhány endogén gén, mint a Ribulóz 1,5-biszfoszfát karboxiláz, (Rubisco), Elongációs faktor (Ef) expressziójának változása jól jelzi ezeket a folyamatokat, az Aktin expressziója pedig általában változatlan marad. Annak érdekében, hogy jellemezzük a szőlőben GSYV1 és GPGV fertőzéskor végbemenő génextpressziós változásokat, Northern hibridizációt végeztünk az

1. táblázat

## A GSyV1 és a GPGV jelenlétének vizsgálata bioinformatikai módszerekkel

	Borvidék	Fajta	Elemzés	GSyV-1		GPGV	
				találat	Konti g hosszúság nt (min-max)	találat	Konti g hosszúság nt (min-max)
1	Soproni	Kékfrankos	v15	9	42–64	1	69
			blast	1899		24	
2	Pannonhalma	Olaszrizling	v15	2	31–80	49	37–197
			blast	845		3663	
3	Neszmély	Chardonnay	v15	3	40–43	33	44–114
			blast	507		1762	
4	Villány	Cabernet Sauvignon	v15	3	43–47	57	44–172
			blast	1053		4798	
5	Balaton	Csabagyöngye	v15	3	44–47	47	37–222
			blast	985		6425	
6	Szekszárdi	Merlot	v15	0	0	19	35–128
			blast	116		1134	
7	Kunság	Generosa	v15	0	0	53	44–156
			blast	6		7198	
8	Kunság	Olaszrizling	v15	0	0	0	0
			blast	71		788	
9	Kunság	Teleki Kober 5C	v15	0	0	1	50
			blast	28		13	
10	Eger	Kadarka	v15	1	71	39	45–143
			blast	765		3729	
11	Tokaj, Szegilong	Furmint, GDC	v15	0	0	34	37–141
			blast	656		2056	
12	Tokaj, Erdőbénye	Furmint 100 éves	v15	8	36–79	46	34–156
			blast	2515		2443	
13	Tokaj, Szegilong	Furmint, új telepítés	v15	2	48–68	0	0
			blast	247		20	
14	Tokaj, Erdőbénye	Furmint, 60 éves	v15	3	39–63	29	43–122
			PCR	1256		2592	
15	Tokaj, Bodrogkisfalud	régí tájfajták	v15				
			blast	716		3246	
16	Tokaj, Mád	Furmint	v15	6	43–63	51	41–192
			blast	2030		3054	
17	Tokaj, Mád	Hárslevelű	v15	2	51–91	40	38–138
			blast	1241		3212	
18	Tokaj, Mád	Sárgamuskotály	v15	4	54–161	36	42–142
			blast	1464		1793	
19	Tokaj, Mád	Teleki Kober 125	v15	0	0	36	43–141
			blast	8		1505	
20	Tokaj, Mád	Teleki Kober 5C	v15	9	40–105	27	37–86
			blast	3023		1009	

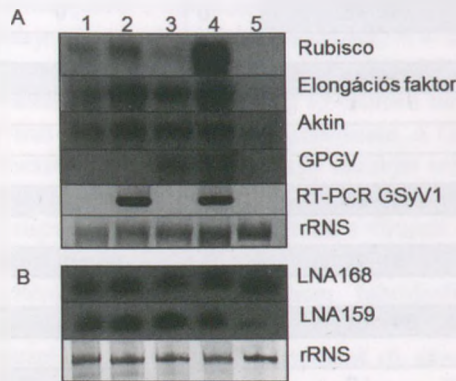
Sötétszürkével jeleztük, ha egy adott ültetvényen a minták kisRNS-einek újgenerációs szekvenálásával és RT-PCR-rel is ki tudtuk az adott vírus jelenlétét mutatni. Világosszürke jelzi azokat az eseteket ahol a PCR csak az egyik indítószekvencia párral sikerült. v15 - a kisRNS-ekből összeállított kontigok illesztése a referencia genomra, a találat az illeszkedő kontigok számát és méretét jelöli. blast – a kis RNS-eket közvetlenül illesztettük a referenciagenomra, a találat az illeszkedő kisRNS-ek számát mutatja.



5. ábra. A GSYV1 és GPGV köpenyfehérjéket kódoló RNS-ek rokonsági vizsgálata  
Az általunk azonosított és az adatbankban hozzáférhető vírustörzsek filogenetikai összehasonlítása a MEGA6 program segítségével, a Maximum Likelihood módszerrel. A/ GSYV1, B/ GPGV szekvenciák esetében.

endogén génekre specifikus próbákkal három endogén gén (Rubisco, Ef és Aktin) esetében (6. ábra). Az Aktin expressziója ezen vírusok esetében sem változott. A GSYV1 jelenléte a Rubisco és az Ef expressziójának növekedését idézte elő. Ez a hatás még kifejezettebb volt abban a mintában, amelyben mindkét vírus együttesen előfordult. Vírusfertőzött növénye-

ken végzett kísérleteink során azt tapasztaltuk, hogy a géncsendesítés központi molekuláját, az Argonaute1-et szabályozó miRNS, a miR168 szintje megemelkedett (Varallyay és mtsai 2010). Kiváncsiak voltunk arra, hogy vajon szőlő esetében is megfigyelhetjük-e ezt a jelenséget? A 6. ábrán bemutatott eredményeink szerint e vírusok jelenléte nem okozza a miR168 jelentős emelkedését. Ennek oka valószínűleg abban keresendő, hogy a lágyszárúak esetében a vírus egy gyors szabályozással regulálja a növény védekező rendszerét – a miR168 indukción keresztül transzlációsán gátolja az AGO1 fehérje mennyiségét. Fásszárú növényekben alacsonyabbak a vírusszintek és sokkal elnyújtottabb a fertőzési folyamat, így ilyen gyors, reverzibilis szabályozásra nincs szükség.



6. ábra. A GSYV1 és a GPGV jelenlétének hatása a szőlő endogén gének expressziójára  
Génexpressziós változások vizsgálata Northern blottal. A/ szőlő mRNS-ek, B/ szőlő miRNS-ek vizsgálata. 1: vírusmentes, 2: GSYV1-et, 3: GPGV-t, 4: GSYV1-et és GPGV-t tartalmazó szőlő RNS, 5: N. benthamiana RNS kivonata.

**Következtetések**

Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a vírus eredetű kisRNS-ek újgenerációs szekvenálása, a bioinformatikai elemzések és a molekuláris biológiai módszerek kombinációja hatékony vírusdiagnosztikát (vírus metagenomikát) eredményezett. A vírus specifikus kisRNS-ek újgenerációs szekvenálásával azonosítottuk két, Magyarországon eddig ismer-



retlen vírus előfordulását (GSyV1, GPGV). Mivel e vírusok elterjedése rendkívül széles körű, a jövőben fokozott figyelmet érdemelnek. A tünetek kialakításában betöltött szerepük további vizsgálata szükséges annak eldöntésére, hogy jelenlétük milyen gazdasági kárt okoz.

### Köszönetnyilvánítás

Köszönjük *Pájtli Éva* és *Csorba Tibor* mintagyűjtésben, *Szittyá György* és *Baksa Ivett* kisRNS könyvtár készítésben nyújtott segítségét. Munkánkhoz a *KTIA AIK\_12-1-2013-0001* projekt, az *OTKA K108718* és *K104586* nyújtott támogatást. Czotter Nikoletta az FM Kutatói utánpótlást elősegítő programjában vesz részt, a Pannon Egyetem Georgikon karán a Festetics Doktori Iskola hallgatója. Pesti Réka, a SZIE Biológiai Tudományi Doktori Iskola, míg Oláh Enikő a SZIE Növénytudományi Doktori Iskola hallgatója. A minták feldolgozásában *Carmen Iliescu*, asszisztensünk nyújtott segítséget. A publikáció megjelenését a *TÁMOP-4.2.2.B-15/1/KONV-2015-0004* támogatta.

### IRODALOM

- Al Rwahnih, M., Daubert, S., Golino, D. and Rowhani, A.** (2009): Deep sequencing analysis of RNAs from a grapevine showing Syrah decline symptoms reveals a multiple virus infection that includes a novel virus. *Virology*, 387: 395–401.
- Baulcombe, D.** (2004): RNA silencing in plants. *Nature*, 431: 356–363.
- Beuve, M., Candresse, T., Tannieres and M, Lemaire, O.** (2015): First report of Grapevine pinot gris virus (GPGV) in grapevine in France. *Plant Dis* <http://dx.doi.org/10.1094/PDIS-10-14-1008-PDN>
- M, Cho, I, Jung, S, Cho, J, Choi, G and Lim, H** (2013): First description of Grapevine pinot gris virus infecting grapevine in Korea. *New Disease Reports*, 27: 10.
- Coetzee, B., Freeborough, M. J., Maree, H. J., Celton, J. M., Rees, D. J. and Burger, J. T.** (2010): Deep sequencing analysis of viruses infecting grapevines: Virome of a vineyard. *Virology*, 400: 157–163.
- Csorba, T., Pantaleo, V. and Burgyan, J.** (2009): RNA silencing: an antiviral mechanism. *Advances in virus research*, 75: 35–71.
- Engel, E. A., Rivera, P. A. and Valenzuela, P. D. T.** (2010): First Report of Grapevine Syrah virus-1 in Chilean Grapevines. *Plant Dis.*, 94: 633–633.
- Fan, X, Dong, Y, Zhang, Z, Ren, F, Hu, G, Li, Z and Zhou, J** (2015): First Report of Grapevine Pinot gris virus from grapevines in China. *Plant Dis*, <http://dx.doi.org/10.1094/PDIS-08-15-0913-PDN>
- Gambino, G., Perrone, I. and Gribaudo, I.** (2008): A Rapid and effective method for RNA 19: 520–525.
- Giampetruzzi, A., Roumi, V., Roberto, R., Malossini, U., Yoshikawa, N., La Notte, P., Terlizzi, F., Credi, R. and Saldarelli, P.** (2012): A new grapevine virus discovered by deep sequencing of virus- and viroid-derived small RNAs in Cv Pinot gris. *Virus research*, 163: 262–268.
- Glasa, M., Predajna, L., Kominek, P., Nagyova, A., Candresse, T. and Olmos, A.** (2014): Molecular characterization of divergent grapevine Pinot gris virus isolates and their detection in Slovak and Czech grapevines. *Arch Virol.*, DOI 10.1007/s00705-014-2031-2035
- Glasa, M., Predajna, L., Soltys, K., Sabanadzovic, S. and Olmos, A.** (2015): Detection and molecular characterisation of Grapevine Syrah virus-1 isolates from Central Europe. *Virus Genes*, 51: 112–121.
- Havelda, Z., Varallyay, E., Valoczi, A. and Burgyan, J.** (2008): Plant virus infection-induced persistent host gene downregulation in systemically infected leaves. *Plant J*, 55: 278–288.
- Martelli, G. P.** (2014): Directory of Virus and Virus-Like Diseases of the Grapevine and Their Agents. *J Plant Pathol*, 96: 1–136.
- Mekuria, T. A. and Naidu, R. A.** (2010) First Report of Grapevine Virus Sequences Highly Similar to Grapevine Syrah virus-1 from Washington Vineyards. *Plant Dis.*, 94: 787–787.
- Navarro, B., Pantaleo, V., Gisel, A., Moxon, S., Dalmay, T., Bisztray, G., Di Serio, F. and Burgyan, J.** (2009) Deep sequencing of viroid-derived small RNAs from grapevine provides new insights on the role of RNA silencing in plant-viroid interaction. *PLoS One*, 4: e7686.
- Pantaleo, V., Saldarelli, P., Miozzi, L., Giampetruzzi, A., Gisel, A., Moxon, S., Dalmay, T., Bisztray G.,**

- and Burgyan, J. (2010) Deep sequencing analysis of viral short RNAs from an infected Pinot Noir grapevine. *Virology*, 408: 49–56.
- Plesko, I. M., Marn, M. V. and Zezlina, I. (2014) First Report of Grapevine Pinot gris virus Infecting Grapevine in Slovenia. *Plant Dis*, 98: 1014–1015.
- Sabanadzovic, S., Abou Ghanem-Sabanadzovic, N. and Gorbalenya, A. E. (2009) Permutation of the active site of putative RNA-dependent RNA polymerase in a newly identified species of plant alpha-like virus. *Virology*, 394: 1–7.
- Varallyay, E., Burgyan, J. and Havelda, Z. (2008) MicroRNA detection by northern blotting using locked nucleic acid probes. *Nat Protoc*, 3: 190–196.
- Varallyay, E., Valoczi, A., Agyi, A., Burgyan, J. and Havelda, Z. (2010) Plant virus-mediated induction of miR168 is associated with repression of ARGONAUTE1 accumulation. *Embo J*, 29: 3507–3519.
- Wu, Q., Wang, Y., Cao, M., Pantaleo, V., Burgyan, J., Li, W. X. and Ding, S. W. (2012) Homology-independent discovery of replicating pathogenic circular RNAs by deep sequencing and a new computational algorithm. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109: 3938–3943.
- Zerbino, D. R. and Birney, E. (2008) Velvet: Algorithms for de novo short read assembly using de Bruijn graphs. *Genome Res*, 18: 821–829.

## NGS AIDED DIAGNOSTICS REVEALED THE PRESENCE OF RECENTLY DESCRIBED VIRUSES IN HUNGARIAN GRAPEVINE

Nikoletta Czotter<sup>1</sup>, Emese Szabó<sup>1</sup>, J. Molnár<sup>2</sup>, Réka Pesti<sup>1</sup>, Enikő Oláh<sup>1</sup>, T. Deák<sup>1</sup>, G. E. Tusnády<sup>2</sup>, L. Kocsis<sup>4</sup>, J. Burgyán<sup>1</sup> and Éva Várallyay<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Agricultural Biotechnology Research Institute, NARIC H-2100, Gödöllő, Szent-Györgyi A street 4, Hungary

<sup>2</sup>Institute of Enzymology, Research Center of Natural Sciences, HAS H-1117, Budapest, Hungarian Scientists Boulevard 2, Hungary

<sup>3</sup>Department of Viticulture, Institute of Viticulture and Oenology, Corvinus University of Budapest H-1118, Budapest, Villányi street 29-43, Hungary

<sup>4</sup>Department of Horticulture, Georgikon Faculty, University of Pannonia H-8360, Keszthely, Deák F street 16, Hungary

Among several grapevine infecting pathogens there are more than 60 viruses and viroids. In our work instead of traditional virus diagnostics methods we used a basically new strategy to detect virus infection in grapevine: next generation sequencing of virus derived small RNAs. We used this technique to determine the presence of these pathogens in grapevine plantations from distant part of the country. During our survey we detected widespread distribution of two viruses, never described in our country before: *Grapevine Pinot gris virus* and *Grapevine Syrah virus 1*. Their presence was validated by RT-PCR and traditional Sanger sequencing.

**Keywords:** grapevine, virus, diagnostics, smallRNA-NGS

## ANTIVIRÁLIS GÉNCSENDESÍTÉS ÉS ANNAK GÁTLÁSA

Kontra Levente és Burgyán József

Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ, Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézet,  
2100 Gödöllő Szent-Györgyi Albert utca 4.

kontra@abc.hu

*A növények egyik fontos védekezési mechanizmusa a virális megbetegedésekkel szemben a géncsenedesítés. A fertőzés tüneteinek súlyossága és kimenetele is nagyban függ attól, hogy képes-e a növény a géncsenedesítéssel a vírust eliminálni vagy replikációját lassítani illetve sikerül-e a vírusnak az antivirális választ legyőzni géncsenedesítést gátló fehérjével. Ebben a munkában összefoglaljuk a napjainkig megismert fontosabb eredményeket az antivirális géncsenedesítésről és a vírusok által „kialakított” szupresszor stratégiákról. Napjainkra már nagyon sok és sokféle virális géncsenedesítést gátló fehérjét azonosítottak, ebben a cikkben bemutatásra kerül 14 víruscsalád egy-egy jól jellemzett tagja.*

**Kulcsszavak:** vírus, géncsenedesítés, antivirális géncsenedesítés, virális szupresszorok

### Növényi vírusok

A növényi vírusok jelentős mezőgazdasági kárt okoznak világszerte beleértve Magyarországot is. A vírusos betegségek okozhatnak termés csökkenést és minőségromlást is. A vírusok obligát sejten belüli paraziták, tehát csak a gazdaszervezet sejtjét megfertőzve képesek fennmaradni. Az evolúció során a növényekben a vírusfertőzéssel szemben aktív és passzív védekezési rendszerek alakultak ki. A vírusok elleni védekezésben fontos szerepet játszik a hiperszenzitivitás alapú védekezés, a szerzett szisztémikus rezisztencia, az autofágia és a géncsenedesítés. Ebben a cikkben csak az utóbbit tárgyaljuk. Mivel napjainkban is találkozhatunk növényi vírusokkal, ez azt jelenti, hogy a vírusoknak sikerült a növényi védekezés ellenére azokat megfertőzve fennmaradni. Ez részben köszönhető a vírus-növény ko-evolúció során a vírus genomban kódolódnak, a növényi védekezést gátló fehérjéknek. Ahhoz hogy jobban megértsük a növények vírusos betegségek molekuláris hátterét, fontos megismerni mind a növényi antivirális védekezés rendszerét mind a vírusok stratégiáit, ennek leküzdésére.

A növényi vírusok genom szerkezetüket tekintve nagyon sokfélék lehetnek. Ismerünk egy- és kétszálú DNS vírusokat, egy- és kétszálú RNS vírusokat. Az egyszálú RNS vírusokon belül elkülöníthetünk pozitív (a vírus genomról közvetlenül íródnak át a fehérjék) és negatív (a vírus genomról indirekt, egy komplementer szál átírását követően íródnak át fehérjék). Az eltérő genom típusok eltérő fertőzési stratégiákat eredményeznek. Közös viszont, hogy a növényi vírusok genomja kompakt, mérete kicsi és viszonylag kevés fehérjét kódol, melyek akár több funkciót is elláthatnak. Ezek a fehérjék felelősek a vírus genom sokszorozásáért (replikáció), a vírus sejtől sejtire terjedéséért, a köpeny fehérje (cp) szintéziséért és a növényi védekezés gátlásáért.

### Antivirális géncsenedesítés

A géncsenedesítés egy konzervatív géninaktivációs mechanizmus, ami általánosan megtalálható az eukarióta élőlényekben. Az endogén funkciók – mint a genom integritásának megőrzése, a génextpresszió finom szabályozása mellett a géncsenedesítés az alapja egy

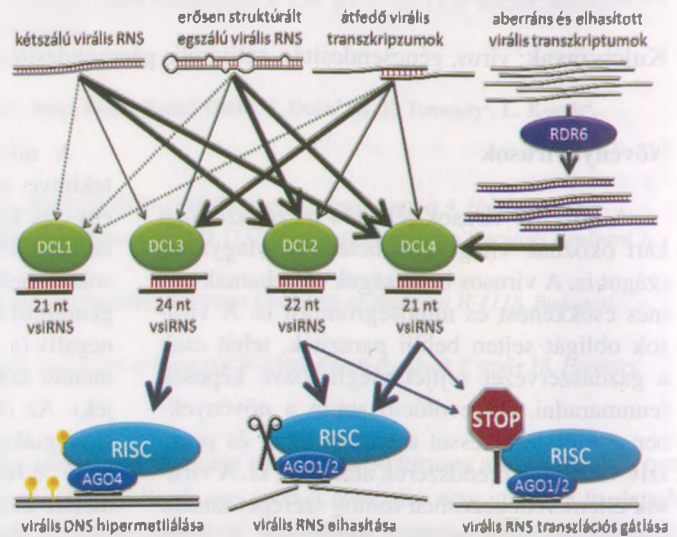
hatékony vírusok elleni védekezésnek, amely elsősorban növényekben és gerinctelen állatokban működik.

A sokszínű vírus genom szerveződés és fertőzési stratégia eredményeként a növényekben a géncsendesítésnek is több változata alakult ki. Az RNS vírusokkal szemben a poszt-transzkripcionális géncsendesítés (Post-transcriptional gene silencing; PTGS), a DNS vírusokkal szemben a PTGS mellett a transzkripcionális géncsendesítés is fontos szerepet játszik (transcriptional gene silencing; TGS). A géncsendesítés központi molekulája a kis interferáló RNS (siRNS), amely a szekvenencia specificitásért felelős.

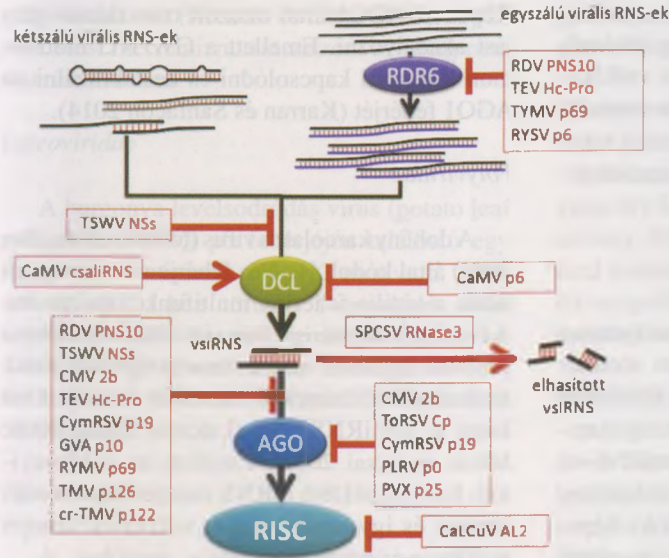
### Virális siRNS-ek képzése

A PTGS és a TGS első lépése minden esetben a siRNS-ek létrejötte. A siRNS-eket a DICER LIKE (DCL) nukleázok a kettősszalú RNS-ek (dsRNS) hasításával képezik (Bernstein és mtsai 2001). Arabidopsis thaliana-ban, a molekuláris biológia egyik modell növényében négy különböző DCL-gént azonosítottak. Ezek közül a DCL1 a mikro RNS-ek érésében játszik szerepet. A DCL2 és a DCL4 kulcsfontosságú az RNS vírusokkal szembeni védekezésben. A DCL2 22 nukleotid (nt), a DCL4 21 nt hosszúságú siRNS-eket képez. A DCL3-nak, amely 24 nt siRNS-eket képez, elsősorban a DNS-vírusok esetében van fontos szerepe (Bologna & Voinnet 2014). A dsRNS a vírus replikáció köztes terméke, illetve kettősszalú RNS vírusoknál a vírus genom formája. RNS vírusokra jellemző, hogy a vírus RNS erős másodlagos struktúrát vesz fel, amit DCL-ek szubsztrátként ismernek fel (Molnár és mtsai 2005). DNS vírusok

esetében ismert, hogy a genom egyes szakasza mindkét irányban kódol virális géneket így az RNS transzkriptumok átfednek és dsRNS-t képezhetnek, amelyek szintén részt vehetnek a siRNS biogenezisben (Aregger és mtsai 2012). A vírusról képződött siRNS-t virális siRNS-nek nevezzük (vsiRNS). A vírus replikáció során felhalmozódó egyszalú RNS-eket és a már elhasított virális RNS-eket (lásd lentebb) a növény képes kettősszalúvá változtatni az RNA DEPENDENT RNA POLYMERASE 6 (RDR6) enzim segítségével. Az RDR6 képes egyszalú RNS-eknek a komplementer szálát megszintetizálni (Vaistij és mtsai 2002) és így létrejött dsRNS-ekből a DCL4 által generált siRNS-eket másodlagos siRNS-eknek nevezük (1. ábra).



1. ábra. Az antivirális géncsendesítés sematikus ábrázolása. Kétsszalú és erősen strukturált virális RNS-ekből a DCL enzimek vsiRNS-eket hasítanak ki. Az aberráns és a már elhasított egyszalú virális RNS-ekből a növény által kódolt RDR6 enzim képes azoknak a komplementer szálát elkészíteni, amiből a DCL4 újabb vsiRNS-t készíteni. Az antivirális válaszban a DCL2/3/4 által hasított 22, 24 és 21 nukleotidos (ebben a sorrendben) vsiRNS-ek szerepe meghatározó. Az AGO fehérjék képesek a vsiRNS-ek egyik szálát megkötni és a RISC komplexbe épülést követően védekezni minden a vsiRNS-sel homológiát mutató RNS-sel szemben. Az RNS vírusokkal szemben a 21 és 22 nt vsiRNS-sel programozott AGO1 és AGO2 meghatározó. Ezek képesek a virális RNS-t elhasítani illetve meggátolni a virális fehérjék transzkripcióját. A DNS vírusokkal szemben az AGO1-n és AGO2-n kívül fontos szerep jut a 24 nt vsiRNS-sel programozott AGO4-nek. Az AGO4 képes DNS metillálni a virális genomot ezáltal inaktiválni azt.



2. ábra. A virális géncsendesítés gátlás sématis ábrája. Az antivirális géncsendesítést a virális szupresszorok más-más ponton képesek gátolni. Gyakori gátlási stratégia a vsiRNS-ek megkötése, az AGO inaktiválása és az RDR6 gátlása. Vannak olyan virális szupresszorok amelyek több ponton is képesek gátolni.

### Virális siRNS-en alapuló antivirális válasz

Arabidopsis thaliana-ban 10 ARGONAUTE (AGO) fehérjét azonosítottak. Ezek a fehérjék a géncsendesítés végrehajtó komplexének az „RNA INDUCED SILENCING COMPLEX „(RISC) katalitikus molekulái. Az AGO fehérjék szekvencia specifikus módon fejtik ki aktivitásukat, amiért az AGO-k által megkötött siRNS-ek egyik szála (úgynevezett guide) a felelős. A ds siRNS másik úgynevezett „passenger” szála az AGO-ba történő beépülés során eliminálódik. Az AGO fehérje a megkötött siRNS-sel komplementer szekvenciát tartalmazó virális gének (cél gének) expresszióját gátolja a RISC tagjaként. Az antivirális válaszban a 21 és 22 nt hosszúságú vsiRNS-ekkel programozott AGO1 és az AGO2 játszik fontos szerepet, amelyek szekvencia specifikusan elhasítják a virális RNS-eket vagy azok transzlációját gátolják. A DNS vírusokkal szembeni védekezésben kulcs szerepe van az AGO4-nek is. Az AGO4 24 nt hosszúságú vsiRNS-sel programozva képes a vírus DNS-t metilálni,

melynek eredménye a virális genom hipermetilálódás általi inaktiválódása (Raja és mtsai 2008). A vírus a megfertőzött sejt-ből képes átterjedni a szomszédos sejtekbe a plazomodezmákon keresztül vagy akár távolabbi sejtekbe is eljutni a phloem-en keresztül. A növényi védekezés ennek megfelelően adaptálódott az evolúció során. Az antivirális géncsendesítés képes átterjedni szomszédos sejtekbe és távoli sejtekbe is. A sejt szintű védekezést lokálisnak, a növény további részeire kiterjedő védekezést szisztemikusnak nevezük. A géncsendesítés alapú antivirális válasz képes a virális replikációt gátolni, ami akár a fertőzött növényen a vírustünetek megszűnéséhez, a növény úgynevezett kigyógyulásához is vezethet.

### Virális szupresszorok

A géncsendesítés antivirális szerepére az egyik legerősebb bizonyíték, hogy vírusok az evolúció során olyan fehérjéket „alakítottak ki”, amelyek képesek gátolni az antivirális géncsendesítést. A legtöbb vírusfajnál sikerült ilyen virális fehérjéket azonosítani, amelyeket virális géncsendesítés szupresszoroknak (Viral Suppressor of RNA silencing VSR) neveztek el. A VSR-ek igen változékonyak szekvenciájukat, és más virális funkciójukat tekintve. A VSR-ek többnyire multifunkcionális virális fehérjék és csak az közös bennük, hogy képesek a géncsendesítést egy vagy több ponton gátolni. VSR-ek ismertetését víruscsaládonként végezzük (2. ábra). A vírusok magyar neveit illetően Salamon 2007 útmutatásait követtük.

### Reoviridea

A rizs törpülés vírus (rice dwarf virus RDV) PNS10 nevű fehérje géncsendesítést gátló

hatással bír. A fehérjéhez két géncsendesítés szempontjából fontos tulajdonság köthető. Egyrészt képes megkötni kettősszalú vsiRNS-eket, másrészt képes az RDR6 enzim termelését gátolni mRNS szinten. A PNS10 mind lokálisan, mind szisztemikusan képes a géncsendesítést gátolni (Ren és mtsai 2010).

### *Bunyaviridea*

A paradicsom foltos hervadás vírus (tomato spotted wilt virus TSWV) egyik nem struktúr fehérjéje, az NSs képes kettősszalú RNS-eket kötni. Schnettler és mtsai (2010) megállapították, hogy ez a fehérje képes a vsiRNS-en kívül hosszabb RNS-eket is megkötni. Továbbá ismert, hogy Tospovirusok képesek a mikroRNS-eket is megkötni, de ennek jelentősége a fertőzés folyamatában még nem igazolt. de Ronde és mtsai (2014) bebizonyította, hogy a fehérjén lévő GW/WG motívum elrontásával szignifikánsan csökkent a géncsendesítést gátló hatása, ami utalhat AGO1 fehérjével történő kölcsönhatásra.

### *Bromoviridae*

Az uborka mozaik vírus (cucumber mosaic virus CMV) 2b fehérjéje az egyik legrégebb óta ismert VSR (Brigneti és mtsai 1998). A 2b fehérje sajátossága hogy az egyetlen VSR, ami bizonyítottan képes kölcsönhatásba lépni fehérjékkel és RNS-ekkel is. Képes az AGO1-hez (Zhang és mtsai 2006) és az AGO4-hez (Hamera és mtsai 2012) kapcsolódni és gátolni annak működését. A 2b emellett siRNS-hez is képes kötődni (Goto és mtsai 2007). A 2b fehérje kettős funkciójának szerepe még nem tisztázott, az ismert, hogy a 2b fehérje siRNS kötő képessége feltétlen szükséges a géncsendesítés gátláshoz (González és mtsai 2010).

### *Comoviridae*

A paradicsom gyűrűsfoltosság vírus (tomato ringspot virus ToRSV) köpenyfehérjéje (CP) kettős funkciójú, amellyel hogy a fehérje burok alegysége géncsendesítés gátló hatása is van.

Képes az AGO1 által okozott translációs gátlást akadályozni. Emellett a GW/WG motívumon keresztül kapcsolódni és destabilizálni az AGO1 fehérjét (Karran és Sanfaçon 2014).

### *Potyviridae*

A dohány karcolatos vírus (tobacco etch virus TEV) által kódolt Hc-Pro fehérje szintén egy jó példa a virális fehérjék multifunkcionalitására. A Hc-Pro-nak szerepe van a levéltetű átvitelben, proteázként részt vesz a vírus poliproteinjének funkcionális fehérjékkéérésében és VSR-ként kötni a si/miRNS-eket (Lakatos mtsai 2006; Mérai és mtsai 2006). Emellett az is bizonyított, hogy az RDR6 mRNS szintjét képes csökkenteni és így a másodlagos siRNS-ek szintjét is (Zhang és mtsai 2008).

### *Tombusviridae*

A Cymbidium gyűrűsfoltosság vírus (cymbidium ringspot virus CymRSV) által kódolt p19 fehérjének elsősorban géncsendesítést gátló funkciója ismert. A p19 fehérje megismerésében kutatócsoportunk is jelentős eredményeket ért el. A p19 fehérje dimerje igen hatékonyan köti meg ds siRNS-eket, gátolva ezzel a vsiRNS-ek AGO-ba épülését (Silhavy és mtsai 2002, Vargason és mtsai 2003). A p19 hiányában a növény kigyógyul a vírus tünetekből és vírus lokalizálódik a vaszkuláris szövetekben (Havelda és mtsai 2003). Ismert, az is hogy a p19 hatékonyan gátolja az AGO1 translációját (Várallyay és mtsai 2010) és ez független a p19 siRNS kötő képességétől (Várallyay és mtsai 2014).

### *Closteroviridae*

Az édesburgonya klorotikus satnyulás vírus (sweet potato chlorotic stunt virus SPCSV) RNase3 egyedülálló módon képes gátolni a géncsendesítést. Ez a virális fehérje képes hasítani kisRNS-eket. Az így elhasítódott kisRNS-ek nem képesek ezután részt venni a géncsendesítési útvonalban. (Cuellar és mtsai 2009). Az SPCSV genomja kódol továbbá egy p22 nevű fehérjét is, aminek szintén géncsendesítést

gátló hatása van (Kreutze és mtsai 2005). A p22 működési mechanizmusát viszont ez idáig nem sikerült tisztázni.

#### *Luteoviridae*

A burgonya levélsodródás vírus (potato leaf roll virus, PLRV) p0 fehérjéjén található egy úgynevezett minimál F-BOX motívum, amivel az AGO1-hez történő kapcsolódás után képes indukálni az ubikvitinációt. Ezután az AGO1 fehérje elbontódik az autofágia útvonalaán keresztül. (Bortamiol és mtsai 2007, Derrien és mtsai 2012).

#### *Tymoviridae*

A tarlórépa sárga mozaik vírus (turnip yellow mosaic virus TYMV) p69 a család egyik legjobban jellemzett géncsökkentést gátló fehérjéje, mégis igen keveset lehet róla tudni. Képes gátlani a géncsökkentés során a másodlagos siRNS-ek érését, de ennek pontos mechanizmusa ismeretlen (Chen 2004).

#### *Alphaflexiviridae*

A burgonya X-vírus (potato virus X, PVX) p25 fehérjéje is képes kölcsönhatásba lépni az AGO1 fehérjével. Viszont erről a fehérjéről korábban bizonyították, hogy képes az AGO2, AGO3 és AGO4 fehérjékhez kapcsolódni és a megkötött AGO fehérjék a proteoszóma útvonalaon bomlanak le (Chiu 2010).

#### *Betaflexiviridae*

A szőlő A-vírus (grapevine virus A, GVA) által kódolt p10 a családjának legismertebb VSR-je. Képes megkötni a vsiRNS-eket és ezáltal gátlani a sejten belüli és a szisztemikus géncsökkentést (Zhou és mtsai 2006).

#### *Virgaviridae*

A rizs sárga foltosság vírus (rice yellow mosaic virus, RYMV) p1 fehérjéje képes a sejten belüli géncsökkentést gátlani, de egyben

gyorsítja környező sejtekben és a szisztemikus géncsökkentést (Lacombe és mtsai 2010).

#### *Rhabdoviridae*

A rizs sárga satnyulás vírus (rice yellow stunt virus RYSV) p6 fehérjéje képes direkt mód a növény RDR6 fehérjéjéhez kapcsolódni és ez által a másodlagos siRNS útvonalaat inaktíválni. Ez szignifikánsan gátlja a szisztemikus géncsökkentést (Guo és mtsai 2013).

#### *Geminiviridae*

A káposzta levélgöndörödés vírus (cabbage leaf curl virus CaLCuV) egy DNS vírus, aminek a replikációját gátlhatja az AGO4 közvetített DNS metiláció. A vírus, hogy ezt elkerülje képes az AC2 proteinjével inaktíválni egy adenzin kinázt aminek fontos szerepe van a metilációs útvonalaan (Buchmann és mtsai 2009).

#### *Caulimoviridae*

A karfiol mozaik vírus (cauliflower mosaic virus CaMV) kétféle módon képes a fertőzött sejt géncsökkentési útvonalaat gátlani. Egyrészt képes a p6 fehérjéje a DOUBLESTRANDED RNA BINDING 4-et (DRB4) megkötni, és ezáltal inaktíválni. A DRB4-nek nélkülözhetetlen a DCL4 működéséhez (Haas és mtsai 2008). Másrészt a CaMV genomja kódol egy úgynevezett csali RNS-t, ami nagy mennyiségben íródik át és köti le a növényi védekezést, lehetőséget adva más vírus RNS-eknek, hogy az esszenciális vírus fehérjék termelődését biztosítsák (Blevins és mtsai 2011).

#### *Virgaviridae*

A dohány mozaik vírus (tobacco mosaic virus TMV) p126 és a keresztesvirágúakat fertőző dohány mozaik vírus (crucifer-infecting tobacco mosaic virus cr-TMV) p122 replikáz alegysége az egyik legnagyobb géncsökkentést gátló fehérje, ami siRNS kötésén keresztül fejti ki VSR funkcióját (Merai és mtsai 2006; Csorba és mtsai 2007). A 126 kDa-os fehérjén 4 domént

azonosítottak: N-terminális metiltranszferáz (MET), helikáz (H) és két nem konzervált régió NON1 és NON2. A négy domén közül háromnak (MET, H és NON2) önmagában is van géncsendesítés gátló hatása (Wang és mtsai 2012).

Összegezve elmondható hogy a növényi antivirális védekezésének és annak virális gátlásának már nagyon sok módját megismerte a tudomány. Ez viszont koránt sem jelenti azt, hogy sikerült volna a növény-vírus kapcsolat sokszínűségét teljes mértékében megismerni. A jövőbeli molekuláris virológiai kutatásnak fontos szerepe lesz mind a mezőgazdaság segítésében mind az alap kutatási ismeretanyag bővítésében.

### Köszönetnyilvánítás

Kontra Levente a Szent István Egyetem Növénytudományi Doktori Iskola állami finanszírozású PhD. hallgatója. Ez a közlemény azt OTKA NK 105850 számú projektjének támogatásával jött létre.

### IRODALOM

- Aregger M., Borah B.K., Seguin J., Rajeswaran R., Gubaeva E.G., Zvereva A.S., Windels D., Vazquez F., Blevins T., Farinelli L. and Pooggin M.M. (2012): Primary and secondary siRNAs in geminivirus-induced gene silencing. *PLoS Pathog* 8(9):e1002941
- Bernstein E., Caudy A.A., Hammond S.M. and Hannon G.J. (2001): Role for a bidentate ribonuclease in the initiation step of RNA interference. *Nature*, 409(6818): 363–366.
- Blevins T., Rajeswaran R., Aregger M., Borah B.K., Schepetilnikov M., Baerlocher L., Farinelli L., Meins F. Jr., Hohn T. and Pooggin M.M. (2011): Massive production of small RNAs from a non-coding region of Cauliflower mosaic virus in plant defense and viral counter-defense. *Nucleic Acids Res.*, 39(12): 5003–5014.
- Bologna N.G. and Voinnet O. (2014): The diversity, biogenesis, and activities of endogenous silencing small RNAs in Arabidopsis. *Annu Rev Plant Biol.* 65: 473–503.
- Brigneti G., Voinnet O., Li W.X., Ji L.H., Ding S.W. and Baulcombe D.C. (1998): Viral pathogenicity determinants are suppressors of transgene silencing in *Nicotiana benthamiana*. *EMBO J.*, 17(22): 6739–6746.
- Buchmann R.C., Asad S., Wolf J. N., Mohannath G. and Bisaro D.M. (2009) Geminivirus AL2 and L2 proteins suppress transcriptional gene silencing and cause genome-wide reductions in cytosine methylation. *J. Virol.*, 83 (10): 5005–5013.
- Chen J., Li W.X., Xie D., Peng J.R. and Ding S.W. (2004): Viral virulence protein suppresses RNA silencing-mediated defense but upregulates the role of microRNA in host gene expression. *Plant Cell.*, 16 (5): 1302–1313.
- Chiu M.H., Chen I.H., Baulcombe D.C and Tsai C.H. (2010): The silencing suppressor P25 of Potato virus X interacts with Argonaute1 and mediates its degradation through the proteasome pathway. *Mol Plant Pathol.*, 11 (5): 641–649.
- Cuellar W.J., Kreuze J.F., Rajamäki M.L., Cruzado K.R., Untiveros M. and Valkonen J.P. (2009): Elimination of antiviral defense by viral RNase III. *Proc Natl Acad Sci U S A.*, 106(25): 10354–10358.
- Derrien B., Baumberger N., Schepetilnikov M., Viotti C., De Cillia J., Ziegler-Graff V., Isono E., Schumacher K. and Genschik P. (2012) Degradation of the antiviral component ARGONAUTE1 by the autophagy pathway. *Proc Natl Acad Sci U S A.*, 109 (39): 15942–15946.
- González I., Martínez L., Rakitina D.V., Lewsey M.G., Atencio F.A., Llave C., Kalinina N.O., Carr J.P., Palukaitis P. and Canto T. (2010): Cucumber mosaic virus 2b protein subcellular targets and interactions: their significance to RNA silencing suppressor activity. *Mol. Plant Microbe Interact.*, 23: 294–303
- Goto K., Kobori T., Kosaka Y., Natsuaki T. and Masuta C. (2007): Characterization of silencing suppressor 2b of cucumber mosaic virus based on examination of its small RNA-binding abilities. *Plant Cell Physiol.*, 48: 1050–1060
- Guo H., Song X., Xie C., Huo Y., Zhang F., Chen X., Geng Y. and Fang R. (2013): Rice yellow stunt rhabdovirus protein 6 suppresses systemic RNA silencing by blocking RDR6-mediated secondary siRNA synthesis. *Mol Plant Microbe Interact.*, 26 (8): 927–936.
- Haas G., Azevedo J., Moissiard G., Geldreich A., Himber C., Bureau M., Fukuhara T., Keller M. and Voinnet O. (2008): Nuclear import of CaMV P6 is required for infection and suppression of the RNA silencing factor DRB4. *EMBO J.* 27 (15): 2102–2112.
- Hamera S., Song X., Su L., Chen X. and Fang R. (2012): Cucumber mosaic virus suppressor 2b binds to AGO4-related small RNAs and impairs AGO4 activities. *Plant J.* 36: 104–115
- Havelda Z., Hornyik C., Crescenzi A. and Burgyán J. (2003): In situ characterization of Cymbidium Ringspot Tombusvirus infection-induced posttranscriptional gene silencing in *Nicotiana benthamiana*. *J. Virol.*, 77 (10): 6082–6086.
- Karran RA and Sanfaçon H (2014): Tomato ringspot virus coat protein binds to ARGONAUTE 1 and suppresses the translation repression of a reporter gene. *Mol Plant Microbe Interact.*, 27 (9): 933–943.
- Kreuzte J.F., Savenkov E.I., Cuellar W., Li X. and Valkonen J.P. (2005): Viral class I RNase III involved in



- suppression of RNA silencing. *J. Virol.*, 79 (11): 7227–7238.
- Lacombe S, Bangratz M., Vignols F. and Brugidou C.** (2010): The rice yellow mottle virus P1 protein exhibits dual functions to suppress and activate gene silencing. *Plant J.*, 61 (3): 371–382.
- Mérai Z., Kerényi Z., Kertész S., Magna M., Lakatos L. and Silhavy D.** (2006): Double-stranded RNA binding may be a general plant RNA viral strategy to suppress RNA silencing. *J. Virol.*, 80 (12): 5747–5756.
- Molnár A., Csorba T., Lakatos L., Várallyay É., Lacomme C. and Burgyán J.** (2005): Plant virus-derived small interfering RNAs originate predominantly from highly structured single-stranded viral RNAs. *J. Virol.* 79 (12): 7812–7818.
- Raja P., Sanville B.C., Buchmann R.C. and Bisaro D.M.** (2008): Viral genome methylation as an epigenetic defense against geminiviruses. *J. Virol.*, 82(18): 8997–9007
- Ren B., Guo Y., Gao F., Zhou P., Wu F., Meng Z., Wei C. and Li Y.** (2010): Multiple functions of Rice dwarf phyto-reovirus Pns10 in suppressing systemic RNA silencing. *J. Virol.*, 84 (24): 12914–2923.
- de Ronde D., Pasquier A., Ying S., Butterbach P., Lohuis D. and Kormelink R.** (2014): Diverging affinity of tospovirus RNA silencing suppressor proteins, NSs, for various RNA duplex molecules. *Mol Plant Pathol.*, 15 (2):185–195.
- Schnettler E., Hemmes H., Huisman R., Goldbach R., Prins M. and Kormelink R.** (2010): Diverging affinity of tospovirus RNA silencing suppressor proteins, NSs, for various RNA duplex molecules. *J. Virol.*, 84 (21): 11542–11554.
- Salamon Pál** (2007): Növényvírusok, viroidok és szatellitok Növényvédelem különszám
- Silhavy D., Molnár A., Luciola A., Szittyá G., Hornyik C., Tavazza M. and Burgyán J.** (2002): A viral protein suppresses RNA silencing and binds silencing-generated, 21- to 25-nucleotide double-stranded RNAs. *EMBO J.*, 2002 Jun 17. 21 (12): 3070–3080.
- Vargason J.M., Szittyá G., Burgyán J. and Hall T.M.** (2003): Size selective recognition of siRNA by an RNA silencing suppressor. *Cell.*, 115 (7): 799–811.
- Várallyay É., Oláh E. and Havelda Z.** (2014): Independent parallel functions of p19 plant viral suppressor of RNA silencing required for effective suppressor activity. *Nucleic Acids Res.* 42 (1): 599–608.
- Várallyay E., Váloczi A., Agyi A., Burgyán J. and Havelda Z.** (2010): Plant virus-mediated induction of miR168 is associated with repression of ARGONAUTE1 accumulation. *EMBO J.*, 29 (20): 3507–3519.
- Vaistij F.E., Jones L. and Baulcombe D.C.** (2002): Spreading of RNA targeting and DNA methylation in RNA silencing requires transcription of the target gene and a putative RNA-dependent RNA polymerase. *Plant Cell.*, 14 (4): 857–867.
- Voinnet O. and Baulcombe D.C.** (1997): Systemic signaling in gene silencing. *Nature.*, 9: 389(6651): 553.
- Wang L.Y., Lin S.S., Hung T.H., Li T.K., Lin N.C. and Shen T.L.** (2012): Multiple domains of the tobacco mosaic virus p126 protein can independently suppress local and systemic RNA silencing. *Mol Plant Microbe Interact.*, 25 (5): 648–657.
- Zhang X., Du P., Lu L., Xiao Q., Wang W., Cao X., Ren B., Wei C. and Li Y.** (2008): Contrasting effects of HC-Pro and 2b viral suppressors from Sugarcane mosaic virus and Tomato aspermy cucumovirus on the accumulation of siRNAs. *Virology*, 374 (2): 351–360.
- Zhang X., Yuan Y.R., Pei Y., Lin S.S., Tuschl T., Patel D.J. and Chua N.H.** (2006): Cucumber mosaic virus-encoded 2b suppressor inhibits *Arabidopsis* Argonaute1 cleavage activity to counter plant defense. *Genes Dev.*, 20: 3255–3268
- Zhou Z.Sh., Dell’Orco M., Saldarelli P., Turturo C., Minafra A. and Martelli G.P.** (2006): Identification of an RNA-silencing suppressor in the genome of Grapevine virus A. *J Gen Virol.*, 87 (Pt 8): 2387–2395.

## ANTIVIRAL GENE SILENCING AND ITS SUPPRESSION

L. Kontra and J. Burgyán

National Agricultural research and Innovation Centre, 2100 Gödöllő Szent-Györgyi Albert utca 4. [kontra@abc.hu](mailto:kontra@abc.hu)

Gene silencing is an important defense mechanism in plants against viral infections. Susceptibility, symptom severity and how the infection ends highly depends on whether the plant is capable of eliminate or reduce viral replication via gene silencing or whether the virus is capable to overcome this by blocking gene silencing. In this publication we will summarize available data on gene silencing pathways and viral strategies to suppress them. The amount and diversity of viral proteins that are suppressors of gene silencing is very abundant, here we will introduce one members of 14 viral family each.

**Keywords:** Virus, Gene silencing, Viral suppressors of gene silencing

## AZ ARABIDOPSIS THALIANA ÖKOTÍPUSAI A NÖVÉNYPATOGÉN VÍRUSOK KERESZTTÜZÉBEN

Kis Szilvia, Auber Andor és Szittyá György

Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ,  
Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézet,  
2100, Gödöllő, Szent-Györgyi Albert u. 4., Email: kszilvi@abc.hu

Az *Arabidopsis thaliana*, magyar nevén a közönséges lúdfű kistermetű, virágos gyomnövény és egyben fontos növénybiológiai modellnövény is. Természetes variánsai (ökotípusai) az eltérő földrajzi elhelyezkedésükből, bizonyos esetekben izoláltságukból adódóan természetes genetikai változatosságot hordoznak homozigóta formában. Ezt tekinthetjük egyféle eszköztárnak, mely olyan kutatási tevékenységek alapját is képezheti, mint a vírusfertőzések hatására kialakuló tünetek molekuláris vizsgálata. A növénypatogén vírusok által okozott termésveszteségek jelentős gazdasági kárt okoznak. Különösen fontos tehát ezen vírusok fertőzési mechanizmusának molekuláris feltérképezése és megértése, valamint ezen tudás birtokában új védekezési stratégiák kidolgozása.

**Kulcsszavak:** *Arabidopsis thaliana*, ökotípus, genom projekt, RIL, növényi patogén vírus

Az *Arabidopsis thaliana* (L.) Heyn., magyar nevén közönséges lúdfű, világszerte elterjedt gyomnövény, mely a genetikai kutatások egyik legfontosabb modellszervezetévé vált. Igen rövid életciklusa és generációs ideje lehetővé teszi a legkülönbözőbb fejlődési fázisok gyors vizsgálatát. A modern molekuláris növénybiológiában alapvető kutatási modellorganizmus, melynek számos természetes variánsa, más néven ökotípusa ismert. Mivel a lúdfűvet számos növénypatogén vírus fertőzi, a virológiai kutatásokban is alapvető modellrendszerként alkalmazható. A vírusok gazdanövényenként nagyon változatos tüneteket idéznek elő. A lúdfű ökotípusok eltérő földrajzi helyekről és eltérő ökológiai környezetből származnak, így a genetikai hátterükben mutatkozó eltérések a komoly földrajzi izoláció miatt homozigóta formában rögzültek az adott ökotípusokban. Korábbi kutatások során már bizonyították, hogy egyes ökotípusok nagyon eltérő tüneteket mutathatnak ugyanazon vírussal való fertőzés hatására (Leisner és Howel 1992). Ez a természetes genetikai variabilitás kiváló lehetőséget kínál a tünetek kialakulásáért felelős genetikai faktorok azonosítására.

### A lúdfű-kutatás mérföldkövei (1. ábra)

A lúdfű első botanikai jellemzése a XVI. századból származik. 1577-ben *Pilosella siliquosa* néven írta le Johannes Thal (1542–1583) a Harz-hegység flóráját vizsgálva. 1753-ban Carl Linnae átnevezte *Arabis thaliana*-nak, tisztelettel adózva Thal iránt. Gustav Heynhold, német botanikus 1842-ben új nemzetségbe sorolta, s elnevezte *Arabidopsis thaliana*-nak (Holl és Heynhold 1842). 1907-ben Friedrich Laibach meghatározta a lúdfű kromoszómaszámát ( $2n=10$ ), később PhD hallgatója, Erna Reinholz izolálta az első Röntgen sugárzással előállított *Arabidopsis* mutánsokat (Reinholz 1945). Rédei György (aki 1956-ban kényszerült emigrálni) indította el az *Arabidopsis* kutatást az Egyesült Államokban (Rédei 1970, Koncz 2006), majd később csatlakoztak ezen kezdeményezéshez német (K. Napp-Zinn, G. Röbbelen, A. J. Müller), cseh (T. Gichner, J. Veleminský, I. Cetyl), holland (W. J. Feenstra, J. H. Van der Veen) és belga (M. Jacobs, J. Bouharmont) kutatók is (Somerville és Koornneef 2002).

Gerhard Röbbelen szervezte meg az Első Nemzetközi *Arabidopsis* Konferenciát 1965-

ben Göttingenben. 1983-ban jelent meg az első átfogó *Arabidopsis* genetikai térkép (Koornneef és mtsai 1983). Megállapították, hogy a lúdfű rendkívül kis genommal rendelkező diploid növény ( $n=7 \times 10^7$  bp) és kevés repetitív szakasz van a sejtmagi DNS-ben, ellentétben más magasabb rendű növényvel (Leutwiler és mtsai 1984). Felismerték, hogy a rövid élet-

ciklus mellett a növény kompakt genomja is komoly előnyt jelent a molekuláris genetikai kutatások területén (Meyerowitz és Pruitt 1985). Ennek köszönhetően a növényvilágban elsőként szekvenálták meg a teljes genetikai állományát (The Arabidopsis Genome Initiative 2000). A természetes variánsai között meglévő változatos fenotípusos variabilitásra alapozva pedig további 1135 ökotípusának nukleinsav szekvenciáját határozták meg (1001 Genome Projects). Mára a lúdfű lett a legjelentősebb és legáltalánosabban használt növénybiológiai modellorganizmus (Koornneef és Meinke 2010).

### Botanikai jellemzés

Az *Arabidopsis* nemzetség a Keresztesvirágúak (*Brassicales*) rendjébe és a Káposztafélék (*Brassicaceae*) családjába tartozik. Mérsékelt fényigényű, hosszú nappaloss körülmények között 25–30 cm magasra nyúló növény (2. ábra), virágzásához 14–16 órás megvilágítást igényel. Az *Arabidopsis* teljes életciklusa körülbelül 6–8 hét, önbeporzó és egyetlen egyed becőterméseiben akár több ezer mag



1. ábra. Az *Arabidopsis thaliana* tudományos karrierje, kronológia sorrendben kiemelve néhány fontos esemény



2. ábra. Az *Arabidopsis* a Keresztesvirágúak rendjébe tartozik. Fürtvirágzatban elhelyezkedő virágai apró, fehér, négytagú szirmokból tevődik össze

*AGI: the Arabidopsis Genome Initiative*  
(2000, Nature)

Az Arabidopsis genomanalízis kezdeményezés 1996-ban indult el három kontinens kutatóinak összefogásával. Így a lúdfű lett az első növény, melynek az egész genetikai állományát megszekvenálták, a prediktált géneket mind strukturálisan, mind pedig funkcionálisan annotálták.

Kulcsfontosságú résztvevők: Michael Bevan, egy európai konzorcium bevonásával, Francis Quetier Franciaországból; Satoshi Tabata Japánból, és három csoport az Egyesült Államokból: Joe Ecker (Salk Institute; Schmitz és mtsai 2013), Ron Davis (Stanford), és Sakis Theologis; Rob Martienssen és Dick McCombie (Cold Spring Harbor Labor.) együttműködve Richard Wilson kutatócsoportjával (Washington Egyetem, St. Louis); valamint Steve Rounsley és Craig Venter (The Institute for Genome Research, TIGR). A bioinformatikai feldolgozást Klaus Mayer koordinálta Münchenben (Munich Information Centre for Protein Sequences, MIPS) (Koornneef és Meinke 2010).

is teremhet. A növény alacsony kromoszómaszáma és rövid generációs ideje miatt fontos növénybiológiai és genetikai modellorganizmus, ahogy Friedrich Laibach is megállapította a XX. század elején (Laibach 1907, Rédei 1970). A lúdfű genomja mindössze ~125 millió bázispár hosszúságú (Bennett és mtsai 2003), mely 25,498 fehérje kódoló gént tartalmaz. Ezen gének 40 százalékának még nem ismert a pontos szerepe a celluláris szabályozásban és mindössze 5 százalékuk felelős a növény (látható) fenotípusának kialakításáért (The Arabidopsis Genome Initiative, 2000; Alonso-Blanco és Koornneef, 2003). A kromoszómák szekvenálását és analizését az *the Arabidopsis Genome Initiative* projekten belül végezték.

### Az Arabidopsis ökotípusai

Az *Arabidopsis thaliana* az egész északi féltekén fellelhető gyomnövény (Rédei 1970), Eurázsia és Észak Afrika területén őshonos (Al-Shehbaz és O’Kane 2002). Megtalálható a legkülönbözőbb tengerszint feletti magasságokon, Hollandiától (Nok-3 ökotípus származási helye) a Himalája nyugati térségig, valamint észak Skandináviától Afrikáig, beleértve a Zöld-Foki szigeteket (*Cape Verde Islands* – Cvi-0 ökotípus származási helye). Észak-Amerikában is elterjedt, valószínűleg antropogén



3. ábra. Több ezer ökotípus származási helyét jelölték meg Google térkép segítségével, amit a világ különböző kutatócsoportjainak gyűjteményeiből, adatbázisokból, génbankokból gyűjtöttek össze és genotípusozták.

Forrás: Huang és mtsai 2011.

## 2015. ÉVI TARTALOM

Bálint Jeannette, Kis András, Taller Dénes, Nagy Tibor, Barta Endre, Molnár János, Tusnády E. Gábor, Marincs Ferenc és Havelda Zoltán: Az RNS interferencia szerepe a növények patogénekkal szembeni védekezésében és a fejlődésbiológiai folyamatokban . . . . .	539	Kontschán Jenő: Ismeretek a hazai kártevő rovarok atkáiról I.: Két faunára új atkafaj (Acari: Mesostigmata: Laelapidae) cserebogarakról (Coleoptera: Melolonthinae) . . . . .	417
Cseh Eszter, Farkas Bernadett, Kocsis László, Korcz Eszter, Tóth Éva és Poór Judit: Növényi kivonatok hatásának <i>in vitro</i> vizsgálata <i>Botrytis cinerea</i> Pers. esetében . . . . .	249	Kontschán Jenő, Tóbiás István, Szénási Ágnes, Bozsik Gábor és Szőcs Gábor: Újabb adatok a hazai mézélő méh ( <i>Apis mellifera</i> Linnaeus, 1758) kaptáraiban előforduló atkákról (Acari) . . . . .	493
Csilléry Gábor, Almási Asztéria, Salánki Katalin, Palkovics László és Tóbiás István: Rezisztencia források keresése <i>Capsicum</i> fajokban a TSW rezisztenciagént áttörő paradicsom foltozós hervadás vírussal szemben . . . . .	211	Korányi Dávid, Haltrich Attila, Markó Viktor és Varga Ákos: Városi környezetbe ültetett juharfajok Heteroptera együttese . . . . .	363
Czotter Nikolett, Szabó Emese, Molnár János, Pesti Réka, Oláh Enikő, Deák Tamás, Bisztray György, Tusnády E. Gábor, Kocsis László, Burgyán József és Várallyay Éva: Szőlőültetvényeink metagenomikai diagnosztikája új, hazánkban eddig nem leírt vírusok jelenlétét mutatta ki . . . . .	550	Kriston Éva, Bozsó Miklós, Krizbai László, Csóka György és Melika George: Klasszikus biológiai védekezés Magyarországon a szelídgesztenye gubacsdarázs ( <i>Dryocosmus kuriphilus</i> (Yasumatsu 1951) ellen: előzetes eredmények . . . . .	445
Eke István: Örizzük a lepkét....Egy évforduló apropóján . . . . .	97	Mezőfi László, Nagy Csaba és Markó Viktor: Adatok almaültetvények lombozatlakó vadászpók együttesének összetételéről és kártevő korlátozó szerepéről . . . . .	409
Hochbaum Tamás, Kolinger István, Ladányi Márta és Nagy Géza: A kakukkfű-, a fahéj- és a narancsillóolaj alkalmazásának lehetősége az alma venturás varasodása ellen . . . . .	1	Mezőfi László, Sipos Péter és Markó Viktor: A kaolin részecskéfilm hatása az alma termés-kártevőire és a gyümölcs minőségére . . . . .	353
Horváth József: Gondolatok az agráriumról, a környezetvédelemről, a növényvédelemről, a szak- és agrár-felsőoktatásról . . . . .	149	Móczár Zsuzsanna és Markó Gábor: Illóolajok szerepe a növényvédelmi kutatásokban: távlati lehetőségek és korlátok . . . . .	59
Jenes Barnabás: Üdvözlét az Olvasónak! . . . . .	537	Nagy László, Sárándi-Kovács Judit és Gyurkovics Renáta: A magas kőris hajtáspusztulását okozó gomba ( <i>Chalara fraxinea</i> ) morfológiai vizsgálata . . . . .	451
Király Kristóf Domonkos, Reiter Dániel, Farkas Péter, Sojnóczki Annamária és Fail József: A dohánny tripsz ( <i>Thrips tabaci</i> Lindeman, 1889) fajkomplex . . . . .	317	Németh Tamás és Nagy Géza: Biopreparátumok alkalmazásának lehetősége a <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> (Lib.) de Bary kórokozó ellen paprikahajtásban . . . . .	499
Kis Szilvia, Auber Andor és Szittyá György: Az <i>Arabidopsis thaliana</i> ökotípusai a növénypatogén vírusok kereszttüzében . . . . .	566	Olasz Ferenc: Üdvözlét a Növényvédelem Olvasóinak! . . . . .	538
Kontra Levente és Burgyán József: Antivirális géncsendesítés és annak gátlása . . . . .	559	Pájtli Éva és Palkovics László: A burgonya S vírus ( <i>Potato virus S</i> , PVS) lehetséges rekombinációi . . . . .	401
Kontschán Jenő: A csiga atka ( <i>Riccardoella oudemansi</i> Thor), 1932 első hazai adata a spanyol meztelencsigáról . . . . .	55	Ripka Géza, Érsek László, Rózsahegyi Péter és Vének Gábor: Egy újabb jövevény gubacsatkafaj, az <i>Aceria kuko</i> (Kishida) (Prostigmata: Eriophyidae) megjelenése Magyarországon . . . . .	301
		Ripka Géza, Repkényi Zoltán, Griff Tamás, Dienes Dóra és Vásárhelyi Adrienn: Virágzó növénykultúrákban végzett rovarölő	

- szermaradék-analitikai vizsgálatok 2013. évi eredményei . . . . . 167
- Salamon Pál, Nemes Katalin és Salánki Katalin:** Termesztett és vadon élő burgonyafélék vírusos betegségei és vírusai Magyarországon 8. A paradicsom foltos hervadás vírus (*Tomato spotted wilt virus*, TSWV) fertőzése és a paprika (*Capsicum annum* L.) bogyó melanotikus gyűrűsfoltosság (FMRS) ok-okozati kapcsolata 576
- Stingliné Bíró Tímea, Gódor Anita és Tóth Ferenc:** A Trifender (*Trichoderma asperellum*) és az ARTIS (*Arthrotrys oligospora*) különböző kezeléskombinációinak hatása a kertészeti gyökérgubacs-fonálféreg (*Meloidogyne incognita*) fertőztetésének mértékére hajtatott paprikában . . . . . 99
- Szabó Árpád, Zsigmond Előd és Péntes Béla:** Ragadozó atkák előfordulása a Szekszárdi borvidéken . . . . . 49
- Szeder Fruzsina, Balog Emese, Ledóné Darázi Hajnalka és Kiss József:** Paprikahajtató fóliasátrak színes árnyékolásának hatása levéltetű (*Aphididae*) és tripsz (*Thysanoptera*) fajok betelepülésére . . . . . 67
- Tari László, Csiky János, Mesterházy Attila, Rehova Péter és Pinke Gyula:** Rizsvetések gyomnövényeinek borítási viszonyai hagyományos és ökológiai gazdálkodásban . . . . . 206
- Tóth Evelin, Czuppon Bálint, Fodor József, Bozsó Zoltán és Pogány Miklós:** Egy molekuláris növénykórtani vizsgálatok céljára javasolható növény-gomba kölcsönhatás . . . . . 309
- Tóth Miklós, Szarukán István, Nagy Antal, Gém Ferenc, Nyitrai Rita, Kecskés Zsófia, Krakó László, Jósvai Júlia Katalin és Bélai Iván:** Félszintetikus „biszex” csalétkék kártevő rovarok nőtényeinek és hímjeinek fogására 197
- Zalai Mihály, Szlovák Pál és Dorner Zita:** Szalmatakarás hatása a szőlő gyomosodására hajósi ültetvényekben . . . . . 457
- Rövid közlemény**
- Fischl Géza:** Kár- és kórképek a medvehagyma levelein, avagy egészséges-e a medvehagyma? . . . . . 215
- Keszthelyi Sándor:** A kukoricalevél-aknázólégy, *Cerodontha (Poemyza) incisa* jelenléte hazai kukoricásokban . . . . . 139
- Keszthelyi Sándor:** Egy mediterrán kukorica kártevő, *Sesamia nonagrioides* Lefèbvre, 1827. új fajjal bővíthet hazánk agrárfaunája 374
- Kontschán Jenő:** Egy új takácsatka faj [*Petrobia harti* (Ewing, 1909)] első hazai előfordulása (Acari:Tetranychidae). . . . . 424
- Solymosi Péter:** A humán-invázió florisztikai nézőpontból . . . . . 511
- Solymosi Péter:** A titokzatos *Mandragora officinarum* L. . . . . 325
- Solymosi Péter:** A *Veronoca hederifolia* L. fajkomplex kisfajainak előfordulása a Pestisíkságon . . . . . 371
- Solymosi Péter:** Távoli tájak toxikus növényei 72 72
- Solymosi Péter:** Több mint száz éve él Magyarország flórájában a vetési oroszlánszaj [*Misopates orontium* (L.) Rafin.]. . . . . 421
- Szabóky Csaba:** A ligeti levélmoly (*Choreutis nemorana* Hübner, 1799) magyarországi előfordulásai . . . . . 11
- Szeőke Kálmán:** Bemutatjuk a diólevél-göngyölő keskenymolyt . . . . . 509
- Takács Attila és Szabóky Csaba:** A boróka-tükrömoly (*Cydia interscindana* Möschler, 1866 – Tortricidae) magyarországi megjelenése 184
- Technológia**
- Bernáth Jenő és Zámboriné-Németh Éva:** Gyógynövény kultúrák magyarországi növényvédelmének időszerű kérdései . . . . . 25
- Eke István és Bernáth Jenő:** A gyógy- és fűszernövényekben engedélyezett növényvédőszer . . . . . 257
- Farkas Gábor:** A Fair Trade Kft. bio olajtök termeltetése. Interjú Mészáros Ferencsel, a Fair Trade Kft. rész tulajdonosával. . . . . 239
- Farkas Gábor:** Az olajtök gyomszabályozása 232 232
- Farkas Gábor:** Az olajtök termesztéstechnológiája Szatmári Tamás, muronyi gazdálkodónál. Interjú Szatmári Tamás termelővel és Jámbor Zoltán növényvédelmi szakmérnökkel . . . . . 235
- Farkas Gábor:** Olajtök termesztés nehéz körülmények között, a Körösnagyharsányi Máté-Farm Kft-ben. Interjú Varga Imre növényvédelmi szakmérnökkel . . . . . 237
- Farkas Gábor és Csenky Éva:** Az olajtök védelme 217
- Földes Lajos Szabolcs, Nagy Margit és Varga Miklós:** A szilva védelme . . . . . 105

<i>Liposits Veronika, Farkas István, Fischl Géza és Godáné Biczó Márta: A pohánka védelme...</i>	377
<i>Nagy Margit: A parti köles (Panicum riparium H. Scholz) megjelenése, elterjedése és gyomirtási lehetőségei</i>	265
<i>NÉBIH Növény-, Talaj- és Agrárkörnyezet-védelmi Igazgatóság: Újra támad a mezei pocok</i>	136
<i>Surányi Dezső: Egy keceli szilvaültetvény növényvédelmi kezelésének „epikrizise”...Új megfigyelések a President bórsavas kezeléséről.</i>	131
<i>Szeőke Kálmán: A 2015. évi rovarkártételek sajátosságai</i>	525
<i>Szeőke Kálmán: Lappangó ellenség a mezei pocok!</i>	242

## Krónika

<i>Balázs Klára: A Környezetbarát Növényvédelmért Alapítvány 2015. évi díjazottjai.</i>	429
<i>Kiss Levente és Váczy Kálmán Zoltán: Beszámoló az Eszterházy Károly Főiskolán megrendezett második nemzetközi, lisztharmatgombákkal foglalkozó nyári egyetemről</i>	529
<i>Kovács Csilla: ESCA és más szőlő-tőkebetegségek konferenciái Dél-Ausztráliában</i>	37
<i>Molnár János: Részvételünk az IOBC EPRS és WPRS közreműködésével szervezett VII. Szerb Növényvédelmi Kongresszuson 2014. november 25–27-én Zlatibor városában</i>	39
<i>Molnár János: Rövid beszámoló a 61. Növényvédelmi Tudományos Napok rendezvényéről</i>	189
<i>MBK: Az MBK oktatási tevékenysége</i>	583
<i>NÉBIH NTAI: A NÉBIH NTAI és laboratóriumai a Kutatók Éjszakáján.</i>	485
<i>Pénzes Béla: XXXII. Országos Tudományos Diákköri Konferencia Agrártudományi Szekció, Növényvédelem tagozatok, Budapest, 2015. április 8–10.</i>	294
<i>Pogány Miklós: „Növények Napja” Az MTA ATK Növényvédelmi Intézetében</i>	348
<i>Princzinger Gábor: Eredményhirdetés a K&amp;H ösztöndíjpályázatán.</i>	296
<i>Solymosi Péter: A kertészeti növénynemesítés gyöngyszeme a magyar lonc <i>Lonicera x tellmanniana</i> Magyar).</i>	431
<i>Solymosi Péter: Bibliai tájakon Izraelben – In honorem Jonathan Gressel</i>	349
<i>Solymosi Péter: Ismeretgyűjtő úton a Krimben</i>	40

<i>Szeőke Kálmán: Képes beszámoló egy Bayer növényvédelmi bemutatóról.</i>	298
<i>Tarcali Gábor és Olszewski Ildikó. X. Növényorvosi Nap a növényorvosokért és az élelmszerbiztonságért.</i>	588
<i>Tóth Tamás: Invazív károsítók a növényvédelemben. Beszámoló a 20. Tiszántúli Növényvédelmi Fórumról.</i>	531
<i>Vajna László: 102. ülését tartotta a MAE Agrárkemizálási Társasága</i>	245
<i>Vajna László: 104. ülését tartotta az Agrárkemizálási Társaság</i>	308
<i>Vajna László: 105. ülését tartotta a MAE Agrárkemizálási Társasága</i>	433
<i>Várallyay Éva: MBK-s részvétel a „szőlő vírusos és vírus-szerű megbetegedéseit tanulmányozó tanács” (ICVG) 18.nemzetközi kongresszusán</i>	585
<i>Várallyay Éva: Kutatók Éjszakája az MBK-ban</i>	586

## Review

<i>Sándor András, Sárospataki Miklós és Farkas Sándor: A neonikotinoidok hatásmechanizmusa rovarokra</i>	14
--	----

## Szemlecek

<i>Érsek Tibor: A Phytophthora-nemzetség újabb fajai (4): egy rendkívüli fajsámgyarapodás filogenetikai és ökológiai megvilágításban</i>	465
<i>Kövics György János: Minek nevezzetek? Sarkalatos változások a gombák elnevezésében</i>	515
<i>Pinke Gyula, Blazsek Katinka és Magyar László: Szemelvények a szója gyomnövényzetének és gyomszabályozásának külföldi szakirodalmából</i>	327

## Marketing

<i>Füzi I: A kalászos fungicid</i>	94
<i>Garamvölgyi Péter: Ordax® Superrel a tartósan tiszta területért</i>	146
<i>Gribek Dániel: „Meggyőződve csak arról vagyok, amit saját magunk látunk”</i>	246
<i>Hangyel Attila: Regalis® WG: a kémiai metszőolló</i>	194
<i>Nagy Viktor és Schipp Márton: Komplex megoldás a biztonságos kukoricatermesztésért</i>	192
<i>Reisinger Péter: Digitális növényvédelem</i>	45
<i>Syngenta: Az ön napraforgó termése minden körülmények között biztonságban van?</i>	144

- Syngenta*: Komplex megoldás a Syngenta kukorica hibridekkel . . . . . 78
- Veres Gabriella és Szűcs Péter*: A Syngenta kiemelt Clearfield hibrid ajánlata 2015-ben: NK Neoma – Történelmet ír . . . . . 145
- EU Hírek**
- Növényvédő-szer gyártók és Importőrök Szövetsége Egyesület*: Candidates for Substitution (CfS) – helyettesítésre kijelölt növényvédő szer hatóanyagok ismét az előtérben . . . . . 141
- Köszöntő**
- Horvát Csilla*: Rozsnyay Zsuzsa 80 éves . . . . . 43
- Barna Balázs*: Köszöntjük a 90 éves Király Zoltánt 599
- Megemlékezés**
- Balázs Ervin*: In memoriam Klement Zoltán (1926–2005). . . . . 491
- B. K.*: Búcsúunk Palójtay Bélától, aki évekig segítette munkánkat . . . . . 347
- B. K.*: Dr. Móczár László (1914–2015) . . . . . 399
- Fekete Tibor*: Az utolsó levél. . . . . 281
- Jordán László*: Nagy Bálint (1930–2015) . . . . . 340
- Kövics György*: In memoriam Prof. dr. Szepessy István (1927–2015) . . . . . 341
- Mészáros Zoltán*: Erdélyi Csabáról. . . . . 346
- Orosz Szilvia*: Megemlékezés dr. Jenser Gáborról . . . . . 280
- Retezár Imre*: Jenser Gábor és Vászoly. . . . . 282
- Sz. Á.*: Dr Jenser Gábor irodalmi munkássága . . 296
- Szénási Ágnes*: Ahogyan én dr. Jenser Gáborra emlékezem. . . . . 279
- Szöcs Gábor*: Búcsúunk dr. Erdélyi Csabától (1934–2015). . . . . 344
- Szöcs Gábor*: Búcsúunk dr. Jenser Gábertól (1931–2015). . . . . 277
- Vajna László*: Dr. Nagy Bálint, élt 84 évet . . . . . 337
- Vasiliiu-Oromulu, Liliana, Daniela Barbu*  
*cenu, G, Bert Vierbergen, Halina Kucharczyk, Rita Marullo*:  
Thysanopterológusok megemlékezései . . . 282
- Weisz Ottó*: In memoriam Dr. Szunics László (1937–2015). . . . . 441
- Mediterrán tájak jellegzetes növényfajai**
- Solymosi Péter*: I. Bangó (Ophrys) fajok . . . . . 394
- Solymosi Péter*: II. Kosborfajok . . . . . 396
- Solymosi Péter*: III. Nőszirm (Iris) fajok . . . . . 439
- Solymosi Péter*: IV. Asphodelus, Asphodeline és a Scilla. . . . . 489
- Solymosi Péter*: V. Allium-fajok . . . . . 533
- Kitüntetés**
- Érsek Tibor* a Magyar Érdemrend Lovagkeresztje kitüntetettje . . . . . 435
- Hornok László* a Magyar Érdemrend Tisztikeresztje kitüntetettje . . . . . 187
- Reisinger Péter* a Magyar Érdemrend Lovagkeresztje kitüntetettje . . . . . 437
- MNMNK*: Miniszteri elismerő oklevél kitüntetettjei:  
Dziobek Gusztáv, dr. Grozdits Károly, Kujáni László . . . . . 594
- MNMNK*: A Magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara Kiváló Növényorvosai 2015-ben: Földesi István, Nagy László Ferenc, Sáfrány József, Sümegi Zoltán . . . . . 596
- A Magyar Növényvédelmi Társaság kitüntetettjei 2014-ben**
- Ember Ibolya . . . . . 88
- Hevesi Mária . . . . . 87
- Hoffmanné Pathy Zsuzsanna . . . . . 85
- Koczor Sándor . . . . . 83
- Mesterházy Ákos . . . . . 79
- Nagy Barnabás . . . . . 81
- Nyárádi Imre-István . . . . . 86
- A Dr. Szelényi Gusztáv Emlékére Alapítvány kitüntetettjei 2014-ben**
- Keszthelyi Sándor . . . . . 92
- Melika George . . . . . 90



## TABLE OF CONTENTS

Bálint, Janette, A. Kis, D. Taller, T. Nagy, E. Barta, J. Molnár, G.E. Tusnády, F. Marincz and Z. Havelda: The role of the RNA interference in the protection of plants against pathogens and in the developmental biology processes	539	Kontschán, J., I. Tóbiás, Ágnes Szénási, G. Bozsik and G. Szócs: New data on the mites (Acari) inhabiting honey bee ( <i>Apis mellifera</i> Linnaeus, 1758) hives	493
Cseh, Eszter, Bernadett Farkas, L. Kocsis, Eszter Korcz, Éva Tóth and Judit Poór: <i>In vitro</i> study of the effect of plant extracts on <i>Botrytis cinerea</i> Pers.	249	Korányi, D., A. Haltrich, V. Markó and Á. Varga: Heteroptera community of urban maple trees	363
Csilléry, G. Asztéria Almási, Katalin Salánki, L. Palkovics and I. Tóbiás: Searching for resistance sources in pepper against resistance breaking strain of Tomato spotted wilt virus (TSWV)	211	Kriston, Éva, M. Bozsó, L. Krizbai, Gy. Csóka and G. Melika: Classical biological control against Asian sweet chestnut gall wasp <i>Dryocosmus kuriphilus</i> (Yasumatsu, 1951): preliminary results	445
Czotter, Nikolett, Emese Szabó, J. Molnár, Réka Pesti, Enikő Olá, T. Deák, G.E. Tusnády, L. Kocsis J. Burgyán and Éva Várallyay: Ngs aided diagnostics revealed the presence of recently described viruses in hungarian grapevine	550	Mezőfi, L. Cs. Nagy and V. Markó: Canopy dwelling hunting spider assemblages on apple trees and their ability to control pests	409
Eke, I.: Preserving the butterfly... apropos of an anniversary	97	Mezőfi, L., P. Sipos and V. Markó: The effect of kaolin particle film applications on apple pests and the fruit quality	353
Hochbaum, T., I. Kolinger, Márta Ladányi and G. Nagy: The efficacy of the essential oils of thyme, cinnamon and orange against apple scab	1	Móczár, Zsuzsanna and G. Markó: The role of essential oils in plant protection research: future prospects and limits	59
Horváth, J.: Thoughts about the agricultural sector, environmental protection, pest management and agricultural higher education	149	Nagy, L., Judit Sárándi-Kovács and Renáta Gyurkovics: Morphological variation in colonies of <i>Chalara fraxinea</i> causing ash dieback	451
Jenes, B.: Dear Reader!	537	Németh, T. and G. Nagy: Possibilities to apply biological products against <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> (Lib.) de Bary in protected pepper cultivation	499
Király, K. D., D. Reiter, P. Farkas, Annamária Sojnóczki and J. Fail: The onion thrips ( <i>Thrips tabaci</i> Lindeman, 1889) species complex	317	Olasz, F.: Dear Reader of "Növényvédelem" ("Plant Protection")!	538
Kis, Szilvia, A. Auber and G. Szittyá: <i>Arabidopsis thaliana</i> ecotypes in the crossfire of the plant pathogenic viruses	566	Pájtli, Éva and L. Palkovics: Possible recombination events at Potato virus S (PVS)	401
Kontra, L. and J. Burgyán: Antiviral genesilencing and its suppression	559	Ripka, G., L. Érsek, P. Rózsahegyi and G. Véték: First occurrence of an alien Eriophyoid mite species, <i>Aceria kuko</i> (Kishida) (Prostigmata: Eriophyidae) in Hungary	301
Kontschán, J.: Contribution to the mites of Hungarian pest insects I.: First record of two melolontinae (Coleoptera) associated mites (Acari: Mesostigmata: Laelapidae)	417	Ripka, G., Z. Repkényi, T. Griff, Dóra Dienes and Adrienn Vásárhelyi: The results of analytical residue studies on certain insecticides applied in flowering crops	167
Kontschán, J.: First hungarian record of <i>Riccardoella oudemansi</i> Thor, 1932 on lusitania slug	55	Salamon, P., Katalin Nemes and Katalin Salánki: Virus diseases and viruses of cultivated and wild-growing <i>solanaceae</i> in Hungary. 8. Demonstration of the causal relationship between the infection of <i>Tomato spotted wilt virus</i> (TSWV) and the appearance of fruit melanotic ring spot (FMRS) of pepper ( <i>Capsicum annuum</i> L.)	576

- Stingli-Bíró, Tímea, Anita Gódor and F. Tóth:* The effect of different combinations of Trifender (*Trichoderma asperellum*) and ARTIS (*Arthrobotrys oligospora*) applications on the level of infestation by root-knot nematode (*Meloidogyne incognita*) in greenhouse peppers ..... 99
- Szabó, Á., E. Zsigmond and B. Péntes:* The occurrence of predatory mites in the Szekszárd wine region, Hungary ..... 49
- Szeder, Fruzsina, Emese Balog, Hajnalka Ledóné Darázsi and J. Kiss:* Effect of coloured shading nets for populations of aphid (*Sternorrhyncha*) and thrips (*Thysanoptera*) species in pepper forcing cultures ..... 67
- Tari, L., J. Csiky, A. Mesterházy, P. Rehova and Gy. Pinke:* The abundance of weeds in rice fields under conventional and organic growing ..... 206
- Tóth, Evelin, B. Czuppon, J. Fodor, Z. Bozsó and M. Pogány:* A plant–fungus pathosystem for studies in molecular plant pathology ..... 309
- Tóth, M., I. Szarukán, A. Nagy, F. Gém, Rita Nyitrai, Zsófia Kecskés, L. Krakkó, Júlia Katalin Jósavai and I. Béla:* Semisynthetic “bisex” lures for catching females and males of pest insects ..... 197
- Zalai, M., P. Szlovák and Zita Dorner:* Efficiency of straw-mulching on the weed flora in the vineyards surrounding Hajós ..... 457
- Short communication**
- Fischl, G.:* Symptoms of pests and diseases on wild garlic leaves or is wild garlic healthy? ..... 215
- Keszthelyi, S.:* A Mediterranean maize pest, *Sesamia nonagrioides* Lefebvre, 1827. Hungary’s fauna of agricultural crops may be enlarged with a new species ..... 374
- Keszthelyi, S.:* *Cerodontha (Poemyza) incisa* in Hungarian maize fields ..... 139
- Kontschán, J.:* First record of the Tetranychid mite, *Petrobia harti* (Ewing, 1909)] in Hungary (Acari: Tetranychidae) ..... 424
- Solymosi, P.:* Human invasion from floristical point of view ..... 511
- Solymosi, P.:* *Misopates orontium* (L.) Rafin lives in the hungarian flora since more than 100 years ..... 421
- Solymosi, P.:* Mysterious *Mandragora officinarum* L. 325
- Solymosi, P.:* Poisonous plants of the far lands ... 72
- Solymosi, P.:* Presence of *Veronica hederifolia* L. Agg. In Pest-Plane in Hungary ..... 371
- Szabóky, Cs.:* The occurrences of the fig leaf roller (*Choreutis nemorana* Hübner, 1799) in Hungary ..... 11
- Szeőke, K.:* Introducing walnut leaf miner *Caloptilia roscipennella* ..... 509
- Takács, A. and Cs. Szabóky:* The first record on the occurrence of the tortrix moth *Cydia interscindana* Möschler in Hungary ..... 184
- Pest management programmes**
- Bernáth, J. and Éva Zámboi-Németh:* The current issues of protecting medicinal crops in Hungary ..... 25
- Eke, I. and J. Bernáth:* Plant protection products authorised for use in medicinal plants and herbs ..... 257
- Farkas, G.:* Contracted organic growing of oil pumpkin by Fair Trade Kft. Interview with Ferenc Mészáros, co-owner of Fair Trade Kft. 239
- Farkas, G.:* Oil pumpkin growing under difficult conditions at Máté-Farm Kft. In Körösnagyharsány. Interview with the plant protection professional Imre Varga ..... 237
- Farkas, G.:* Oil pumpkin management programme at Tamás Szatmári, a grower in Murony. Interview with grower Tamás Szatmári and plant protection professional Zoltán Jámbor ..... 235
- Farkas, G.:* Weed management in of oil pumpkin 232
- Farkas, G. and Éva Csenky:* Protection of oil pumpkin ..... 217
- Földes, L. Sz., Margit Nagy and M. Varga:* The protection of plums ..... 105
- Liposits, Veronika, I. Farkas, G. Fischl and Márta G. Biczó:* Buckwheat protection ..... 377
- Liposits, Veronika:* Talking about buckwheat production with Árpád Súslec, a grower in Zalakaros ..... 392
- Nagy, Margit:* Appearance, spread and weed control of millet (*Panicum riparium* H. Scholz) ..... 265
- National Food Chain Safety Office, Directorate of Plant Protection, Soil Conservation and Agri-environment ...* Field vole attacking again ... 136

<i>Surányi Dezső</i> : Observations on the President plum boric acid treatment . . . . .	131
<i>Szeőke, K.</i> : Field vole, a clandestine enemy! . . . . .	242
<i>Szeőke, K.</i> : The characteristics of damage caused by insects in 2015 . . . . .	525
<i>Zsombik, L., Nóra M. Drienyovszki and Márta G. Biczó</i> : Weed control in buckwheat ( <i>Fagopyrum esculentum Moench</i> ) . . . . .	390
<b>Chronicle</b>	
<i>Balázs, Klára</i> : Awards for Environmental Friendly Plant Protection in 2015. . . . .	429
<i>Kiss, L. and K. Z. Váczy</i> : Report on the second international summer university on powdery mildew fungi organised by Eszterházy Károly College. . . . .	529
<i>Kovács, Csilla</i> : Workshops on ESCA and other grapevine trunk diseases in Southern Australia . . . . .	37
<i>Molnár, J.</i> : A brief report on the 61 <sup>st</sup> Scientific Plant Protection Days . . . . .	189
<i>Molnár, J.</i> : Participating at the VII Congress on Plant Protection jointly organized by IOBC-EPRS and WPRS and the Plant Protection Society of Serbia, Zlatibor, Serbia on 25-27 November 2014 . . . . .	39
<i>MBK</i> : Education managed by ABC . . . . .	583
<i>NEBIH NTAI</i> : National Food Chain Safety Office (NÉBIH), Directorate of Plant Protection, Soil Conservation and Agri-environment (NTAI) and its laboratories in the of Researchers' Night . . . . .	485
<i>Pénzes, B.</i> : XXXII <sup>nd</sup> National Scientific Students' Association Conference, Section of Agricultural Sciences, Plant Protection Sectors, Budapest, 8-10 April 2015 . . . . .	294
<i>Pogány, M.</i> : "Day of Plants" at the Plant Protection Institute of the Centre for Agricultural Research of the Hungarian Academy of Sciences . . . . .	348
<i>Princzinger, G.</i> : Awards at the K&H Bank fellowship. . . . .	296
<i>Solymosi, P.</i> : About <i>Lonicera x tellmanniana</i> Magyar – A Hungarian interspecific honeysuckle hybrid . . . . .	431
<i>Solymosi, P.</i> : On Biblical lands in Israel – In honorem Jonathan Gressel . . . . .	349
<i>Solymosi, P.</i> : Study-tour in Crimea . . . . .	40
<i>Szeőke, K.</i> : Illustrated report about the Bayer plant protection show . . . . .	298
<i>Tarcali, G. and Ildikó Olszewszki</i> : 10 <sup>th</sup> Plant Doctors' Day for plant protection professionals and food safety . . . . .	588
<i>Tóth, T.</i> : Invasive pests in plant protection. Report on the 20 <sup>th</sup> Plant Protection Forum of the Tiszántúl region . . . . .	531
<i>Vajna, L.</i> : The Agrochemical Society of Hungarian Association of Agricultural Sciences (MAE) held its 102 <sup>nd</sup> Session . . . . .	245
<i>Vajna, L.</i> : The Agrochemical Society of Hungarian Association of Agricultural Sciences (MAE) held its 104 <sup>th</sup> Session . . . . .	308
<i>Vajna, L.</i> : The Agrochemical Society of Hungarian Association of Agricultural Sciences (MAE) held its 105 <sup>th</sup> Session . . . . .	433
<i>Várallyay, Éva.</i> : ABC participation in the 18 <sup>th</sup> International Council for the Study of Virus and Virus-like Diseases of the Grapevine ( <i>ICVG</i> ) . . . . .	588
<i>Várallyay, Éva</i> : Researchers' Night in ABC. . . . .	586
<b>In memoriam</b>	
<i>Balázs, E.</i> : In memoriam Zoltán Klement (1926–2005) . . . . .	491
<i>B.K.</i> : Dr. László Móczár (1914–2015). . . . .	399
<i>B.K.</i> : Farewell to Béla Palójtay who helped our work for years . . . . .	347
<i>Fekete, T.</i> : The last letter . . . . .	281
<i>Jordán, L.</i> : Bálint Nagy (1930–2015) . . . . .	340
<i>Kövics, Gy.</i> : In memoriam Prof. dr. István Szepessy (1927–2015) . . . . .	341
<i>Mészáros, Z.</i> : About Csaba Erdélyi . . . . .	346
<i>Orosz, Szilvia</i> : Obituary of dr. Gábor Jenser . . . . .	280
<i>Retezár, I.</i> : Gábor Jenser and Vászoly . . . . .	282
<i>Sz. Á.</i> : Literary work of dr. Jenser Gábor . . . . .	286
<i>Szénási, Ágnes</i> : As I remember dr. Gábor Jenser . . . . .	279
<i>Szőcs, G.</i> : Dr. Jenser Gábor passed away (1931–2015) . . . . .	277
<i>Szőcs, G.</i> : Farewell to dr. Csaba Erdélyi (1934–2015) . . . . .	344
<i>Vajna, L.</i> : Dr. Bálint Nagy, lived for 84 years . . . . .	337
<i>Vasiliiu-Oromulu, Liliana, Daniela Barbu, Bert Vierbergen, Halina Kucharczyk, Rita Marullo</i> : Commemorations by thysanopterologues . . . . .	282
<i>Weisz, O.</i> : In memoriam Dr. László Szunic (1937–2015). . . . .	441
<b>Review</b>	
<i>Érsek, T.</i> : Species upswing in the genus phytophthora and its phylogenetic and ecological Aspects . . . . .	465

<i>Kövics, Gy. J.</i> : How to call it? Significant changes in the nomenclature of fungi. . . . .	515	<b>Features of the characteristic plants in the Mediterranean Flora</b>	
<i>Pinke, Gy., Katinka Blazsek, and L. Magyar</i> : Literature review of the weed problems and weed management strategies in soybean growing systems applied abroad. . . . .	327	<i>Solymosi, P.</i> : I. Ophrys-species . . . . .	394
<i>Sándor, A., M. Sárosspataki and S. Farkas</i> : The mode of action of neonicotinoids on insects . . . . .	14	<i>Solymosi, P.</i> : II. Orchidea-species . . . . .	396
<b>Marketing</b>		<i>Solymosi, P.</i> : III. <i>Iris</i> -species. . . . .	439
<i>Füzi, I.</i> : The cereal fungicide . . . . .	94	<i>Solymosi, P.</i> : IV. <i>Asphodelus</i> , <i>Asphodeline</i> and <i>Scilla</i> . . . . .	489
<i>Garamvölgyi, P.</i> : For a lasting clean area with Ordax® Super . . . . .	146	<i>Solymosi, P.</i> : V. <i>Allium</i> -species . . . . .	533
<i>Gibek, D.</i> : "I am convinced only of what we can see with our own eyes" . . . . .	246	<b>Award</b>	
<i>Hangyel, A.</i> : Regalis® WG: the chemical pruning shears . . . . .	194	<i>László Hornok</i> awarded with the Order of Merit of the Republic of Hungary . . . . .	187
<i>Nagy, V. and M. Schipp</i> : A complex solution for safe maize growing . . . . .	192	<i>Péter Reisinger</i> awarded by the Knight of Cross from the Hungarian Order of Merit. . . . .	437
<i>Reisinger, P.</i> : Digital plant protection . . . . .	45	<i>Tibor Érsek</i> awarded by the Knight of Cross from the Hungarian Order of Merit . . . . .	435
<i>Syngenta</i> : A complete solution with Syngenta maize hybrids . . . . .	78	<i>MNMNK</i> : Awarded with the Ministerial Certificate of Merit: Gusztáv Dziobek, dr. Károly Grozdits and László Kujáni . . . . .	594
<i>Syngenta</i> : Is your sunflower crop in safety under all circumstances? . . . . .	144	<i>MNMNK</i> : Outstanding members of the Hungarian Chamber of Professionals and Doctors of Plant Protection (MNMNK) in 2015: István Földesi, László Ferenc Nagy, József Sáfrány and Zoltán Sümegi. . . . .	596
<i>Veres, Gabriella and P. Szűcs</i> : Syngenta's special Clearfield hybrid offer in 2015: NK Neoma – launching a history. . . . .	145	<b>Awarded by the Hungarian Plant Protection Society in 2014</b>	
<b>EU News</b>		<i>Ember, Ibolya</i> . . . . .	88
<i>Hungarian Crop Protection Association</i> : Candidates for Substitution (CfS) – pesticide residues indicated for substitution are in focus again . . . . .	141	<i>Hevesi, Mária</i> . . . . .	87
<b>Greetings</b>		<i>Hoffmanné, Pathy Zsuzsanna</i> . . . . .	85
<i>Horváth, Csilla</i> : Zsuzsa Rozsnyay is 80 years old . . . . .	43	<i>Koczor, Sándor</i> . . . . .	83
<i>Barna, B.</i> : Greeting the 90-year-old Zoltán Király . . . . .	599	<i>Mesterházy, Ákos</i> . . . . .	79
		<i>Nagy, Barnabás</i> . . . . .	81
		<i>Nyárádi, Imre-István</i> . . . . .	86
		<b>Awarded by the Foundation in memory of dr. Gusztáv Szelényi in 2014</b>	
		<i>Keszthelyi, Sándor</i> . . . . .	92
		<i>Melika, George</i> . . . . .	90

hatással került át Európából, és feltehetően emiatt található meg Japán és Ausztrália területein is (Koomneef és Scheres 2001). A kutatások során leggyakrabban felhasznált beltenyésztett ökotípus törzsek (*Landsberg erecta*, *Columbia*, *Wassilewskija*) F. Laibach és kollégái (Laibach 1951) gyűjteményéből származnak. Az ezek között megtalálható *Columbia* elnevezésű variáns az első ismert genommal rendelkező és mindemellett a legrészletesebben jellemzett ökotípus is egyben. A több száz ökotípus populáció két nagy gyűjteménye az ABRC (*Arabidopsis Biological Resource Center*, Ohio State University) és a NASC (*The European Arabidopsis Stock Centre*, Nottingham) intézetekben található. A lúdfű könnyen szaporítható és rendkívül magas a fenotípusos variabilitása (4. ábra), ezért ideális modellrendszer a funkcionális, ökológiai és evolúciós genetikai vizsgálatokhoz (Horton és mtsai 2012, Nordborg és mtsai 2005, Weigel 2012).

Magnus Nordborg javaslatára létrejött a GWAS (*genome-wide association study*), ami jelenleg, az 1001 genom projekt keretein belül

80 genom (Cao és mtsai 2011, Horton és mtsai 2012) és 1135 ökotípus genotipizálását, valamint 107 fenotípus (Atwell és mtsai 2010) részletes leírását, jellemzését foglalja magába (3. ábra). Nagy kihívást jelent azonban az ezen genetikai, biológiai tanulmányok hatalmas adathalmazainak, eredményeinek áttekintése, tárolása, illetve integrálása a további tudományos munkák során. (Az összegyűjtött adatok elérhetőek a TAIR honlapján (*The Arabidopsis Information Resource*, [www.arabidopsis.org](http://www.arabidopsis.org)).

M. Nordborg kutatócsoportja az *Arabidopsis* fejlődését jellemezte, több mint 7000 természetben előforduló ökotípus földrajzi információi és genetikai polimorfizmusok alapján (GWAS adatok, Huang és mtsai 2011).

A géntérképezés fontos eszközei a beltenyésztett rekombináns vonalak (RIL, *Recombinant Inbred Lines*). Ezen keresztezett növényvonalak a különböző intenzitású tünetek fenotípusos megjelenésében szereplő gének feltérképezésében lehetnek hasznosak, mivel a két szülői ökotípus kromoszómáinak rekombinációit a beltenyésztés miatt gyakran homo-

### 1001 Genom Projekt:

1001 Genom projekt 2008 elején indult azzal az elhatározással, hogy feltárják a különböző földrajzi helyekről származó ökotípusok közötti szekvencia eltéréseket teljes genom szekvenálással (Weigel és Mott 2009). A genetika egy új korszakát nyithatják meg, ha azonosítják a fenotípusos sokszínűséget alátámasztó allélokat (Nordborg és Weigel 2008). A Max Planck Intézet (MPI), a Salk Intézet, a Gregor Mendel Intézet (GMI), a *Joint Genome Institute* (JGI), a *Wellcome Trust Centre for Human Genetics* (WTCHG) és többek között a Monsanto 80 ökotípus (*Arabidopsis Biological Resources Center*) genomszekvenciáját közölte le 2014-ig.

Forrás: <http://1001genomes.org/datacenter/>

Center for Biotechnology of the University of Bielefeld – Nd-1

Gan et al. (2011) – 18 ökotípus

Salk Intézet – 171 ökotípus

Henning- Chi-2 és Seattle-0  
(Swedish University of Agricultural Sciences)

Wang Kollaboráció– 343  
ökotípus (Monsanto & MPI)

Schneeberger et al. (2011) –  
Bur-0, Kro-0, C24 és Ler-1 (MPI)

Long et al. (2013) – 180  
ökotípus (CMI)

Cao et al. (2011) – 80 ökotípus

Schneeberger et al. (2009) –  
Est-1 (MPI)

Ossowski et al. (2008) – Col-0,  
Bur-0, Tsu-1 (MPI)

Kollaboráció - Ws-2, Tnz-1 and  
Strand-1 (MPI)

Joint Genome Institute –  
Bay-0 és Shahdara (Healdwood)

Joint Genome Institute – 6  
ökotípus (Healdwood)

zigóta formában tartalmazzák. Reiter és kollégái (1992) állítottak elő elsőként ilyen populációt, összesen 150 RIL vonalat *Columbia* és *Landsberg erecta* ökotípusok keresztezésével. Munkájuk során felhasználtak Koornneef és mtsai (1987) által leírt fenotípusos markereket, valamint RAPD és RFLP markereket is alkalmaztak a vonalak feltérképezéséhez.

### Arabidopsis a virológia szolgálatában

A gazdasági növények termésveszteségeinek jelentős részét a növénypatogén vírusfertőzések okozzák (Roossinck 2011). A vírusfertőzés indukálta tünetek sokszor a termés minőségében és mennyiségében komoly leromlást eredményeznek. A vírusfertőzés egyik fon-



NO.	RÖV.	SZÁRMAZÁS	ORSZÁG	F. SZ.
1	Cvi-0	Cape Verde	Zöld-Foki Szigetek	15–20°
2	Kas-2	Kashmir	India	30–35°
3	C24	Coimbra	Portugália	35–40°
4	Ct-1	Catania	Olaszország	35–40°
5	Kondara	Khurmatov	Tadzsiszisztán	35–40°
6	Sha	Pamiro-Alay	Tadzsiszisztán	35–40°
7	Sorbo	Sorbo	Tadzsiszisztán	35–40°
8	Alc-0	Alcalá de Henares	Spanyolország	40–45°
9	LI-0	Llagostera	Spanyolország	40–45°
10	Pro-0	Proaza, Asturias	Spanyolország	40–45°
11	Pu2-8	Prudka	Csehország	40–45°
12	Ts-1	Tossa del Mar	Spanyolország	40–45°
13	Bay-0	Bayreuth	Németország	45–50°
14	Bg-2	Seattle, WA	USA	45–50°
15	Blh-1	Bulhary	Csehország	45–50°
16	Cen-0	Caen	Franciaország	45–50°
17	Gy-0	La Miniere	Franciaország	45–50°
18	Kz-13	Karagandy	Kazahsztán	45–50°
19	N6187	-	Oroszország	45–50°
20	An-1	Antwerpen	Belgium	50–55°
21	Bur-0	Burren	Írország	50–55°
22	Is-0	Isenburg	Németország	50–55°
23	Ler-1	Landsberg	Németország	50–55°
24	Nd-1	Niederzenz	Németország	50–55°
25	Nok-3	Noordwijk	Hollandia	50–55°
26	El-2	Ellershausen	Németország	50–55°
27	Edi-0	North Edinburgh	UK, Skócia	55–60°
28	Lis-2	Lis	Svédország	55–60°
29	Rsch-4	Rschew/Starize	Oroszország	55–60°
30	Col-0	<i>Columbia</i>	USA	35–40°

4. ábra. Az eltérő élőhelyekről származó ökotípusok fenotípusos megjelenésükben különböznek, azonos környezeti feltételek mellett. A rozetta levelek alakja, formája és mérete jellemzi az adott ökotípust. A különböző földrajzi helyeken a természetes ökotípusok nagyon különböznek a virágzási viselkedésükben is (Laibach 1951, Gazzani és mtsai 2003). Az ökotípusokat a begyűjtött hely földrajzi szélessége szerint soroltam fel, a *Columbia* ökotípust utolsóként kiemelve, mivel a legtöbb tanulmányban ezt a természetes variánst használják vad típusaként.

tos tényezője a vírus és a gazdanövény kompatibilitása. Ha kompatibilis, a virionok felszaporodhatnak a gazdanövényben, így kialakulhat a lokális és/vagy szisztemikus fertőzés (Sicard és mtsai 2008). A vírus nem rendelkezik saját anyagcserével, a gazdanövény anyagcsere-folyamataiba kapcsolódik be, s ezáltal okozhatja a gazdanövény pusztulását is. Viszont megfigyeltek olyan jelenséget is, amikor a kezdeti (akár nekrotikus) tünetek megjelenését követően a friss hajtások már egészségesen, tünetmentesen fejlődtek. Ez a kigyógyulás (*recovery*) jelensége, melyet elsőként S. A. Wingard írt le (1928) TRV (*Tobacco rattle virus*) fertőzött dohányon, amelyen a vírus először nekrotizálta az inokulált leveleket, azonban a növény friss hajtásairól fokozatosan eltűntek a nekrotikus gyűrűsfoltosság tünetei. A vírusfertőzésre megjelenő tüneteket, szimptomákat a vírus indukálta molekuláris változások váltják ki. Ma már tudjuk, hogy a vírusfertőzést követően a növény védekező mechanizmusa felismeri a patogént és aktiválódik. Ez a mechanizmus az RNS csendesítés folyamata, ami az eukariótákban génexpresszió szintű szabályozást végez és a jelenleg ismert legfontosabb természetes antivirális rendszer (Baulcombe 2004).

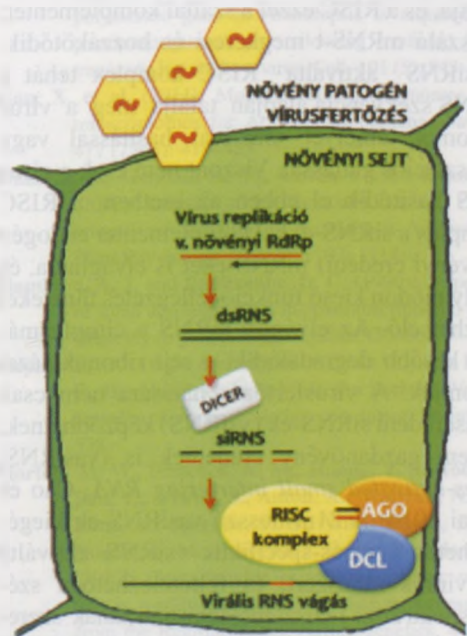
A feltérképezett genommal rendelkező *Arabidopsis* modellnövényben a növényi antivirális válaszreakciókban közreműködő genetikai faktorok keresése jóval egyszerűbb lehet, mint más, kevésbé annotált genommal rendelkező növénymodellek esetében. A lúdfű esetében nem csupán a szekvenált genom, hanem az igen variabilis fenotípussal és molekuláris háttérrel rendelkező ökotípusok is rendelkezésünkre állnak, melyek keresztezésével még könnyebben meghatározhatóak a vírusok elleni védekezésben szerepet játszó genetikai faktorok. Sicard és mtsai ezen az elven 2008-ban előállított RIL vonalak segítségével vizsgálták a tünetek fejlődését PPV (*Plum pox virus*) fertőzést követően. Három ökotípust választottak ki:

- Cvi-1, melyben ugyan akkumulálódik a vírus, de a növény sokszor tünetmentes marad,

- Col-0, amely ugyan gyenge tüneteket mutat, de csupán időszakosan és
- Ler ökotípust, amelyen mindig azonos intenzitással alakulnak ki a tünetek.

Genetikai analízist végeztek a *Col x Ler* és a *Cvi x Ler* F2 nemzedékén és az ezen keresztezésekből előállított RIL vonalakon. A *Col x Ler* RIL vonalak mindegyikén kialakultak a tünetek, azonban a *Cvi x Ler* RIL populáció ~15%-ában nem tudott felszaporodni a vírus. Ezen eredmények a tünet kialakulás poligénes és kvantitatív voltára engednek következtetni (Sicard és mtsai 2008), amely jól példázza, hogy a vírus akkumulációja a növényben soktényezős folyamat.

Az evolúció során a növények „kifejlesztettek” védekezési mechanizmusokat a paraziták és más patogének ellen. A növénypatogén vírusfertőzések elleni küzdelem kulcsmechanizmusa az említett növényi RNS interferencia, RNS csendesítés (RNAi, *RNA silencing*, 5. ábra) vagy másnéven a posztranszkripcionális géncsökkentés (PTGS, *Post Transcriptional Gene Silencing*) (Molnar és mtsai 2005).



5. ábra. siRNS alapú RNS interferencia mechanizmusa növényi sejten

A növényi RNS csendesítés komplex folyamat, génjei sok kópiában vannak jelen. *Arabidopsis*-ban négy DCL (*DICER-like*), tíz AGO (*Argonaute*) és hat RDR (*RNA-dependent RNA-polymerase*) gén azonosítható (Vaucheret 2006). Az RNS csendesítés (5. ábra) első lépéseként a növényi sejt felismeri az idegen eredetű, jelen esetben a virális örökítőanyagot. Az ssRNS (egyszálú RNS) vírusok genomjáról RNS-függő RNS-polimeráz segítségével szintetizált (Loebenstein és Lecoq 2012, Dalmay és mtsai 2000) kópiaszálás, duplaszálú molekulákat (dsRNS) a DCL enzim felismeri és 21–25 bp hosszú darabokra, úgynevezett kis interferáló RNS-ekre (*small interfering RNA*, siRNS) hasítja (Hamilton és Baulcombe 1999). Ezután a siRNS-eket az AGO fehérjék kötik meg. Az *Arabidopsis* különböző AGO fehérjéi specifikusan kötik a vírus eredetű siRNS-eket (1. táblázat, Carbonell és Carrington 2015, Hunter és mtsai 2003). A „siRNS-sel töltött AGO-k” különböző komponensekkel együtt létrehozhatnak egy fehérje komplexet (*RNA-induced silencing complex*, RISC). A RISC komplexben a siRNS egyik szálát (*guide*) az AGO leválasztja, és a RISC ezzel a szállal komplementer, egyszálú mRNS-t megkeresi és hozzákötődik. A siRNS aktiválta RISC komplex tehát a siRNS szekvencia alapján találja meg a vírus genomot, amelyet inaktívál hasítással vagy translációs gátlással. Viszont nem csak a vírus RNS hasítódik el ebben az esetben, a RISC komplex a siRNS-ekkel komplementer endogén (növényi eredetű) mRNS-eket is elvághatja, és az ily módon kieső funkció jellegzetes tüneteket idézhet elő. Az elvágott mRNS a citoplazmában később degradálódik, a sejt ribonukleázai lebontják. A vírusfertőzés hatására nem csak víruseredetű siRNS-ek (vsiRNS) képződhetnek, hanem gazdanövény eredetűek is (vasiRNS, *virus-activated small interfering RNA*, Cao és mtsai 2014). A 21nt hosszú vasiRNS-ek kiegészíthetők a vírus-specifikus vsiRNS aktiválta antivirális rendszert, és feltételezhetően széles-spektrumú rezisztenciában játszanak szerepet. Ezen siRNS-ek, nem vírus eredetűek, de vírusfertőzés indukálja keletkezésüket a gazdanövényben. A vasiRNS-ek így nem a virusszek-

venciát hasítják, hanem a növény endogén génjeit. *Arabidopsis*-ban specifikusan az RDRI, DCL4 és AGO2 útvonalon keletkeznek (Cao és mtsai 2014, Carbonell és Carrington 2015).

1. táblázat

***Arabidopsis* Argonaute fehérjék specifikus szerepe az antivirális védelemben.**

Forrás: Carbonell és Carrington 2015.

AGO-k	Vírusfertőzés
AGO1	BMV ( <i>Brome mosaic virus</i> ); CMV ( <i>Cucumber mosaic virus</i> ); TCV ( <i>Turnip crinkle virus</i> ); TuMV ( <i>Turnip mosaic virus</i> )
AGO2	CMV; PVX ( <i>Potato virus X</i> ); TRV ( <i>Tobacco rattle virus</i> ); TCV; TuMV
AGO4	BCTV ( <i>Beet curly top virus</i> ); CaMV ( <i>Cauliflower mosaic virus</i> ); CMV; TRV
AGO5	CMV; TuMV
AGO7	TCV; TuMV
AGO10	TuMV

Az RNS csendesítés a patogén fertőzésre adott specifikus antivirális válasznak tekinthető. A patogén és gazda közös evolúciója során azonban a legtöbb növénypatogén DNS és RNS vírus is „kifejlesztett” egy hatékony “fegyvert” a növényi védekező mechanizmus ellen, ezek az ún. virális *silencing* szupresszor fehérjék (VSR), melyek hatékonyan gátolják a vírus okozta géncsökkentést (*Virus Induced Gene Silencing*, VIGS) egyes lépéseit (Burgyn 2006) hatékonyabb fertőzést, súlyosabb tüneteket eredményezve (Kasschau és Carrington 1998, Voinnet és mtsai 2000). Az RNS csendesítési szupresszorok működési mechanizmusa még nem teljesen ismert. A legjobban jellemzett szupresszor a TBSV (*Tomato bushy stunt virus*) P19 kisméretű fehérjéje, melyről leírták, hogy a fertőzést és a tünetek erősségét fokozza (Voinnet és mtsai 1999). Emellett azonosítottak olyan szupresszorokat is, melyek multi-



funkcionálisan a vírus fertőzés több komponensében is részt vesznek, például a Potyvírusok Hc-Pro fehérjéje, mely a vektorátvitelben is és a növényben való elterjedésben is részt vesz (Kasschau és Carrington 1998). Az RNS csendesítés folyamata *Arabidopsis*-ban már részletesen feltérképezett és az ökotípusok használatával a szupresszor fehérjék gátlási mechanizmusa is megismerhető. Az így megszerzett tudás felhasználhatóvá válik a gyakorlatban új stratégiák kidolgozására és a mezőgazdasági károk enyhítésére.

Az *Arabidopsis* ökotípusok, mint széles spektrumú eszköztár már az eddigi kutatások során is jelentős segítséget adtak a tudományos kérdések megválaszolásához. Ez az eszköztár a genom teljes feltérképezettsége, fenotipizálhatósága miatt sikeresen alkalmazható. Ezen kísérletek annotált eredményei a jövőben a mezőgazdaságban is megjelenhetnek, a növénypatogén vírusok okozta minőségi/mennyiségi leromlásának folyamata feltérképezhetővé válik és az ezek hátterében meghúzódó komplex mechanizmusok megismerésének kulcsa lehet.

## Köszönetnyilvánítás

Köszönet *Salamon Pálnak* a virológia szakterületén nyújtott tanácsaiért, *Gyula Péternek* az ökotípusokról készített fotóért, a Földművelésügyi Minisztérium „Kutatási utánpótlást elősegítő programjának” és a Szent István Egyetem „Kutató Kari Kiválósági Támogatás – Research Centre of Excellence – 9878-3/2015/Fekut” programjának.

## IRODALOM

Alonso-Blanco, C. and Koornneef, M. (2003): Naturally occurring variation in *Arabidopsis*: an underexploited resource for plant genetics. *Genetics*, 164 (2): 711–729.

Al-Shehbaz, I. and O’Kane, S. Jr. (2002): Taxonomy and phylogeny of *Arabidopsis* (Brassicaceae). The *Arabidopsis* Book, 1: 1–22.

Atwell, S. et al. (2010): Genome-wide association study of 107 phenotypes in *Arabidopsis thaliana* inbred lines. *Nature*, 465: 627–631.

Baulcombe, D. (2004) RNA silencing in plants. *Nature*, 431: 356–363.

Bennett, M. D., Leitch, I. J., Price, H. J. and Johnston, J. S. (2003): Comparisons with *Caenorhabditis* (100 Mb) and *Drosophila* (175 Mb) Using Flow Cytometry Show Genome Size in *Arabidopsis* to be 157 Mb and thus 25% Larger than the *Arabidopsis* Genome Initiative Estimate of 125 Mb. *Annals of Botany*, 91: 547–557.

Burgyan J. (2006): Virus Induced RNA silencing and suppression: Defence and Counter defence. *Journal of Plant Pathology*, 88: 233–244.

Cao, J., Schneeberger, K., Ossowski, S., Gunther, T., Bender, S., Fitz, J., Koenig, D., Lanz, C., Stegle, O., Lippert, C., Wang, X., Ott, F., Müller, J., Alonso-Blanco, C., Borgwardt, K., Schmid, K. J. and Weigel, D. (2011): Whole-genome sequencing of multiple *Arabidopsis thaliana* populations. *Nature Genetics*, 43: 956–963.

Cao, M., Du, P., Wang, X., Yu, Y-Q., Qiu, Y-H., Li, W., Gal-On, A., Zhou, C., Li, Y. and Ding, S. W. (2014): Virus infection triggers widespread silencing of host genes by a distinct class of endogenous siRNAs in *Arabidopsis*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111 (40): 14613–14618.

Carbonell, A. and Carrington, J. C. (2015): Antiviral roles of plant ARGONAUTES. *Current opinion in plant biology*, 27: 111–117.

Dalmay, T., Hamilton, A., Rudd, S., Angell, S. and Baulcombe, D. C. (2000): An RNA-dependent RNA polymerase gene in *Arabidopsis* is required for posttranscriptional gene silencing mediated by a transgene but not by a virus. *Cell*, 101 (5): 543–553.

Gan, X. et al. (2011): Multiple reference genomes and transcriptomes for *Arabidopsis thaliana*. *Nature*, 477 (7365): 419–423.

Gazzani, S., Gendall, A. R., Lister, C. and Dean, C. (2003): Analysis of the Molecular Basis of Flowering Time Variation in *Arabidopsis* Accessions. *Plant Physiology*, 132 (2): 1107–1114.

Hamilton, A. J. and Baulcombe, D. C. (1999): A species of small antisense RNA in posttranscriptional gene silencing in plants. *Science*, 286: 950–952.

Heynhold, G. (1842) *Arabidopsis thaliana* (L.). In: *Holl, F., Heynhold, G.*, eds. *Flora von Sachsen*, Vol. 1. Dresden, Germany: Verlag von Justus Naumann, 538.

Horton, M. W., Hancock, A. M., Huang, Y. S., Toomajian, C., Atwell, S., Auton, A., Mulyati, N. W., Platt, A., Sperone, F. G., Vilhjálmsson, B. J., Nordborg, M., Borevitz, J. O. and Bergelson, J. (2012): Genome-wide patterns of genetic variation in worldwide *Arabidopsis thaliana* accessions from the RegMap panel. *Nature genetics*, 44 (2): 212–216.

Huang, Y. S., Horton, M., Vilhjálmsson, B. J., Seren, Ü., Meng, D., Meyer, C., Amer, M. A., Borevitz,

- J. O., Bergelson, J. and Nordborg, M. (2011):** Analysis and visualization of *Arabidopsis thaliana* GWAS using web 2.0 technologies. Database: The Journal of Biological Databases and Curation, bar014.
- Hunter, C., Sun, H. and Poethig, R. S. (2003):** The *Arabidopsis* heterochronic gene ZIPPY is an ARGONAUTE family member. *Current Biology*, 13 (19): 1734–1739.
- Kasschau, K. D. and Carrington, J. C. (1998):** A counter defensive strategy of plant viruses: suppression of posttranscriptional gene silencing. *Cell*, 95 (4): 461–70.
- Koncz, C. (2006):** Dedication: George P. Rédei. *Arabidopsis* geneticist and polymath. *Plant Breed Rev*, 26: 1–33.
- Koornneef, M. and Meinke, D. (2010):** The development of *Arabidopsis* as a model plant. *The Plant Journal*, 61: 909–921.
- Koornneef, M. and Scheres, B. (2001):** *Arabidopsis thaliana* as an experimental organism. *Encyclopedia of Life Sciences*. Nature Publishing Group, eLS.
- Koornneef, M., Hanhart, C. J., Van Loenen Martinet, E. P. and Van der Veen, J. H. (1987):** A marker line that allows the detection of linkage on all *Arabidopsis* chromosomes. *Arabidopsis Inf Serv*, 23: 46–50.
- Koornneef, M., Vaneden, J., Hanhart, C. J., Stam, P., Braaksma, F. J. and Feenstra, W. J. (1983):** Linkage Map of *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Heredity*, 74 (4): 265–272.
- Laibach, F. (1907):** Zur Frage der Individualität der Chromosomen im Pflanzenreich. *Beih. Bot. Cbl.*, 1. Abt., 22: 191–210.
- Laibach, F. (1951)** Über Sommer und Winterannuelle Rasse von *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. Ein Beitrag zur Atiologie der Blütenbildung. *Beitr. Biol. Pflanzen*, 28: 173–210.
- Leisner, S. M. and Howel, S. H. (1992):** Symptom variation in different *Arabidopsis thaliana* ecotypes produced by cauliflower mosaic virus. *Phytopathology*, 1042–46.
- Leutwiler, L. S., Houghévans, B. R. and Meyerowitz, E. M. (1984):** The DNA of *Arabidopsis thaliana*. *Mol Gen Genet*, 194: 15–23.
- Loebenstein, G. and Lecoq, H. (2012):** Viruses and Virus Diseases of Vegetables in the Mediterranean Basin, Volume 84, Pages 2-570 ISBN: 978-0-12-394314-9.
- Long, Q., Rabanal, F. A., Meng, D., Huber, C. D., Farlow, A., Platzer, A., Zhang, Q., Vilhjalmsón, B. J., Korte, A., Nizhynska, V., Voronin, V., Korte, P., Sedman, L., Mandakova, T., Lysak, M. A., Seren, U., Hellmann, I. and Nordborg, M. (2013):** Massive genomic variation and strong selection in *Arabidopsis thaliana* lines from Sweden. *Nature Genetics*, 45 (8): 884–890.
- Meyerowitz, E. M. and Pruitt, R. E. (1985):** *Arabidopsis thaliana* and plantmolecular genetics. *Science*, 229: 1214–1218.
- Molnar, A., Csorba, T., Lakatos, L., Varallyay, E., Lacomme, C. and Burgyan, J. (2005):** Plant virus-derived small interfering RNAs originate predominantly from highly structured single-stranded viral RNAs. *J Virol*, 79 (12): 7812–7818.
- Nordborg, M. and Weigel, D. (2008):** Next-generation genetics in plants. *Nature*, 456 (7223): 720–723.
- Nordborg, M. et al. (2005):** The Pattern of Polymorphism in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS Biol*, 3 (7): e196.
- Ossowski, S., Schneeberger, K., Clark, R.M., Lanz, C., Warthmann, N., and Weigel, D. (2008):** Sequencing of natural strains of *Arabidopsis thaliana* with short reads. *Genome Research*, 18: 2024–2033.
- Rédei, G. P. (1970)** *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. A review of the genetics and biology. *Bibliogr Genet*, 20: 1–151.
- Reinholz, E. (1945):** Auslösung von Röntgenmutationen bei *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. und ihre Bedeutung für die Pflanzenzüchtung und Evolutionstheorie. Thesis, Univ. Frankfurt. Frankfurt am Main, Germany.
- Reiter, R. S., Williams, J. G., Feldmann, K. A., Rafalski, J. A., Tingey, S. V. and Scolnik, P. A. (1992):** Global and local genome mapping in *Arabidopsis thaliana* by using recombinant inbred lines and random amplified polymorphic DNAs. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 89(4): 1477–1481.
- Roossinck, M. J. (2011):** The good viruses: viral mutualistic symbioses. *Nature Reviews Microbiology*, 9: 99–108.
- Schmitz, R. J., Schultz, M. D., Urich, M. A., Nery, J. R., Pelizzola, M., Libiger, O., Alix, A., McCosh, R. B., Chen, H., Schork, N. J., and Ecker, J. R. (2013):** Patterns of population epigenomic diversity. *Nature*, 495: 193–198.
- Schneeberger, K., Haggmann, J., Ossowski, S., Warthmann, N., Gesing, S., Kohlbacher, O. and Weigel, D. (2009):** Simultaneous alignment of short reads against multiple genomes. *Genome Biol*, 10 (9): R98.
- Schneeberger, K., Ossowski, S., Ott, F., Klein, J.D., Wang, X., Lanz, C., Smith, L.M., Cao, J., Fitz, J., Warthmann, N., et al. (2011):** Reference-guided assembly of four diverse *Arabidopsis thaliana* genomes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 108: 10249–10254.
- Sicard, O., Loudet, O., Keurentjes, J. J., Candresse, T., Le Gall, O., Revers, F. and Decroocq, V. (2008):** Identification of quantitative trait loci controlling symptom development during viral infection in *Arabidopsis thaliana*. *Molecular plant-microbe interactions*, 21 (2): 198–207.

- Somerville, C. and Koornneef, M.** (2002): A fortunate choice: the history of *Arabidopsis* as a model plant. *Nat Rev Genet*, 3: 883–889.
- The Arabidopsis Genome Initiative** (2000): Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*, *Nature*, 408: 796–815.
- Voinnet, O., Lederer, C. and Baulcombe, D.C.** (2000): A viral movement protein prevents spread of the gene silencing signal in *Nicotiana benthamiana*. *Cell*, 103 (1): 157–67.
- Weigel, D.** (2012): Natural Variation in *Arabidopsis*: From Molecular Genetics to Ecological Genomics. *Plant Physiology*, 158 (1): 2–22.
- Weigel, D. and Mott, R.** (2009): The 1001 genomes project for *Arabidopsis thaliana*. *Genome Biol*, 10 (5): 107.
- Wingard, S. A.** (1928): Hosts and symptoms of ring spot, a virus disease of plants. *J Agric Res*, 37: 127–153.

## ARABIDOPSIS THALIANA ECOTYPES IN THE CROSSFIRE OF THE PLANT PATHOGENIC VIRUSES

Szilvia Kis, A. Auber and G. Szittya

National Agricultural Research and Innovation Centre,  
Agricultural Biotechnology Institute,  
2100 Godollo, Szent-Györgyi A. 4.

*Arabidopsis thaliana*, is a small, flowering weed, and one of the most important biological model plants. Several natural variants (ecotypes) has been collected from different geographical locations. The geographical isolaton caused natural genetic variation between these ecotypes which conserved in a homozygous form. This could be considered as a new molecular biology tool kit for the analysis of viral infections and symptom development. Plant pathogenic viruses caused crop losses led to significant economic damages. *Arabidopsis* ecotypes offer an excellent opportunity to study the molecular process of viral infection and to understand the underlying mechanisms of symptom development.

**Keywords:** *Arabidopsis thaliana*, ecotype, genome project, RIL, plant pathogenic virus

### FIGYELEM!

Két Nógrád megyei termőhelyen is megjelent a burgonya baktériumos gyűrűs rothadását okozó karantén károsító.

<http://www.kormany.hu/hu/foldmuvelesugyi-miniszterium/elelmiszer-lanc-felugyeletert-felelos-allamtikarsag/hirek/burgonyara-veszelyes-karanten-karositot-mutattak-ki-nograd-megyeben>

## TERMESZTETT ÉS VADON ÉLŐ BURGONYAFÉLÉK VÍRUSOS BETEGSÉGEI ÉS VÍRUSAI MAGYARORSZÁGON.

### 8. A PARADICSOM FOLTOS HERVADÁS VÍRUS (*TOMATO SPOTTED WILT VIRUS*, TSWV) FERTŐZÉSE ÉS A PAPRIKA (*CAPSICUM ANNUUM* L.) BOGYÓ MELANOTIKUS GYŰRŰSFOLTOSSÁG (FMRS) OK-OKOZATI KAPCSOLATA

Salamon Pál<sup>1</sup>, Nemes Katalin<sup>2</sup> és Salánki Katalin<sup>2</sup>

<sup>1</sup>NAIK, Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézet, 2100 Gödöllő, Szent-Györgyi Albert u.

<sup>2</sup>MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, 1022 Budapest, Herman Ottó út 15.

A paradicsom foltos hervadás vírus (Tomato spotted wilt virus, TSWV) fertőzése és a paprika (*Capsicum annuum* L.) bogyó melanotikus gyűrűsfoltosság (fruit melanotic ringspot, FMRS) közötti ok-okozati kapcsolat igazolásához izolátor alatt tripsz átvitelrel fertőzési kísérletet végeztünk. A TSWV nem-rezisztenciátörő *Cal* izolátumával fertőzött paprika növényeket, mint vírusdonorokat izolátorban neveltünk, melyeken vírusmentes paprikáról származó nyugati virágtripszeket (*Frankliniella occidentalis*) szaporítottunk. A vírusdonor paprikák mellé egészséges *Petunia* hybrida, a TSWV-vel szemben fogékony valamint a *Tsw* rezisztencia gént tartalmazó rezisztens paprika akceptor növényeket helyeztünk. A TSWV tripszekkel történő terjedését és nagy fertőzési nyomását az izolátorban a *petunia* indikátor növények levelein megjelenő nagyszámú nekrotikus lézió jelezte. A TSWV fogékony akceptor paprikák levelein a vírusra jellemző szisztemikus sárga mozaik és gyűrűsfoltosság tüneteket, színesedő bogyóin gyűrűsfoltosságot, a rezisztens akceptor paprika növények levelein elhaló léziókat, bogyóin az FMRS tüneteinek kialakulását figyeltük meg. Az FMRS tüneteit mutató bogyók melanotikus foltjaiból a TSWV-t RT-PCR módszerrel és bioteszttel egyaránt kimutattuk. A provokációs tripsz átviteli kísérletekkel igazoltuk, hogy az FMRS tüneteket a tripszekkel a bogyókra átvitt TSWV RI (rezisztenciát indukáló) törzsének fertőzése okozza a *Tsw* rezisztencia gént tartalmazó paprikákon.

**Kulcsszavak:** TSWV, *Capsicum*, rezisztencia, bogyó melanotikus gyűrűsfoltosság, FMRS, tripsz átvitel

2008 őszén és 2009 nyarán „fehér cecei” paprika vonalak termésein korábban ismeretlen betegség, a bogyó melanotikus gyűrűsfoltosság (fruit melanotic ring spot, FMRS) fellépését állapítottuk meg (Salamon 2009, 2010; 1. A, B ábrák). Kóroktani vizsgálataink kizárták a betegség gombás vagy baktériumos eredetét, ugyanakkor szoros kapcsolatot mutatnak ki a bogyók paradicsom foltos hervadás vírus (*Tomato spotted wilt virus*, TSWV) fertőzöttsége és az FMRS tünetek kialakulása között. Kimutattuk, hogy a megbetegedés olyan hajtatóházakban fordult elő, melyekben a nyugati virágtripsz (*Frankliniella occidentalis*)

szaporodott el és az FMRS-t mutató bogyók a levélzeten tüneteket nem mutató, a *Tsw* rezisztencia gént tartalmazó paprika növényeken fejlődtek (Salamon és mtsai 2011). Fentiek alapján feltételeztük, hogy az FMRS tünetek TSWV rezisztens paprikák bogyóin kialakuló, a *Tsw* rezisztencia gén aktiválásával összefüggő válaszreakciók, melyek tripszek által a bogyón leadott TSWV fertőzésének következményei. Ebben a dolgozatban azokat a kísérleti eredményeket ismertetjük, melyek izolátor alatt, spon-tán tripsz átvitelrel igazolták a TSWV fertőzése és az FMRS tünetek kialakulása közötti ok-okozati összefüggést.

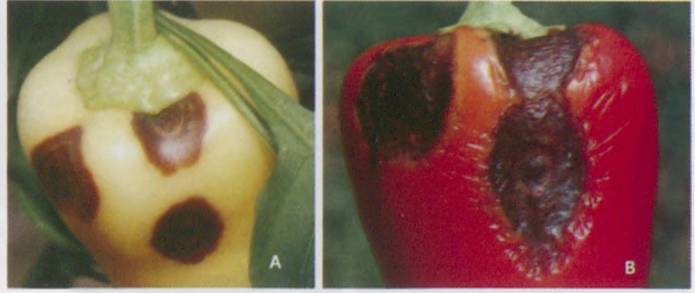
## Anyag és módszer

A kísérletekhez a TSWV nem-rezisztenciatoró Cal izolátumával (Salamon és mtsai 2011) fertőzött, a vírusra jellemző szisztemikus tüneteket mutató 3 paprika növényt (*C. annuum* L. cv. Century F1 = vírusdonor növények) üvegezett és tüllhálós izolátor alatt 14 cm átmérőjű cserepekben neveltünk. Ezekre a növényekre egészséges paprikák (cv. Fehérözön) olyan virágait helyeztük, melyekben nyugati virágtripszek (*Frankliniella occidentalis*) lárvái táplálkoztak. A tripsz lárvák áttelepülését a fertőzött vírusdonor paprikák leveleire és virágaira megfigyeltük. Két héttel a tripszek betelepítése után a vírusdonor növények köré 2 egészséges TSWV fogékony Century F1 paprikát, és a *Tsw* gént tartalmazó, laboratóriumunkban szelektált, *Tsw* gén markerrel ellenőrzött fehér cecei („101C” és „FSV-BC1”) és zöld hegyes erős („TSR”) típusú paprika vonalak 2–2 növényét valamint 2 cserepben 1–1 *Petunia hybrida* indikátor növényt (= vírus akceptorok) helyeztünk. Az akceptor növényeket egyenként, 12 cm átmérőjű cserepekben neveltük. A tripszek megtelepedését és a TSWV fertőzés tüneteit az akceptor növényeken folyamatosan figyelemmel kísértük. A paprikákat az izolátor alatt az első termés kifejlődéséig tartottuk. A TSWV jelenlétét az akceptor paprikák bogyóiban és leveleiben RT-PCR módszerrel és *Nicotiana clevelandii* tesztnövényen biotesztekkel ellenőriztük ismert módon (Salamon és mtsai 2011). Az RT-PCR-hez a TSWV L RNS-ére tervezett, kb. 1500 bázispár hosszúságú DNS-t amplifikáló alábbi oligonukleotidokat használtuk: for 5'-GATGCATCATTTATCAGAGAATA-3'; rev 5'-AATCCCTAGTTAATGGCAAAGACAG-3'.

## Eredmények

### Vizuális vizsgálatok

A vírusmentes paprikák virágaival az izolátorba helyezett nyugati virágtripszek gyorsan

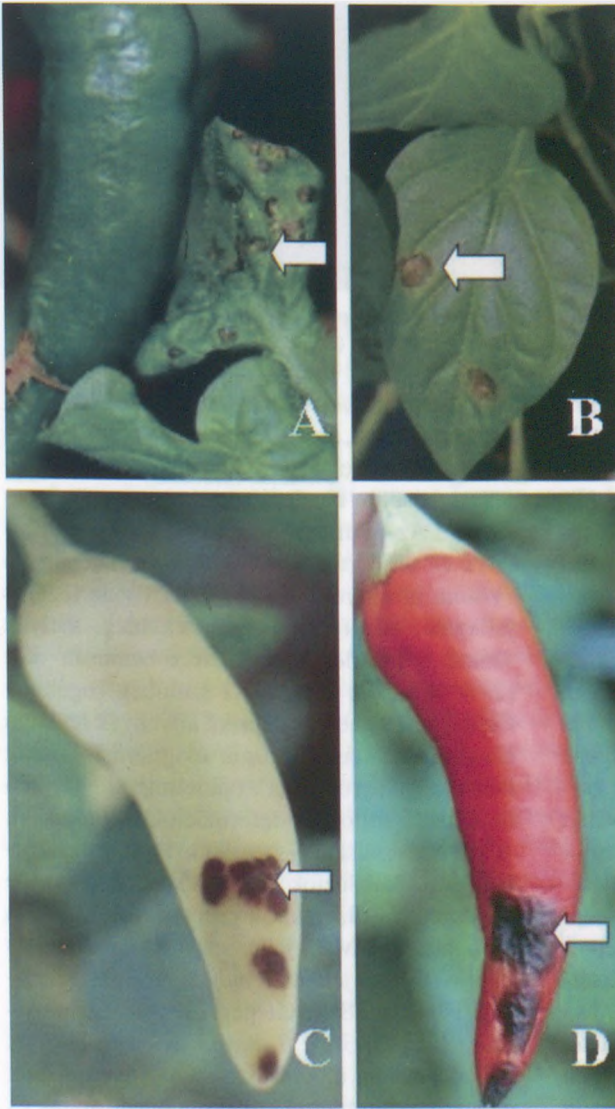


1. ábra. FMRS tünetek hajtatott cecei típusú paprika bogyóján szedés előtt (A) és két héttel a szedés után (B).

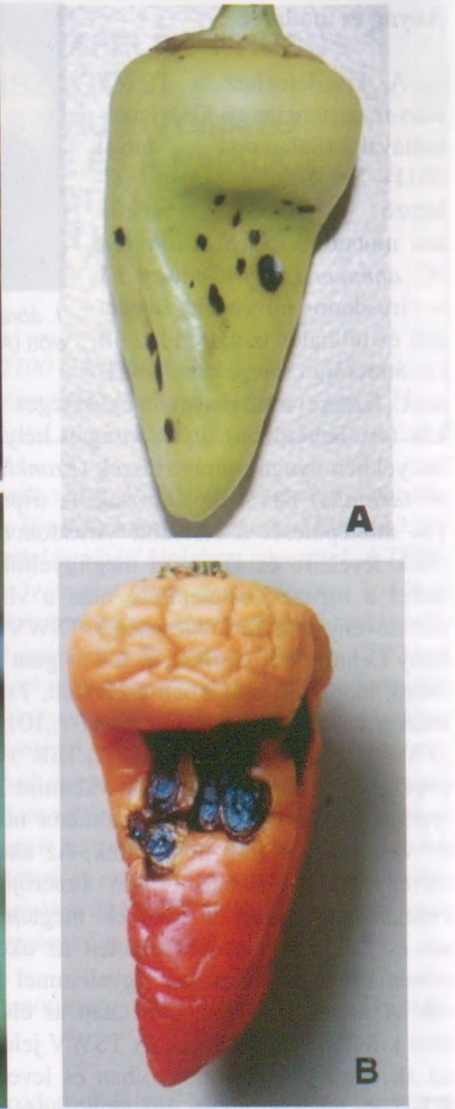
san áttelepültek a TSWV-vel fertőzött vírusdonor paprikákra, azok levelein és virágain táplálkoztak. Az elszaporodó tripszek megjelentek a később betelepített akceptor növényeken is. Az új tripsz generáció TSWV hordozóvá és terjesztővé vált. Ezt igazolta, hogy a *Petunia* növények levelein a TSWV fertőzésre jellemző, elhaló léziók jelentek meg, melyek száma a kísérlet ideje alatt rohamosan nőtt (2. A ábra). A TSWV-vel szemben fogékony Century F1 akceptor paprika növények levelein szisztemikus sárga mozaik és gyűrűsfoltosság tünetek, bogyóin az epidermiszre terjedő besüppedő foltok és deformációk alakultak ki. A TSWV rezisztens paprikák levelein elszórtan nekrotikus léziók képződtek (2. B ábra), de szisztemikus tüneteket a csúcsi leveleken nem mutattak. Az FMRS jellemző sötét melanotikus gyűrűs foltjai jelentek meg a TSWV rezisztens 101C és FSV-BC1 paprika vonalak termésin (2. C, D; 3. A, B ábrák). A beteg bogyók leszedése után, utóérésük alatt az egyedi foltok még jelentősen nőttek, gyakran összefolytak és szélük gyakran elhaló szövetgyűrűvel elvált a tünetmentes bogyóhústól (2. D és 3. B ábrák). Ilyen esetekben is megfigyelhető volt, hogy a foltok szélén, a bogyóhúsban tovább terjedő, határozatlan szegélyű sötétbarna festékes infiltráció alakul ki

### A TSWV fertőzés kimutatása RT-PCR módszerrel és bioteszttel

A TSWV specifikus primerek használatával a várt kb. 1500 bázispár hosszúságú DNS-t amplifikáltunk a rezisztens 101C paprika vonal



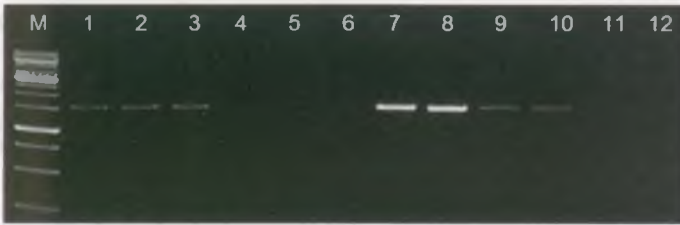
2. ábra. Lokális léziók tripsz átvitelével fertőzött petúnia levelén (A). Nekrotikus léziók az FSV-BC1 paprika vonal levelén (B). Az FMRS kezdődő (C) és kifejlődött tünetei (D) az FSV-BC1 TSWV rezisztens paprika vonal bogyóján.



3. ábra. Az FMRS tünetei a „101C” TSWV rezisztens akceptor paprika vonal bogyóján a szedéskor (A) és 10 nappal a leszedés után (B).

FMRS-t mutató bogyójának melanotikus, beteg szöveteiből (4. ábra 1–3 csatorna), valamint a TSWV fogékony akceptor Century paprika szisztémikusan fertőzött beteg leveleiből és bogyójából (4. ábra 7–10 csatornák). DNS amplikont nem kaptunk az egészséges, tripsz donor Fehérözön paprikák leveleinek és bogyóinak teljes nukleinsav kivonataiból (4. ábra 11–12 csatornák), valamint az FMRS-t

mutató növények beteg bogyójának tünetmentes részeiből (4. ábra 4–5 csatornák) és tünetmentes csúcsi leveléből (4. ábra 6. csatorna). Az FMRS-t mutató bogyók beteg foltjainak szövetnedve fertőző vírust tartalmazott, amely a TSWV Ca1 izolátumra jellemző nekrotikus lokális foltokat valamint szisztémikus ér és csúcshalást okozott az inokulált *N. clevelandii* tesztnövényeken.



4. ábra. A TSWV kimutatása rezisztens (101C) és fogékony (Century, Fehérözön) paprika genotípusok bogyóiból és leveleiből RT-PCR módszerrel

1–3 = a 101C paprika FMRS-t mutató bogyójának melanotikus foltjai;  
4–5 = FMRS-t mutató 101C paprika bogyójának tünetmentes területei;  
6 = FMRS-t mutató 101C paprika tünetmentes csúcsi levele; 7–8 =  
beteg Century paprika bogyói; 9–10 = beteg Century paprika levelei;  
11–12 = egészséges (kontroll) Fehérözön paprika bogyója és levele

## Megvitatás

A TSWV a *Tospovirus* nemzetség (*Bunyaviridae* család) típusfaja (Elliot és mtsai 2000), a legrégebben felfedezett vírusok közé tartozik (Samuel és mtsai 1930). A növényvírusok top 10-es listáján „előkelő” helyre sorolt kórokozóvá az 1980-as évektől vált (Scholthof és mtsai, 2011), miután leghatékonyabb vektora, a polifág nyugati világtripsz (*Frankliniella occidentalis*) nagyrészt emberi közvetítéssel világszerte elterjedt. A tripszekkel perzisztens módon átvihető, a rovarokban szaporodó és azok viselkedését is befolyásoló (Ogata és mtsai 2013) TSWV ma már minden földrészen járványokat és súlyos károkat okoz a fogékony kultúrnövényeken, elsősorban a zöldségféléken (paradicsom, paprika, saláta), a dísznövényeken (pl. krizantém, begonia) és egyes szántóföldi kultúrákon (dohány, amerikaiogyoró /Goldbach és Peters 1994/). Több mint 1000 növényfajra kiterjedő gazdanövénykörébe számos áttelelő, élő lágyszárú gyomnövény tartozik, melyek biztosítják a vírus fennmaradását és a járványok kiinduló forrásait (Peters 1998). A tripszek elleni vegyszeres védekezés a rovarok életciklusa, rejtett életmódja és gyorsan kialakuló szerrezisztenciája miatt nehéz. A TSWV elleni védekezésben ezért előtérbe kerültek az integrált növényvédelmi megoldások, melyeknek fontos eleme a rezisztens növényfajták nemesítése és használata (Pappu és mtsai 2009).

Fogékony paprika fajtákon a TSWV korai fertőzése súlyos és változatos szisztemikus tüneteket okoz a levélzeten és a bogyón egyaránt, míg a késői szisztemikus fertőzés gyakran csak a bogyón manifesztálódó szimptomákat idéz elő (Salamon 2008, Salamon és mtsai 2008). A TSWV-vel szembeni rezisztencia a vírust lokalizáló, nekrotikus hiperszenzitív reakcióval (HR) együtt járó növényi védekezési mechanizmusra vezethető vissza, melyet először Black és mtsai (1991) mutattak ki a *Capsicum*

*chinense* PI 152225 és PI 159236 jelzésű tetelein. Boiteaux és de Avilla (1992) igazolták, hogy a rezisztencia egyetlen domináns génrel öröklődik, mely *Tsw* jelzéssel került a paprika génlistába (Wang és Bosland 2006). A *Tsw* gén a paprika 10. kromoszómáján található (Jahn és mtsai 2000). A levelek fertőzésekor megfigyelt rezisztens HR válasz induktora (RI faktor) a TSWV NSs génje által kódolt fehérje molekula (Margaria és mtsai 2007, deRonde 2013).

A nemesítési gyakorlatban a rezisztens egyedek kiválasztásához a TSWV-vel általában szikleveles korú vagy 2–4 lomblevelésű paprika palántákat fertőznek mechanikai inokulációval a sziklevelelen vagy a lombleveleken. Az inokulált leveleken kialakuló nekrotikus léziók megjelenése és a szisztemikus fertőzés elmaradása alapján szelektálják a rezisztens egyedeket. A természetben azonban a TSWV főként tripszekkel terjed, melyek a leveleken, a virágokban, és a bogyón is táplálkoznak. A fertőzött paprikákat a tripszek előnyben részesítik (Ogata és mtsai 2013) és a természetből felszámolt (kidobott) beteg növények bogyói a lombzat elhervadása után is sokáig táplálékforrásai a tripszeknek, melyekről a rovarok a vírust későbbi vírusforrás gyomnövényekre átvihetik (Ozaki és mtsai 2007).

Aramburu és mtsai (2000) kimutatták, hogy TSWV rezisztens, a fertőzésre HR-el válaszoló paradicsom fajtákon a tripszekkel a termésre átvitt vírus elhaló foltokat idéz elő a bogyón.

Tóbiás és mtsai (2003) nekrotikus foltot és gyűrűt figyeltek meg üvegházi körülmények között TSWV-vel fertőzött rezisztens paprikák és paradicsomok bogyóin. A fehér cecei típusú paprikák terméssein kialakuló FMRS tünetek (Salamon 2009) sokkal súlyosabbak voltak, mint a fenti szerzők által jellemzett nekrotikus tünetek a paradicsom vagy a paprika bogyókon (1. A és 1. B ábrák). A melanotikus foltokra lokalizálódó TSWV fertőzés valamint a beteg bogyókat kötő, de a lombozaton egészséges paprikák rezisztens genotípusának kimutatása (Salamon és mtsai 2011) arra utalt, hogy az FMRS tünetek a TSWV által okozott sötétre színeződő, pigmentált, szélükön lassan elhaló gyűrűs foltok, melyek tripsz átvitelt követően jelennek meg a paprika termésén.

Cebolla-Cornello és mtsai (2003) valamint Genda és mtsai (2008) módszeréhez hasonlóan izolátorban végzett kísérletünkben a petúnia indikátorokon (Allen és Matteoni 1991) jól nyomon követhető volt a tripsz átvitelnek tulajdonítható virusterjedés. Az FMRS tünetek csak a *Tsw* gént tartalmazó akceptor paprika növények bogyóin jelentek meg, melyek beteg szövetekből a TSWV-t molekuláris és patológiai módszerekkel kimutattuk. Ennek alapján igazoltnak tekinthetjük a tripszekkel a bogyókra átvitt TSWV fertőzése, a paprika genotípusa (= a *Tsw* gén jelenléte) valamint az FMRS tünetek kialakulása közötti ok-okozati összefüggést.

A melanotikus foltok színe és folyamatos növekedése miatt a fehér cecei paprikák bogyóin nagyon feltűnőek a tünetek (Salamon 2009). A megbetegedés által okozott gazdasági kár nagymértékben függ a vírust hordozó tripszek számától és aktivitásától, valamint a fertőző bogyók fejlettségi állapotától a rezisztens fajtak állományában. A TSWV-RI (rezisztencia-indukáló) törzset lokalizáló rezisztens paprikák a szisztemikus megbetegedés hiánya miatt feltehetően nem jelentős primer forrásai ennek a vírustörzsnek. A *Tsw* gént tartalmazó paprikák járványtani jelentősége abban nyilvánul meg, hogy nagy szelekciós nyomást gyakorolnak a változékony TSWV populációira. Külföldön már a 90-es évek óta ismert a TSWV rezisztenciatoró törzse (resistance breaking

strain, TSWV-RB; cf. Roggero és mtsai 2001), melyet Magyarországon elsőként FMRS tüneteket mutató paprikabogyóról izoláltuk a nem rezisztenciatoró törzssel együtt (Salamon és mtsai 2010). Ezt követően Bese és mtsai (2012) valamint Csilléry és mtsai (2012) a TSWV-RB törzs hazai terjedését állapították meg. Az RB törzssel szemben ellenállóságot többen kimutattak. A Nunhems B. V. cég TSWV-RB rezisztenciával rendelkező paprika vonalat szabadalmaztatott PA2638 jelzéssel (Anonymous 2013). Parisi és mtsai (2013) egy *Capsicum baccatum* vonalon állapították meg ellenállóságot ezzel a törzssel szemben. Saját kísérleteinkben egy *Capsicum eximium* vonalról állapítottuk meg, hogy a TSWV-RB izolátum az inokulált leveleken lokális léziókat és levélhullást okoz (Salamon és mtsai 2013). Mivel a növénygenetikai szempontból még nem jellemzett TSWV-RB rezisztencia szintén vírus lokalizálással és HR-el kapcsolt, termesztett fajtákba történő beépítése után várható, hogy a bogyók melanotikus gyűrűsfoltossága ezeken a fajtákon is kialakul az RB törzs fertőzését követően.

### Köszönetnyilvánítás

A szerzők ezúton mondanak köszönetet dr. Jenei Apornak és dr. Szabó Zoltánnak (NAIK, MBK) a *Tsw* gén markerekkel végzett vizsgálatokért valamint Földesi Lászlónak az üvegházi növények lelkiismeretes ápolásáért.

### IRODALOM

- Allen, W. R. and Matteoni, J. A. (1991): Petunia as an indicator plant used by growers to monitor for thrips carrying the tomato spotted wilt virus in greenhouses. *Plant Dis.* 75: 78–82.
- Anonymous (2013): TSWV resistant capsicum plants. WO 2013127988 A1 Szabadalmi bejelentés.
- Aramburu, J., Rodriguez, M. and Arino, J. (2000): Effect of tomato spotted wilt tospovirus (TSWV) infection on the fruits of tomato (*Lycopersicon esculentum*) plants of cultivars carrying the SW-5 gene. *Journal of Phytopathology*, 148: 569–574.
- Bese, G., Krizbai, L., Horváth, J. and Takács, A. (2012): Resistance breaking strain of Tomato spotted wilt virus (TSWV) on resistant pepper cultivars in Hungary. *Internat. Symposium: Current Trends in Plant Protection Proceedings, Belgrade 25-28 September, 2012*. 239–241.



- Boiteux, L. S. and de Ávila, A. C.** (1994): Inheritance of a resistance specific to tomato spotted wilt tospovirus in *Capsicum chinense* 'PI 159236'. *Euphytica*, 75: 139–142.
- Boiteux, L. S., Nagata, T., Dutra, W.P. and Forseca, M. E. N.** (1993): Sources of resistance to tomato spotted wilt virus (TSWV) in cultivated and wild species of *Capsicum*. *Euphytica*, 67: 89–94.
- Black, L. L., Hobbs, H. A. and Gatti, J. M.** (1991): Tomato spotted wilt virus resistance in *Capsicum chinense* PI 152225 and PI 159236. *Plant Disease*, 75: 863.
- Cebolla-Cornejo, J., Soler, S., Gomar, B., Soria, M. D. and Nuez, F.** (2003): Screening *Capsicum* germplasm for resistance to tomato spotted wilt virus (TSWV). *Ann. Appl. Biol.*, 143: 143–152.
- Csilléry, G., Almási, A. and Tóbiás, I.** (2012): Occurrence of Resistance Breaking Strain of *Tomato Spotted Wilt Virus* on Resistant Pepper Cultivars in Hungary. Proc. 21st International Pepper Conference, Naples, USA. 27.
- de Ronde, D.** (2013): Analysis of tomato spotted wilt virus effector-triggered immunity. Thesis. Wageningen University. The Netherlands
- Elliot, R. M., Bouloy, M., Calisher C.H., Goldbach R.W., Moyer J.T., Nichol S.T., Pettersson R., Plyusnin A. and Schmaljohn C.S.** (2000): Family Bunyaviridae. In: van Regenmortel, D. H. M. et al. (eds). *Virus taxonomy: Classification and nomenclature of Viruses*. 7th Report ICTV. Academic Press. San Diego, 599–621.
- Genda, Y., Tsuda, S., Nunomura, O. and Ito, T.** (2008): Development of an assay system using thrips-mediated inoculation to evaluate resistance of *Capsicum* spp. to Tomato spotted wilt virus. *Journal of General Plant Pathology*, 74: 171–175.
- Goldbach, R. and Peters, D.** (1994): Possible causes of the emergence of tospovirus diseases. *Seminars in Virology*, 5: 113–120.
- Jahn, M., Paran, I., Hoffmann, K., Radwanski, E. R., Livingstone, K. D., Grube, R. C., Aftergoot, E., Lapidot, M. and Moyer, J. W.** (2000): Genetic mapping of the *Tsw* locus for resistance to the tospovirus tomato spotted wilt virus in *Capsicum* spp. and its relationship to the *Sw-5* gene for resistance to the same pathogen in tomato. *Mol. Plant Microbe-Interactions*, 13: 637–682.
- Margaria, P., Pacifico, D. and Turina M.** (2007): The Nonstructural Protein of *Tomato spotted wilt virus* Is the Avirulence Determinant in the Interaction with Resistant Pepper Carrying the *Tsw* Gene. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 20: 547–558
- Ogada, P. A., Maiss, E. and Poehling H.-M.** (2013): Influence of Tomato spotted wilt virus on performance and behaviour of western flower thrips. *J. Appl. Entomol.*, 137: 488–498.
- Okazaki, S., Okuda, M., Komi, K., Yoshimatsu, H., Iwanami, T.** (2007): Overwintering viruliferous *Frankliniella occidentalis* (Thysanoptera: Thripidae) as an infection source of Tomato spotted wilt virus in green pepper fields. *Plant Disease*, 91: 842–846.
- Pappu, H. R., Jones, R. A. C. and Jain, R. K.** (2009): Global status of tospovirus epidemics in diverse cropping systems: Successes achieved and challenges ahead. *Virus Research*, 141: 219–236.
- Parisi, M., Minutolo, M., Senatora, A., Festa, G., Tripodi, P., DiDato, F., Alioto, D. and Cardi, T.** (2013): Source of resistance to a resistance breaking strain of tomato spotted wilt virus in *Capsicum*. Proc. 57th Italian Soc. Agric. Genetics Annu. Congress. Foggia, Italy 16/19 September 2013. Poster Communication Abstract, 5.36
- Peters, D.** (1998): An updated list of plant species susceptible to tospoviruses. In: Peters, D., Goldbach, R. W. eds. *Recent progress in tospovirus and thrips research*. Wageningen Agricultural University. Wageningen, The Netherlands
- Roggero, P., Masenga, V. and Tavella, L.** (2002): Field isolates of *Tomato spotted wilt virus* overcoming resistance in pepper and their spread to other hosts in Italy. *Plant Disease*, 86: 950–954.
- Roggero P., Melani V, Ciuffo M, Tavella L, Tedeschi R. and Stravato V.M.** (1999): Two field isolates of tomato spotted wilt *tospovirus* overcome the hypersensitive response of a pepper (*Capsicum annum*) hybrid with resistance introgressed from *C. chinense* PI:152225. *Plant Disease*, 83: 965.
- Roggero, P., Pennazio, S., Masenga, V. and Tavella, L.** (2001): Resistance to tospoviruses in pepper. In Marullo, R., Mound, I. (szerk.) *Thrips and Tospoviruses: The Millennial Review*. Proc. 7th Internat. Symp. on Thysanoptera. Bari, Italy, 105–110.
- Salamon P.** (2008): TSWV – változatos tünetek és súlyos károk hajtattott paprikán. *Kertészet és Szőlészet*, 57 (30): 10–13.
- Salamon, P.** (2009): Fruit melanotic ringspot – a new disease of pepper (*Capsicum annum* L.). 5th Internat. Plant Prot. Symp. University of Debrecen, 20–22 October 2009, Debrecen. *Journal of Agricultural Sciences* 2009/38. Supplement, 55–59.
- Salamon P.** (2010): Bogyó melanotikus gyűrűsfoltosság paprikán és paradicsomon. *Kertészet és Szőlészet*, 59 (26): 12–14.
- Salamon P., Hirka J., Horváth J., Juhász Z., Varró P. és Milotay P.** (2008): Késői vírusfertőzések hajtattott paprikán (*Capsicum annum* L.) és paradicsomon (*Solanum lycopersicum* L.) – tünetek a bogyón. 13. Tiszántúli Növényvédelmi Fórum, Debrecen, 2008. október 15–16. Proceedings, 59–65.
- Salamon P., Nemes K. és Salánki K.** (2010): A paradicsom foltos hervadás vírus (Tomato spotted wilt virus, TSWV) rezisztenciatoró törzsének első izolálása paprikáról (*Capsicum annum* L.) Magyarországon. 56. Növényvédelmi Tudományos Napok, Budapest, 23.

- Salamon P., Nemes K. és Salánki K.** (2011): Bogyó melanotikus gyűrűsfoltosság – rezisztens *Capsicum* genotípusokon kialakuló betegség a paradicsom foltos hervadás vírussal (*Tomato spotted wilt virus*, TSWV) fertőzött bogyón. Agrártudományi Közlemények 2011/43 Különszám.16. Tiszántúli Növényvédelmi Fórum, 64–69.
- Salamon P., Nemes, K. és Salánki K.** (2013): Rezisztencia vizsgálatok a Tomato spotted wilt virus (TSWV) első hazai rezisztenciatoró izolátumával *Capsicum* fajokon. 59. Növényvédelmi Tudományos Napok Budapest, 2013. február 19–20. 94.
- Samuel, G., Bald, J. G. and Pittman, H. A.** (1930): Investigations on Spotted Wilt of Tomatoes. CSIR. Bulletin, 44: 1–64.
- Scholthoff, K. B., Adkins, S., Czosnek, H., Palukaitis, P., Jacquot, E., Hohn, T., Hohn, B., Saunders, K., Candresse, T., Ahlquist, P. Hemenway and C., Foster G. D.** (2011): Top 10 plant viruses in molecular plant pathology. Mol. Plant Pathology, 12: 938–954.
- Tóbiás I., Csilléry G. és Balázs E.** (2003): A paradicsom bronzfoltosság vírus elleni rezisztenciára nemesítés paprika és paradicsom esetén. 49. Növényvédelmi Tudományos Napok. 120.
- Wang, D. and Bosland, P. W.** (2006): The genes of *Capsicum*. Hort. Science, 41: 1169–1187.

VIRUS DISEASES AND VIRUSES OF CULTIVATED AND WILD-GROWING *SOLANACEAE* FAMILY IN HUNGARY. 8. DEMONSTRATION OF THE CAUSAL RELATIONSHIP BETWEEN THE INFECTION OF *TOMATO SPOTTED WILT VIRUS* (TSWV) AND THE APPEARANCE OF FRUIT MELANOTIC RINGSPOT (FMRS) OF PEPPER (*CAPSI-CUM ANNUUM* L.)

P. Salamon<sup>1</sup>, Katalin Nemes<sup>2</sup> and Katalin Salánki<sup>2</sup>

<sup>1</sup>NARIC Agricultural Biotechnology Center, 2100 Gödöllő, Szent-Györgyi Albert u. 4. Hungary

<sup>2</sup>Plant Protection Institute, Centre of Agricultural Research, Hungarian Academy of Sciences, 1022 Budapest, Herman Ottó út 15. Hungary

In order to prove the causal relationship between the infection of *Tomato spotted wilt virus* (TSWV) and the appearance of fruit melanotic ringspot (FMRS) of pepper (*Capsicum annuum* L.) transmission experiments using western flower thrips (*Frankliniella occidentalis*) were carried out. Virus donor pepper plants infected with the resistance inducing (RI) Ca1 isolate of TSWV were placed into an insect proof cage in greenhouse. For virus acquisition non viruliferous western flower thrips larvae were allowed to propagate in the virus donor plants for two weeks. Then, young healthy *Petunia hybrida* as well as TSWV susceptible and resistant pepper acceptor plants were placed around the donor plants. Thrips were detected to feed on the foliage, flowers and fruits of the acceptor pepper and leaves of petunia plants. In leaves of petunia numerous necrotic local lesions developed indicating the thrips mediated spread and high infection pressure of TSWV in the cage. In susceptible peppers (cv. Century F1) systemic yellow and necrotic rings appeared while in the fruits discoloured non necrotic ring spots developed. However, isolated necrotic spots in the leaves and dark melanotic ringspots in fruits (FMRS) appeared in individuals of peppers lines (TSR<sup>2</sup>, FSV-BC1 and „101C<sup>3</sup>”) carrying the *Tsw* resistance gene. Using RT-PCR and bio-tests the presence of TSWV was detected in tissue samples from the melanotic ringspots, but did not detected from symptomless areas of fruits of TSWV resistant peppers. Fulfilling the Koch's postulates the present studies clearly demonstrate the causal relationship between the thrips mediated fruit infection with resistance-inducing (RI) strain of TSWV and the fruit melanotic ringspot (FMRS) of peppers carrying the *Tsw* resistance gene.

**Keywords:** TSWV, *Capsicum*, resistance, fruit melanotic ringspot, FMRS, thrips transmission



# KRÓNICA

## AZ MBK OKTATÁSI TEVÉKENYSÉGE

Intézetünk mindig is nagy hangsúlyt fektetett a fiatalok képzésére. Sokan írják itt a szakdolgozatukat, írnak tudományos diákköri dolgozatot, sőt az utóbbi évben gimnazisták is bekapcsolódtak az eredményes kutatásba.

Diákjaink meghálálták a rájuk fordított energiát, az idei országos versenyeken igen szép eredményeket értek el:

### A XXXII. OTDK MBK-s eredményei

#### AZ AGRÁRTUDOMÁNYI SZEKCIÓ EREDMÉNYEI:

(Hódmezővásárhely–Szeged,  
2015. április 8–10.)

#### ÁLLATGENETIKAI TAGOZAT

##### I. helyezés

**Kálmán Zsófia**

*DNS marker fejlesztése gimszarvas populációgenetikai vizsgálatokhoz*  
(Budapesti Corvinus Egyetem,  
Élelmiszertudományi Kar, Sör- és Szeszipari  
Tanszék)

témavezető: Stéger Viktor tudományos  
munkatárs

Dr. Nguyen Duc Quang egyetemi docens

##### II. helyezés

**Fábián Renáta SZIE-MKK**

*Iker egerek létrehozása tetraploid komplementációs technológiával: a gazda embrió genotípusának hatása*

Témavezetők: Dr. Gócza Elen tudományos  
tanácsadó

Bontovics Babett PhD hallgató

##### III. helyezett

**Wilhelm Júlia SZIE-MKK**

*Gimszarvas genetikai markerek fejlesztése új generációs genomszekvenálási módszerekkel*

Témavezetők: Dr. Toldi Ottó intézet igazgató  
Dr. Stéger Viktor tudományos munkatárs

#### Különdíjasok:

**Balogh Erna SZIE-MKK**

*Iker egerek létrehozása tetraploid komplementációs technológiával: a donor embriók genotípusának hatása*

Témavezetők: Dr. Gócza Elen tudományos  
tanácsadó

Bontovics Babett PhD hallgató

**Németh Andrea SZIE-MKK**

*Mangalica-fajtaspecifikus DNS marker fejlesztése*  
Témavezetők: Dr. Bodó Szilárd egyetemi  
docens

Dr. Stéger Viktor tudományos munkatárs

Dr. Marincs Ferenc tudományos főmunkatárs

#### NÖVÉNYGENETIKAI ÉS BIOTECHNOLÓGIAI TAGOZAT

##### II. helyezés

**Fodor Lili SZIE-MKK**

*Két, a szimbiotikus nitrogénkötésben hibás Medicago truncatula mutáns genetikai vizsgálata*

Témavezető: Dr. Kaló Péter tudományos  
főmunkatárs

#### Különdíj

**Barnácz Fruzsina Enikő SZIE-MKK**

*Különböző paprika genotípusok uborka mozaik vírussal (Cucumber Mosaic Virus) szembeni ellenállósága*

Témavezetők: Dr. Salamon Pál tudományos  
munkatárs

Dr. Kiss Erzsébet egyetemi tanár

#### Kémiai és Vegyipari Szekció

Veszprém, Pannon Egyetem, Mérnöki Kar  
2015. április 9–11.

## BIOKÉMIA-BIOTECHNOLÓGIA TAGOZAT:

### 2. hely

**Südy Ágnes** (BME, biomérnök)

*Össejt specifikus markerek kimutatása madár primordiális csírasejtekben*

Témavezetők: Gócza Elen, Lázár Bence,  
Szarka András

**Biológia Szekció – 2015. április 8–10.,  
Pécs**

## BIOTECHNOLÓGIA TAGOZAT

### 1. hely

**Németh Kinga** (ELTE, TTK, biológus)

*Nyúl miRNS-ek azonosítása és expressziójának vizsgálata különböző korú embriókban és őssejtekben*

Témavezetők: Gócza Elen, Vellai Tibor

### 3. hely

**Varga Tünde** (ELTE, TTK biológus)

*RNS alapú diagnosztikai módszer kidolgozása az alma vírusfertőzöttségének kimutatására*

Témavezető: Várallyay Éva

### Gimnazistáink országos és nemzetközi szereplése:

Diákjaink a Premontrei Szent Norbert Gimnáziumban tanultak, ahol felkészítő tanárunk **Kerényi Zoltán** volt.

**Csaba Márton – Farkas János:** TUDOK nagydíj és Rotary Klub különdíja  
Kaló Péter témavezetésével

**Takács Flóra:** ICYS (International Conference of Young Scientists): ezüstérem és IBO (International Biology Olimpiad): ezüst medál  
Gócza Elen témavezetésével

# NÖVÉNYVÉDELEM FOLYÓIRAT MEGRENDELÉS

## Megrendelés hosszabbítása

**Előfizetési díj a 2016. évre: ÁFÁ-val 7100 Ft/év.** Példányonkénti ár: 710 Ft.

Növényorvosi Kamara és a Magyar Növényvédelmi Társaság tagjainak: 6600 Ft/év

**Diákoknak kedvezményesen 4900 Ft/év!**

Megrendelem a Növényvédelem folyóiratot ..... példányban.

Kamara tag vagyok , regisztrációs számom: ..... MNT tag vagyok

Diák vagyok , diákigazolvány számom: .....

Az előfizetési díjat a Környezetbarát Növényvédelemért Alapítvány

K&H 10400054-00502306-00000000 számlájára **legkésőbb 2016. február 5-ig befizetem**

Az előfizetési díjhoz csekket kérek

Az előfizetési díjról előre kérek számlát, amelyet 8 napon belül kiegyenlítek

### Megrendelő

Neve: .....

Számlázási címe:

Ügyintéző neve: .....

Telefon: ..... Fax: .....

Dátum: .....

### Kézbesítés helye

Név: .....

Cím:

E-mail: .....

Aláírás: .....

## Növényvédelem Szerkesztősége

1022 Budapest, Herman Ottó út 15. Postai cím: 1525 Budapest Pf. 102.  
Tel.: (1) 391-8645 • Fax: (1) 391-8655 • e-mail: [balazs.klara@agrar.mta.hu](mailto:balazs.klara@agrar.mta.hu)

## MBK-S RÉSZVÉTEL A „SZŐLŐ VÍRUSOS ÉS VÍRUS-SZERŰ MEGBETEGEDÉSEIT TANULMÁNYOZÓ TANÁCS” (ICVG) 18. NEMZETKÖZI KONGRESSZUSÁN

Az „International Council for the Study of Virus and Virus-like diseases of grapevine (ICVG), 2015-ben szeptember 7–11. között, Ankarában tartotta 18. kongresszusát.



A konferencia résztvevői

A konferencián 26 ország, több, mint 130 kutatója vett részt. Eredményeiket 58 előadásban és 51 poszteren mutatták be.

A megnyitó plenáris előadáson G.P. Martelli professzor Úr, a tanács elnöke, tartott összefoglaló előadást a szőlővirológia helyzetéről, majd török házigazdánk ismertették a szőlőtermesztés törökországi helyzetét. A tanácskozás 5 napján 11 szekcióban tájékozódhattunk a szőlővírus és fitoplazma kutatások legújabb eredményeiről. A szőlőt több, mint 60 vírus fertőzi. Ezek tanulmányozása már eddig is nagy kihívás elé állította a virológusokat. A diagnosztikai technikák robbanásszerű fejlődése, az új generációs szekvenálási eljárások diagnosztikai alkalmazása azonban, szinte forradalmasította a vírusazonosítást. E technikáknak köszönhetően az utóbbi években több új szőlőt fertőző vírust írtak le, melyek

elterjedéséről csak most kezd gyűlni az információ. Tünetekre gyakorolt hatásuk megállapítása és molekuláris jellemzésük pedig még csak éppen elkezdődött.

A konferencián Burgyán Józseffel vettünk részt és előadtuk a magyar szőlőültetvények vírusfertőzöttségének kisRNS-ek újgenerációs szekvenálásával végzett felméréséről kapott eredményeinket. Hasonlóan török kollegáinkhoz, mi is először adtunk hírt a Grapevine Pinot Gris és a Grapevine Syrah virus1 országunkban való jelenlétéről.

A konferencián elhangzott eredmények alapján valószínűsíthető, hogy a csúcstechni-

kák alkalmazása egyre szélesebb körben elterjed majd. Ahhoz azonban, hogy e változások ne csak az alapkutatót segítsék, hanem végül felváltsák a nem elég érzékeny ELISA és a hosszú évekig tartó bioteszteket alkalmazó vírusdiagnosztikát, még nagyon sok összehasonlító vizsgálatot kell elvégeznünk. Ezen folyamatok összehangolására szerveződött COST programban (COST FA1407 – „Application of next generation sequencing for the study and diagnosis of plant viral diseases in agriculture,”) a NÉBIH munkatársai: dr. Krizbai László és Kriston Éva mellett mi is részt veszünk.

Az előadások és poszterek leírását tartalmazó kötetet az érdeklődők szabadon letölthetik a konferencia honlapjáról: <http://www.icvg2015.org/>

Várallyay Éva  
NAIK-MBK Diagnosztikai csoport

## KUTATÓK ÉJSZAKÁJA AZ MBK-BAN

2015. szeptember 25-én a NAIK-MBK idén is megnyitotta kapuit az érdeklődők számára, a Kutatók Éjszakája programsorozaton belül már harmadik alkalommal.

Látogatóinknak elmondtuk, hogy kutató-intézetünkben molekuláris biológiai módszerek felhasználásával kutatjuk a természetű növények és tenyésztett állatok alapvető biológiai funkcióit.

Azt ígértük, hogy programjaink során az érdeklődő laikusok és fiatal diákok is betekintést nyerhetnek a korszerű molekuláris biotechnológiai kutatások mindennapjaiba. Előadásokat, bemutatókat láthatnak arról, hogy mi is az a DNS, mi mindenre lehet jó egy baktérium, milyen egy génmódosított háziállat és miért készítünk UV fényben világító növényeket.

Délután 2-kor általános iskolásokat fogadtunk az „Akarsz te is molekuláris biológus lenni” című programunkra. PhD hallgatóink: Oláh Enikő, Pesti Réka, Bálint Jeannette, Kis András, Czotter Nikoletta és egyetemistánk Balássy Júlia segítettek bemutatni a Növényi fejlődésbiológiai és a Diagnosztikai csoportot. Megmutatták, hogy milyen munkaeszközökkel, milyen körülmények

között dolgoznak molekuláris biológus kutatóink. Kisebb csoportokban egyszerű receptek alapján lehetett a pipetta, centrifugahasználatot gyakorolni. A körút végeztével teszt kitöltésével bizonyosodtunk meg arról, hogy mindent sikerült érthetően elmagyaráznunk.

Közös kalandra is hívtuk az érdeklődőket a „Nyomozás a laborban” című programunkra, ahol Auber Andor, Benkovics Anna és Kis Szilvi kalauzolták 3 turnusban, este 10-ig az érdeklődőket. Programjuk a következőket ígerte: „A legközelebbi kutatókkal is előfordul néha, hogy összekeverik fontos mintáikat. Az este folyamán a vállalkozó kedvű jelentkezők maguk is részt vehetnek egy ilyen eset felderítésében. Megtapasztalhatják, hogy a kutatói létben az izgalmas kísérletezés gyakran több-kevesebb fejtorést is igényel. Segítségnyújtásuk közben pedig szinte észrevétlenül nyerhetnek betekintést a génmérnökség világába – olyan általánosan alkalmazott technikák megismerésével, mint a PCR és az agaróz gélelektroforézis.” Az érdekesen hangzó témára több, mint 50-en voltak kíváncsiak.

A „Science fiction, vagy molekuláris biológia” programunkat is több, mint 30 kíváncsi résztvevő tesztelte – két turnusban. Nekik azt ígértük, hogy: „Tiszthatsz DNS-t, megtudhatod, hogy mik azok a riportergének, mire jók,





hogyan juttathatóak a növényekbe? Mire jó egy medúzafehérje és milyen színűek a növények UV alatt? Megmutatjuk hogyan és hol neveljük növényeinket, miért vizsgáljuk a növényi géneket és hogyan tudunk belőlük többet előállítani baktériumok és gépek segítségével.”

A nagy sláger azonban idén is a „zöld egér” volt, amelyet a „Genetikailag módosított emlősállatok” programunk kapcsán minden évben rengetegen szeretnének látni. Így ezt a programot is háromszor kellett megtartania Bender Balázs lelkes csapatának, hogy mindenki beférjen és megtudja: Hogyan hozhatunk létre genetikailag módosított állatokat? Hasznosíthatók-e a genetikailag módosított állatok a mezőgazdaság számára? Mik a geneti-

kailag módosított állatok alkalmazási területei, részt vegyen a mikromanipulációs bemutatón és megsimogathassa a kisállatainkat.

A Kutatók Éjszakáján, összesen 138-an (83 gyerek és 55 felnőtt) látogattak el hozzánk (1–68 éves korig), és ha már itt voltak általában több programon részt vettek. Mint a program szervezője azt láttam, hogy a gyerekek, szülők, tanárok, nagyszülők és a programban résztvevő összes kutató nagyon jól érezte magát. Remélem, hogy jövőre is hasonlóan lelkesek lesznek a szervezők és a résztvevők is.

**Várallyay Éva**  
A NAIK-MBK Kutatók Éjszaka  
programjának koordinátora

## X. NÖVÉNYORVOSI NAP A NÖVÉNYORVOSOKÉRT ÉS AZ ÉLELMISZER- BIZTONSÁGÉRT

A kamara törvényi kötelezettsége, hogy tagjait szakmailag tovább képezze, aktuális információkkal ellássa. Évente megrendezésre kerül számos rendezvény – tudományos fórumok, kötelező szakmai továbbképzések, helyi és regionális szakmai napok, konferenciák – amelyek felölelik szakterületünk egy-egy szelétét, de ezek között kevés olyan van, amely a teljes magyar növényvédelmi szakmát képes megmozgatni. Mára ilyen, szakmánkban és szakmánkon kívül is országosan elismert rendezvény rangjára emelkedett a hagyományosan november második szerdáján megrendezésre kerülő növényorvosi nap, amelyet 2015. november 11-én immár tízedik alkalommal szervezett meg a Magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara a Budapesti Corvinus Egyetem Kertészettudományi Karának Dísztermében több mint 600 növényorvos kolléga, gyakorló növényorvosok, oktatók, kutatók, a tudományos élet és a szakmapolitika jeles képviselőinek részvételével.

Az elmúlt esztendő növényorvosi napjain a növényvédelmi szakma legjelesebb hazai szakemberei tartottak előadásokat a téma olyan részterületeiről, amelyek nagy érdeklődésre tartottak számot, ezzel is hozzásegítve a Magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara több mint háromezer növényvédő mérnök és növényorvos tagját ahhoz, hogy színvonala-sabban szolgálhassák az élelmiszerbiztonság ügyét, és hatékonyabban segíthessék a magyarországi gazdálkodók gyakorlati munkáját. A növényorvosi nap egy évértékelő is egyben, összegzése a szakma eseményeinek növényorvosi naptól - növényorvosi napig. A 2015. esztendőt ilyen megközelítésből értékelve elmondhatjuk, hogy meglehetősen eseménydús volt. Voltak komoly eredmények, sikerek, sok feladat és munka, és voltak nagyon súlyos veszteségek, negatív változások.

Az év pótolhatatlan vesztesége több olyan kiváló kollégánk elvesztése, akik évtizedeken át a magyarországi növényvédelem meghatározó személyiségei voltak. Májusban elhunyt *dr. Nagy Bálint*, a modern hazai növényvédelmi szervezet megalapítója, a világszinten is példaértékű magyar növényvédelem erős kezű megszervezője és irányítója, növényvédős generációk szakmai példaképe. Mintha ebben is összebeszéltek volna, szintén májusban távozott közülünk *dr. Szepessy István* egyetemi tanár a hazai növénykórtan egyik legmeghatározóbb oktatója és kutatója, aki Nagy Bálint közvetlen munkatársaként a magyar növényvédelmi szervezet megalapításának egyik meghatározó közreműködője. Az év nagy növényvédős vesztesége *dr. Jenser Gábor* egyetemi tanár, entomológus kutató, tankönyvíró halála. Idén hunyt el *Szunics László* kiváló búza nemesítő, *Móczár László* állattani professzor és *dr. Erdélyi Csaba* agrozoológus, akik mindannyian felejthetetlen munkatársaink, jó barátaink voltak. Azonban e fájó listának még nincs vége, augusztusban elvesztettük kamarai tagtársunkat *Kormányos Ferencet*, a kamara országos Növény-, Környezet- és Élelmiszerbiztonsági Bizottságának tagját. A X. Növényorvosi Napot rájuk is emlékezve az ő emléküknél is ajánlottuk. Szeretett, tisztelt, nagyszerű kollégáink emlékét megőrizzük. Munkásságuk, eredményeik, életművük a jelen kor és a jövő növényvédős generációinak is örök példaértékű fundamentumai lesznek.

A súlyos csapások a magyar növényvédelmi szervezetet sem kímélték. 2015-ben minden eddiginél alacsonyabb szintre ereszkedett a megyei növényvédelmi szervezetek nivója. Az önállóságukat már korábban elveszített megyei „növényvédő állomások” idén rangjuk megcsonkítását is kénytelenek voltak elszenvedni, amikor az államreform program részeként a megyei kormányhivatalok átalakításának keretén belül igazgatóság szintjéről osztály szintre minősültek vissza. Joggal vetődik fel a kérdés: hogyan fogják tudni a megyei növényvédelmi szakigazgatási szervezetek az élelmiszerbiztonság területén nem kis súlyú feladataikat ellátni tovább redukált létszámmal, erőforrásokkal és lehetőséggel?





A Növényorvos Nap résztvevői 2015. 11. 11. Fotó: Czifra Lajos

Házigazdaként köszöntötte a növényorvosi napon megjelent vendégeket **dr. Hegedűs Attila** egyetemi tanár a Budapesti Corvinus Egyetem Kertészettudományi Karának dékánja. Elmondta, hogy kiemelkedően fontosnak érzi és megtisztelőnek egyetemi karuk számára, hogy a magyar növényvédelmi szakterület e kiemelkedő rendezvénye immár 10. alkalommal náluk kerül megrendezésre. A növényorvos képzés karuk egyik prioritása. A kamarával évek óta szorosan együttműködnek. Közös küzdenek a növényorvos képzés magas szakmai színvójának megőrzésén, illetve visszaszerzésén. Köszönetét fejezte ki a kamarának együttműködéséért, és segítségéért egyetemük törekvéseinek megvalósításában.

„A növényvédelem kiemelt fontosságú területe az agrárágazatnak. A Növényorvosi Kamara elismertsége és megbecsültsége érzékelhetően nőtt.” E szavakkal köszöntötte a rendezvény résztvevőit **dr. Nagy István** miniszter-helyettes, az FM parlamenti államtitkára a minisztérium képviselőjeként. Az államtitkár elmondta, hogy a minisztérium és a Növényorvosi Kamara együttműködése az utóbbi időben

sokat erősödött, folyamatos a véleménycsere, a minisztérium számít a növényorvosokra. A kamara a Földművelésügyi Minisztérium stratégiai partnere, a tárca Növényvédelmi Bizottságának munkájában aktívan és eredményesen részt vesz. Nőtt a kamara részére folyósított minisztériumi támogatás mértéke is. Megköszönte a kamarának közreműködését a parlagra elleni küzdelemben. A kamara a Magyar Országos Polgárőr Szövetséggel együttműködve részt vesz a polgárőrök szakmai képzésében, segítve hatékony közreműködésüket a parlagra mentesítési tevékenységben. A kamara szaktanácsadó hálózata segíti a gazdálkodókat a parlagra felismerésében és a parlagra fertőzés szakszerű megszüntetésében. Az államtitkár tapasztalatai szerint a növényorvos szakma nagyon érdeklődő és nyitott közösség, amit a mai növényorvosi napon megjelentek nagy száma is bizonyít. Nap mint nap új kihívások, új károsítók megjelenése teszi próbára a növényorvosokat, amire megfelelő szakmai válaszokat kell adni. Egy közösség szakmai ereje, összefogása lehet csak képes a megfelelő válaszok adására. Sok hazai fórumon beszélnek róla,

elemzik az adatokat, amely azt mutatja, hogy a mezőgazdasági potenciál 40-50 %-át használjuk csak ki. Vagyis sokkal több van a magyar mezőgazdaságban, mint amennyi a jelenlegi termelési produktumunk. Abban, hogy ezt emelni tudjuk, a növényegészségügynek, növényorvoslásnak nagyon fontos szerepe van. Úgy gondolja, a magyar növényorvosok magas szinten teszik a dolgukat. A növényorvosok szakmai presztízse a tudásukból, magas szintű szakmai képzettségükből, múltjukból ered. Ezt erősíteni szeretnék, hogy a növényorvoslás a jövőben is hasonlóan erős presztízzsel rendelkezzen. Ezért is fontos átvizsgálni a növényorvos képzés helyzetét. A szakmai fórumok egyöntetű álláspontjai alapján ez a képzés csak nappali tagozaton, 5 éves, osztatlan képzési keretek között kellene, hogy történjen a jövőben. Ez teszi lehetővé azt, hogy a képzés olyan színvonalú lehessen, amely a szakma presztízst, és az elvárt magas szintű tudás átadását biztosíthassa. Dr. Nagy István államtitkár emlékeztetett arra, hogy a növényorvos fogalma bekerült az élelmiszerláncról szóló törvénybe, ami jól mutatja a szakterület fontosságát, hiszen az élelmiszerbiztonság a talajnál, a növénynél és a növényi termékeknél kezdődik. A növényorvosok azzal, hogy a növények egészségét óvják, és növényvédő szer hatóanyag-maradék mentes növényi terméket állítanak elő védik az emberek egészségét.

Részt vett a növényorvosi napon, és köszöntötte a hallgatóságot **Jakab István**, az Országgyűlés alelnöke, a MAGOSZ elnöke. Örömet fejezte ki, hogy ismét itt lehet a rendezvényen, hiszen mindig szívesen jön a növényvédősök közé. A növényvédelem a növénytermesztési ágazat legmeghatározóbb területe, a termelés biztonságának alapja. A mai világban az integrált növényvédelem elveinek betartása mellett úgy kell a növényeket megvédeni a rájuk leselkedő számtalan veszély ellenében, hogy növényvédő szert csak minimális mértékben használjanak fel, ezáltal is csökkentve az ebből adódó élelmiszerbiztonsági kockázatot és a környezet veszélyeztetését. Jakab István szerint itt értékelődik fel igazán a növényvédősök szerepe, és magas nivójú szaktudásuk fontossága. Mert a mai kor e nem könnyű kihívásának

eleget tenni csak a legmagasabb szinten kvalifikált növényvédő szakemberek képesen. Örül annak és büszke rá, hogy Magyarország ilyen növényvédős gárdával rendelkezik, akik szaktudásukkal nagy mértékben hozzájárulnak az ágazat eredményességéhez. Megköszönte, hogy a magyar mezőgazdaság mindenkor számíthat a növényvédősökre, növényorvosokra.

**Györffy Balázs**, a Nemzeti Agrárgazdasági Kamara elnöke kiemelt stratégiai partnerként köszöntötte a Növényorvosi Kamarát. Elmondta, hogy két kamara együttműködésének egyik nagyon fontos területe az okszerű növényvédelem feltételeinek megteremtése, és minél szélesebb körű elterjesztése. Kiemelte, hogy a két kamara immár második éve hatékonyan és eredményesen együttműködik az országos növényvédelmi előrejelző rendszer működtetésében, amely nagyban segíti a gazdálkodók munkáját. Györffy Balázs utalt arra, hogy a két kamara közötti együttműködés más feladatokra is kiterjed. A NAK az NMNK bevonásával minden olyan szakmai egyeztető fórumon részt vesz, ahol a hazai szabályalkotási folyamat zajlik. A növényvédelmi témájú jogszabályok véleményezésénél mindenkor figyelembe veszik, és számítanak a Növényorvosi Kamara szakmai állásfoglalására. A NAK elnöke beszélt a szaktanácsadás várható helyzetéről. Növényvédelmi szaktanácsadást csak Növényorvosi Kamarai tag szaktanácsadó végezhet, aki regisztrál, és megfelel a szakmai és jogszabályi követelményeknek.

Köszöntötte a növényorvosi napon résztvevőit **Jordán László** a NÉBIH elnök-helyettese és **Szalkai Gábor** az FM Élelmiszerlánc-felügyeleti Főosztály főosztályvezető-helyettese is, akik a növényvédelmi szakigazgatás és jogszabály alkotás aktualitásairól adtak rövid tájékoztatást. Folyamatban van a növényvédelmi tevékenységről szóló 43/2010. FVM rendelet módosítása, amely még ez évben megjelenik. A módosított rendelet várhatóan egy igazán komoly feladatot biz kamarára, a permetező gépek kötelező műszaki felülvizsgálatának végzését. A kamara dolgozik a megyei állomásokra épülő rendszer felépítésén. A módosított rendelet értelmében a jövőben csak olyan növény-

orvos írhat fel növényorvosi vényt a gazdálkodónak, akivel növényvédelmi szakirányításra vonatkozó érvényes szerződése van. Ez várhatóan egy újabb lépést jelent majd azon cél irányába, hogy minden gazdálkodó mögött álljon növényorvos. A rendelet módosítás pontosítja az elektronikus növényorvosi vény kitöltés lehetőségét. A kamara dolgozik a rendszer kidolgozásán, és várhatóan 2016-tól működni fog elektronikus vénykitöltő rendszer.

A kamara vezetősége meghívásának eleget téve Ausztriából érkezett a X. Növényorvosi Napra **Dr. Josef Rosner** és **Kurt Foltin**, akik osztrák kollégáink köszöntését tolmácsolták. Kifejezték örömeiket, hogy ilyen nagyszabású növényvédős rendezvényen lehetnek itt Magyarországon, és hangot adtak reményüknek, hogy szorosabb kapcsolatot építhetünk ki a két ország növényvédelmi és növényegészségügyi szervezetei és szakemberei között.

A növényorvosi napok hagyományainak megfelelően a rendezvényen miniszteri és kamarai kitüntetések átadására is sor került. **dr. Nagy István** államtitkár, **dr. Fazekas Sándor** földművelésügyi miniszter nevében, **miniszteri elismerő okleveleket** adott át három kiváló kollégánknak. Miniszteri elismerő oklevél kitüntetésben részesült **Dziobek Gusztáv**, **dr. Grozdits Károly** és **Kujáni László**. A kamara kitüntető oklevéllel és aranygyűrűvel járó **kiváló növényorvos** kitüntetését kapta meg **Földesi István** (Békés megye), **Nagy László Ferenc** (Hajdú-Bihar megye), **Sáfrány József** (Borsod-Abaúj-Zemplén megye), **Sümegei Zoltán** (Bács-Kiskun megye). A miniszteri elismerő oklevél és a kiváló növényorvos kitüntetésben részesült kollégáinknak ezúton is szívből gratulálunk!

A X. Növényorvosi Nap szakmai részében két témakörben hangzottak el előadások. A délelőtti programban „**Új kártevők, kórokozók, özönnövények megjelenése**” – címmel hallhattunk előadásokat, a délutáni program keretében pedig „**Modern környezettudatos növényvédelmi megoldások**” – témái kerültek napirendre.

A szakmai előadások keretében került sor a növényorvosi nap meghívott külföldi vendégének, **dr. Avetik Nersisyan** az ENSZ FAO Európai és Közép-Ázsiai Regionális Iroda növény-

termesztési és növényvédelmi referensének előadására a növényvédelem és növényegészségügy európai kihívásairól, a FAO céljairól és törekvéseiről a növényvédelem és növénytermesztés területén.

Az inváziós gyomnövények terjedéséről tartott előadást **Szabó Roland** gyombiológus. Az özön- vagy inváziós növényfajok által jelentett problémák az egész világon egyre fokozottabb figyelmet kapnak. A különböző szakirodalmakban többféle értelemben használják az „invázió” kifejezést, leggyakoribb jelentéstartalma az, amikor egy nem őshonos faj terjedéséről beszélünk. Viszont egyre több esetben használják e kifejezést az őshonos növények gyors felszaporodására is, amire hazánkban is számos példa van. A hirtelen megváltozott feltételekre egyes helyeken gyors felszaporodással reagáltak például iszalag fajok, a siska nádtippán, a gyalogbodza, egyes menta fajok, a fekete üröm. A hazai szántó területekre a közeljövőben várhatóan a következő fajok tömeges beözönlésére számíthatunk. Határainkon túlról az *Ambrosia trifida* és az *Amaranthus palmerii*, hazánk területéről többek között madársóska fajok, a közönséges selyemkóró, a bálványfa, a magas aranyvessző, köles fajok. A növényvédelem egyik fontos új kihívása az invázió gyomnövények elleni hatékony védekezési eljárások megtalálása.

A disznövények új és veszélyes kártevői címmel tartott érdekes előadást **dr. Marácz László** a téma kiváló hazai szakértője. A faszárú disznövények iránti igény jelentősen megnövekedett. A kereskedők újabb és újabb fajokat, fajtákat hoznak be hazánk területére, és ezekkel esetenként az adott növény károsítóit is behurcolják. Ezek az új károsítók kedvező feltételeket találva gyorsan képesek felszaporodni, és jelentős károkat okozni. Napjainkra országszerte elterjedt a selyemfényű puszpángmoly, jelentős pusztításokat okoz, mindenütt fel kell készülni az ellene való védekezésre. Tujákon, ciprus fajokon, borókán terjed a borókaszú. Tuján okoz jelentős károkat a borókatafkadiszbogár. Európában még csak hazánkban és néhány környező országban fordul elő a tűztövis gubacsatka, amely korai lombvesz-

tést okozhat dísznövényeinken. 2013-ban jelent meg az ostorfa teknőspajzstetű és a déli ostorfagubacsatka, amely szintén komoly fejtörést okoz a városi fásítást végző szakembereknek.

**Melika George**, a NÉBIH NTAI Növényegészségügyi és Molekuláris Biológiai Laboratóriumának vezetője a szelidgesztenye egyik jelenlegi legveszélyesebb kártevőjéről, a szelidgesztenye gubacsdarázsról, és az ellene kidolgozott biológiai védekezési lehetőségről adott tájékoztatást előadásában. Ez a veszélyes kártevő Kínában őshonos, Magyarországra fertőzött szaporítóanyaggal 2008–2010 között többször is bekerült, de ezeket a fertőzési göcöket gyors és hatékony hatósági beavatkozásokkal sikerült felszámolni. 2013-ban azonban természetes úton bekerült Szlovéniából Zala megyébe, majd azóta továbbterjedt több megyébe is, egészen Budapestig eljutva. Hagyományos módszerekkel a károsító elleni védekezés nem bizonyult eredményesnek. Az egyedüli hatékony védekezési lehetőséget ellene a gubacsdarázs Ázsiában honos természetes ellenségének a *Torymus sinensis* fémfürkésznek a betelepítése jelenti. A szükséges engedélyek beszerzését követően több dunántúli területre betelepítették a *T. sinensis* fémfürkészt. Az eredményeket értékelve elmondható, hogy a betelepítés sikeres volt. A szelidgesztenye gubacsdarázs populációjának hosszú távú szabályozásához átfogó, országos betelepítési program kidolgozása szükséges.

Koherens elemekre épülő növényvédelmi megoldás almában címmel mutatta be fejlesztési eredményeiket **Hadászi László** a KITE Zrt. fejlesztési- és szaktanácsadási igazgatója. Kísérleti alma ültetvényeikben a legmodernebb technológiai újításokat is alkalmazva, az integrált növényvédelem minden lehetséges módszerét beépítve a legkorszerűbbnek nevezhető alma-termesztési technológiát dolgoztak ki. Technológiájuk első eleme a terület megfelelő kiválasztása és a szükséges tereprendezések precíziós elvégzése, amelyeknek a későbbi elemekre alapvető kihatásuk van. Az ültetvény jégpáncél védett, megfelelő táprendszerrel ellátott, a fajtaválasztás, alanyhasználat, koronaforma meghatározó fontosságú. Fokozott figyelmet kap

a hajtásnövekedés szabályozása, a természabszabályozás és a tápanyag-gazdálkodás, öntözés, valamint a növényvédelmi előrejelzés. A biológiai növényvédelmi eszközök széles tárat alkalmazzák: hasznos élő szervezetek, talajlakó mikroorganizmusok betelepítése, szexferomonos légtértelítés, természetes eredetű (almamoly granulovírus) növényvédő szerek. Az időzített kémiai védekezések száma az általuk kidolgozott technológiában minimális.

**Dr. Roszik Péter**, a Biokontroll Hungária Kft. ügyvezetője az ökológiai gazdálkodásban alkalmazott korszerű növényvédelmi módszerekről beszélt. Az előadó elmondta, hogy az ökológiai gazdálkodás talán az egyetlen gazdálkodási rendszer a világon, amelyet nagyon pontos jogszabályok definiálnak, kizárva szinte minden félreértést. A termelésnek ellenőrzési-tanúsítási rendszerben kell folynia, és a tápanyag-gazdálkodásban és a növényvédelemben használható módszerek és anyagok is szigorúan meghatározottak. Az EU-ban az ökológiai gazdálkodásba vont terület nagysága folyamatosan növekszik, jelenleg 250 ezret meghaladó számú termelő 10 millió hektáron gazdálkodik így. Ez hatékony növényvédelem nélkül elképzelhetetlen lenne. A cél közel annyit termelni, mint hagyományos úton, környezeti- és egészségkárosítási következmények nélkül.

**Forray Alfréd**, a Floratom Kft. növényvédelmi vezetője a hajtás biológiai növényvédelmi lehetőségeit mutatta be. Elmondta, hogy a természetes ellenségek (poszméhek, fürkészdarázsok, ragadozó atkák) használata mára általánossá vált Magyarországon hajtásban az árutermelő kertészek köreiből, de szabadföldi alkalmazásukra is folynak kísérletek. A hajtásban alkalmazott biológiai módszerek és természetes ellenségek bővülő lehetőségei megkönnyítik a növényvédelem számára azt a kihívást, hogy meg tudja felelni a fogyasztók megnövekedett igényeinek, valamint a piacokra és az áruházláncok polcaira kerülő termékekkel szemben támasztott élelmiszerbiztonsági kívánalmaknak.

A növényorvosi nap végezetéül, de egyáltalán nem utolsó sorban hangzott el a sokakat érdeklő előadás a permetező gépek időszakos műszaki felülvizsgálatáról várhatóan a kamara

feladataként *iff. Bakonyi István*, a Hajnalpír Kft. ügyvezető igazgatójának tolmácsolásában. Hazai és EU-s jogszabályok kötelezővé teszik a növényvédő gépek időszakos műszaki felülvizsgálatát, de Magyarországon ennek érdekében még nem történtek meg a szükséges lépések. A Magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara fontos céljai közé emelte e kérdés megoldását. A kamara a Fejér Megyei Területi Szervezetét megbízta a rendszer kidolgozásával, amely szervezet a Hajnalpír Kft.-vel együttműködve két és fél éve üzemelteti első kísérleti mobil felülvizsgáló állomását. Az állomás önkéntesen jelentkezők megrendeléseinek eleget téve már üzemszerűen működik. A gyakorlati tapasztalatok azt mutatják, hogy a hazai növényvédelmi géppark jelentős részének műszaki állapota nem kielégítő. A rossz műszaki állapotú növényvédő gép használata

nemcsak a termelés hatékonyságára van negatív hatással, hanem veszélyezteti a biztonságos élelmiszer előállítását is. Ezen okok miatt is a növényvédő gépek számának és állapotának felmérése és ellenőrzése feltétlenül indokolt. A kamara felülvizsgáló állomása ez év októberében megkapta a jogszabálynak megfelelő hivatalos tanúsítványát is. A 43/2010. FVM rendelet küszöbön álló módosítása értelmében a növényvédő gépek műszaki felülvizsgálatát várhatóan a Magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara fogja végezni. A kamara készül a feladatra, előkészítő lépéseket tett országos felülvizsgáló állomás rendszer kialakítására.

**Tarcali Gábor és Olszewski Ildikó**  
*Magyar Növényvédő Mérnöki  
és Növényorvosi Kamara*

## A NÖVÉNYVÉDELMI KLUB

**2016. január 4-én** 14,30 órától várja az érdeklődőket a Növény-, Talaj- és Agrárkörnyezetvédelmi Igazgatóság (1118 Budapest, Budaörsi út 141–145.) előadótermében.

A klubdelutánon **KOLONICS FERENC** kereskedelmi munkatárs  
Agria Kft., Szentgotthárd

### **CORNPROTECT – A HIÁNYZÓ LÁNC SZEM A KUKORICABOGÁR ELLENI KÜZDELEMBEN**

címen tart előadást.

**VÁRJUK A FIATAL ÉRDEKLŐDŐKET ÖSSZEJÖVETELEINKEN!**

**Dr. Tarjányi József**  
a Klub elnöke

és

**Zsigó György**  
a Klub titkára

# KITÜNTETÉS

## KITÜNTETÉSEK A NÖVÉNYORVOSI NAPON

### MINISZTERI ELISMERŐ OKLEVÉL KITÜNTETETTJEI

**Dziobek Gusztáv**



Dziobek Gusztáv tevékenysége során kiemelt figyelmet fordított az integrált növényvédelmi technológiák alkalmazására. A tápanyag-gazdálkodás és a környezetvédelem üzemi feladatait kitűnően valósította meg. növényvédelmi oktatási feladatokat végzett. Részt vett a növényvédelem gépesítésének speciális kialakításában. Innovatív, kreatív tevékenységével kimagasló szakmai sikereket ért el. A növényvédelmi szakértői munkában végzett tevékenységével, szakismeretével és felkészültségével, jogkövető magatartásával példaképe lehet a fiatalabb növényvédős generációknak. Kimagasló munkájával hozzájárult a magyar növényvédelem eredményeihez.

Dziobek Gusztáv a Magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara Hajdú-Bihar Megyei Területi Szervezetének tagja. 1939. 05.

10-én született Egyeken. Az általános iskola elvégzése után a debreceni Fazekas Mihály gyakorló gimnáziumban érettségizett, majd 1958-ban közgazdasági technikus oklevelet szerzett. Az érettségi után 1956-os nemzetőrségi tevékenysége miatt egyetemi felvételt nem nyert. 1962-től 1966-ig a nagyhalászi kendergyárnál dolgozott üzemi felügyelőként. 1965-ben megnősült. 1966-ban szerzett diplomát a Gödöllői Agrártudományi Egyetemen, miközben a kismarjai Rákóczi MgTSz főagronómusi állását töltötte be. 1967–72 között a Hajdú-Bihar megyei Növényvédő Állomás felügyelője, majd főfelügyelője. 1969–70-ben növényvédelmi szakmérnöki diplomát szerzett a Keszthelyi Agrártudományi Egyetemen elsőként indult nappali tagozatos szakmérnöki szakon. 1972–76-ig az ebesi Vörös Csillag MgTSz-ben dolgozott. Agrokémiai ágazatvezetőként a növényvédelem irányítója volt, de feladatkörébe tartozott a tápanyag-gazdálkodás és a környezetvédelem is. Kifejlesztette a Csobitox vegyszerkeverő berendezést, valamint az akkor még úttörőnek számító korszerű szociális létesítménnyel ellátott méregraktár építkezésben is élen járt. A debreceni MÁV igazgatóságon másodállásban növényvédelmi szakirányítóként működött. 1979–83-ig a Hortobágyi Állami Gazdaság környezetvédelmi üzemében dolgozott, mint kémizációs növényvédelmi műszakvezető. 1980-ban egészségügyi gázmesteri képesítést szerzett. 1983-tól növényvédelmi és kártevő mentesítő szolgáltatási tevékenységet végez önálló vállalkozásban. 1986-ban a Gödöllői Agrártudományi Egyetemen meleg égővi (trópusi) szakmérnöki oklevelet szerzett.

### Dr. Grozdits Károly

Dr. Grozdits Károly 1937. 10. 31-én Kassán született. A magyar növényvédelemben több évtizeden át végzett színvonalas munkásága tette érdemessé e magas szakmai kitüntetésre. Munkája során volt beosztott főagronómus, szövetkezeti elnök, végül a műtrágya – növényvédő szer kereskedelemben dolgozott. Már ebben a munkakörben összefogta a megye növényvédelmi szakirányítóit. Aktív közre-

működésével alakult meg Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara Vas Megyei Területi szervezete. A kamara országos elnökségi tagsága mellett a megyei szervezet elnöki tisztségét egy cikluson át ellátta, amely idő alatt a kamara megyei szervezete megerősödött. Az általa megvalósított szervezeti élet az alapja a Vas Megyei Területi Szervezet aktív szakmai, közösségi munkájának.



1961-ben Gödöllőn mezőgazdasági felsőfokú képesítést, illetve növényvédő szakmérnöki képesítést szerzett, majd Mosonmagyaróváron doktori fokozatot érdemelt ki. Szakmai pályáján a mezőgazdaság széles területét bejárta. Dolgozott az Balatonakali Növényvédő állomáson, a Szombathelyi Járási Tanács Növényvédelmi Osztályán, volt főagronómus Bükön, majd szövetkezeti elnök Lukácsházán. A Szombathelyi Agroker Rt a műtrágya – növényvédő szer kereskedelemben mint kereskedelmi igazgató dolgozott. Már ebben a munkakörben összefogta a megye növényvédelmi szakirányítóit, amikor hosszú éveken át, kora tavaszi szakmai előadásorozatot szervezett. Nyugdíjazását követően családi gazdálkodóvá vált, közel 4 ha-on ültetvényt telepített, almát, szilvát, diót. Szervezésében alakult meg 1991. 02. 21-én, a Bács-Kiskun Megyei Növényvédelmi Kamara példáját követve a Vas Megyei Növényvédelmi Kamara, amelynek 1995-ig elnöki tisztségét töltötte be. Ezzel egy időben az 1991. 03. 21-én

Kecskeméten megalakult Növényvédő Mérnöki Kamarák Országos Szövetségének munkájában is aktívan részt vett. A Vas Megyei Növényvédelmi Kamara – a jogszabályi változás okán – 1995-től 2000-ig egyesületként kényszerült működni, amelynek elnöki megbízatását továbbra is ellátta. A 2000. évi LXXXIV. törvény adta felhatalmazás alapján 2000. 11. 22-én szervezésben 86 taggal megalakult a Magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara Vas Megyei Területi Szervezete. A megyei szervezet elnöki tisztségét egy cikluson át töltötte be. Munkája elismeréseképpen 2005. évben megkapta a Kamara Vas Megyei Szervezete Kiváló Növényorvosa kitüntetését.

### Kujáni László



Kujáni László a Magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara Bács-Kiskun Megyei Területi Szervezete tagjaként, 33 éves körzeti és karantén felügyelő munkakörben végzett növényvédelmi hatósági munkájával, növényvédelmi szaktanácsadóként az integrált növényvédelemben több évtizeden át folytatott, magas szintű szakmai tevékenységével, növényvédelmi oktatóként a legmagasabb szintű környezetkímélést mindenek előtt szem előtt tartó integrált növényvédelmi oktató tevékenységével jelentősen hozzájárult a magyar növényvédelem, az integrált termesztés sikeréhez. Szakismerete és felkészültsége, példa-

mutató növényvédelmi tevékenysége, szerény emberi magatartása, 40 éves áldozatos gyakorlati növényvédős munkája példa értékű a fiatalabb növényvédős generációk előtt.

Kujáni László 1952. február 20-án született Géderlakon. Általános iskolai, majd középiskolai tanulmányai elvégzése után egyetemi diplomát szerzett a Keszthelyi Agrártudományi Egyetem Mosonmagyaróvári Mezőgazdaságtudományi Karán agrármérnök szakon. Agrármérnök gyakornokként a Kalocsai Fűszerpaprikai Kutató Intézetben kezdte pályafutását, ahol nemesítési fejlesztési és kutatás-irányítási tevékenységet végzett 1976-tól 1977-ig. 1977-től 1979-ig termelési gyakorlatot szerzett az Uszodi Egyetértés Termelő Szövetkezetben. 1979-1981-ben növényvédelmi szakmérnöki képesítést szerzett a Keszthelyi Agrártudományi Egyetem Mezőgazdaságtudományi Karán. 1979-től a Bács-Kiskun Megyei Növényvédelmi Állomáson kezdett dolgozni növény- és talajvédelmi felügyelő munkakör-

ben. 1984–1986 között tápanyag-gazdálkodási szakmérnöki képesítést szerzett a Debreceni Agrártudományi Egyetemen, amelyet a növény és talajvédelmi felügyelői munkakörében kiválóan tudott hasznosítani. Karantén felügyelőként az export és import tételek, valamint a szaporítóanyag előállítás vizsgálatában is tevékenykedett. Munkakörében is egyik legfontosabb feladatának tartotta az okszerű növényvédelem előrejelzésre alapozott végrehajtását. A gazdálkodók képzése során az integrált termesztés végrehajtásával kapcsolatos információk átadására törekedett. Mindig szem előtt tartotta az enyhe vegyszerterheléssel előállított technológiák kialakítását. 2012-ben 33 évi hatósági szolgálat után körzeti és karantén felügyelőként vonult nyugdíjba. Szakmai pályafutása mellett kellő körültekintéssel alakította ki saját gazdaságát. 1999-től Kujáni Tanya néven, majd 2002-től Kujáni Szaktanácsadó és Termelő Kft. néven működik mintaértékű családi gazdasága.



## A MAGYAR NÖVÉNYVÉDŐ MÉRNÖKI ÉS NÖVÉNYORVOSI KAMARA KIVÁLÓ NÖVÉNYORVOSAI 2015-BEN

### Földesi István

Földesi István 1961-ben született Mezőberényben. Nagyszülei mezővárosi parasztemberek, szülei falusi pedagógusok voltak.

1985-ben a GATE növénytermesztő szakán szereztem diplomát. 1985-ben a Kamuti Béke Tsz-ben kezdett dolgozni gyakornokként, majd növénytermesztési ágazatvezetőként. 1992-ben a Keszthelyi Agrártudományi Egyetemen növényvédelmi szakmérnöki diplomát szerzett. Ezt követően cégénél növénytermesztési ágazatvezető. 2000-tól növénytermesztési integrációt, mezőgazdasági szolgáltatást, inputanyag beszerzést folytató cégeket vezet lakóhelyén, Kamuton. Egyéni vállalkozóként mintegy 150 ha-on gazdálkodik, valamint növényvédelmi szolgáltatást is végez. Nagyon fontosnak tartja a valódi növényvédelmi szaktanács-



adást, a folyamatok, összefüggések megértését a termelőkkel, szolgáltató vállalkozókkal. Kamut környékén a termeltetések, szolgáltatásokon keresztül mintegy 150 termelővel áll kapcsolatban. A kamara békés megyei szervezetnek immár második ciklus óta megyei titkára. A Magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara országos elnökségi tagja.



### Nagy László Ferenc



Nagy László Ferenc 1948. október 2-án született Karcagon öt gyermekes családban. A Magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara Hajdú-Bihar megyei Területi Szervezetének alapító tagja, a megyei etikai bizottság tagja.

A 43 szolgálati évvel rendelkező Nagy László Ferenc okleveles agrármérnök, okleveles növényvédelmi szakmérnök és okleveles talajerő gazdálkodási szakmérnök végzettségeket szerzett. Növényvédő szakmérnöki munkáját nagy hozzáértéssel és szakma szeretettel végzi. Tevékenységében a kezdetektől kiemelt figyelmet fordított az okszerű, takarékos, integrált növényvédelmi technológiák alkalmazására, mellyel párhuzamosan az okszerű tápanyag gazdálkodást és a nagy figyelmet igénylő környezetvédelmet is magas szinten valósította meg. Szerény emberi magatartása, elkötelezett környezetvédelmi szemlélete és gyakorlati tevékenysége a gazdák és vállalkozók segítségét célzó okszerű szaktanácsadásai, növényvédő mérnök generációknak szolgál példaképül. Szakmai tapasztalatai folyamatos gyarapítása mellett a mai napig tartó tanulást sem hanyagolta el, amelyek lehetővé tették számára látókörének, szakmai tudásának kiszélesítését és professzionális alkalmazását.

### Sáfrány József



Sáfrány József 1943. július 31-én született Sajókázán paraszti családban. Gimnáziumi tanulmányait követően a Putnoki Felsőfokú Növénytermesztési Technikumban államvizsgázott. Ezt követően munka mellett folytatta tanulmányait a Debreceni Agrártudományi Egyetemen, ahol először agrármérnöki, majd növényvédő szakmérnök diplomát szerzett. A kamara Borsod-Abaúj-Zemplén Megyei Szervezetének tagja.

Több mint 5 évtizede dolgozik folyamatosan a mezőgazdasági termelésben, szakirányításban és szaktanácsadásban. 1966-tól 1975-ig Nyomáron a Rákóczi Mg-i Tsz főagronómusa volt, 1975–2000-ig Bódvaszilason főagronómus és szakirányító, 1981-től pedig a GÍTR-ben agrokémia területen dolgozott termeltetésben és szaktanácsadásban. Nyugdíjba vonulása óta Putnokon a Gömörmag Kft.-nél látja el a szakirányítási feladatokat mind a mai napig. Félévszázados szakmai tevékenysége során a mezőgazdaság számtalan területén komoly jártasságra tett szert, munkáját kivételes alaposággal végzi, a növényvédelmi kezeléseket mindig a terület bejárása után választja meg. A vidékre jellemző szélsőséges talajadottságú, szabdalt, szétszórt elhelyezkedésű táblák növény-

védelmét is sikeresen oldotta meg. Szakmai precizitása és a szakma iránt tanúsított alázata példaértékű a fiatal szakemberek számára. A szántóföldi kultúrák növényvédelmét a változásokat követve, a technológiát pontosan betartva magas szinten műveli. Rendszeresen részt vesz a kamarai rendezvényeken, tartalmaz hozzászólásait a szakemberek nagy érdeklődéssel hallgatják.

### Sümegei Zoltán



Sümegei Zoltán 1943. július 31-én született Sajókazán. A kamara Bács-Kiskun Megyei Szervezetének tagja.

Egyetemi tanulmányait Gödöllőn végezte. A GATE Mezőgazdaságtudományi Karán növénytermesztői diplomát szerzett 1980-ban, majd a SZIE-n növényvédelmi szakmérnöki végzettséget szerzett 2006-ban.

1980. 07. 01-től a Dávodi Augustus 20. Mezőgazdasági Szövetkezetben dolgozik, amely időközben Augustus 20. Mezőgazdasági Zrt.-vé alakult át. Jelenleg is első munkahelyén dolgozik, ahol növénytermesztést és növényvédelmet irányít 3000 ha-on.

1980-ban takarmánynövény termesztő ágazatvezetőként kezdte szakmai pályafutását. 4450 ha szántóból 450 ha lucerna, 350 ha silókukorica, 200 ha őszi takarmánykeverék, 150 ha napraforgós-csalamadé, és a lucernaliszt üzem tartozott hozzá. Ezt követően főmezőgazdász, majd háztáji főágazat-vezető, az 1980-as évek második felében pedig növénytermesztési főágazat-vezető lett. Jelenleg étkezési napraforgót, szóját, repcét, kukoricát, pattogatni való kukoricát, őszi búzát, őszi árpát, őszi takarmánykeveréket, lucernát termesztenek. Rendszeresen fogad nappali tagozatos egyetemistákat termelési gyakorlatra. A frissen végzett szakemberek munkahelyi beilleszkedését szakmai tapasztalataival segíti. Jó közösségi szelleme miatt környezetében kedvelt, példamutató szakember, jó családapa.

1989-ben MÉM – Miniszteri „Kiváló munkáért” kitüntetést kapott a növénytermesztésben elért eredményeiért.

*A 2016. évi munkájukhoz  
sok sikert kíván  
a Növényvédelem Szerkesztőbizottsága  
és a  
Környezetbarát Növényvédelemért  
Alapítvány!*

# KÖSZÖNTŐ

## KÖSZÖNTJÜK A 90 ÉVES KIRÁLY ZOLTÁNT

Az egyetem befejezése után Farkas Gábor ajánlására kerültem Király Zoltán osztályára és csoportjába. A Kóréletteni Osztály, mint olyan, egyedül álló volt az egész világon, ahol rendszerint növénykórtani vagy növényvédelmi osztályok, tanszékek működtek. Ez a különleges helyzet annak volt köszönhető, hogy Király Zoltán, többek között Farkas Gáborral, Solymosi Ferencsel és Klement Zoltánnal, úttörő munkával megalapozták a növényi kórélettan tudományterületét. Mindezekhez, hálás szívvel hozzá teszem, hogy nem tartották meg maguknak a tudásukat, hanem tanítványaiknak adták át, és ebben Király Zoltán különösen jeleskedett. Olyan iskolát, vagy, ahogy akkor hívták „Király óvodát” teremtett, amelynek tagjai ma neves professzorok, akadémikusok. Különösen a rendszeres kávézások voltak hasznosak és emlékezetesek, amikor a szorosan vett tudományon kívül, Király Zoltán igaz emberi voltát ismertük meg, és nagyon sokat tanultunk belőle.

Akárhová kerültem a világba és említettem, hogy a budapesti Növényvédelmi Kutatóintézetben dolgozom, Király Zoltán nevét mindenki ismerte és tudományos tevékenységét nagyra becsülte. Ez a tény sokat segített nekünk, tanítványoknak külföldi kapcsolataink kialakításában.

Nem is vállalkozom arra, hogy tudományos tevékenységét ismertessem, csak azt emelném ki, hogy 6 cikke jelent meg a Nature-ben vagy



Science-ben, és a „Methods in Plant Pathology” könyvüket számos nyelvre, köztük kínaira is lefordították. Külön kiemelem Király Zoltán olvasottságát, széleskörű irodalmi ismereteit. Még a mai napig is gyakran ő hívja fel figyelmünket, tanítványai figyelmét egy-egy új szakmai publikációra, amiről tudnunk kell. Így neki köszönhetőek csoportunk utóbbi időben leginkább elismert munkái, amelyek a reaktív oxigén fajták és az antioxidánsok növénykórtani szerepével foglalkozik. Ugyanakkor nemcsak a szakmai, hanem a világirodalom is érdekelte, különösen a klasszikus orosz irodalom, amire beszélgetéseink során gyakran hivatkozott.

Végül emberségéről, munkatársaival kialakított igazi baráti kapcsolatokról kellene beszélnem, de úgy gondolom, hogy ennek egy tudományos folyóiratban nincs helye.

Tanítványai, barátai és munkatársai nevében mindent köszönünk, és jó egészséget valamint további tudományos sikereket kívánunk a 90 éves Király Zoltánnak!

**Barna Balázs**



*A 25 éves jubileumi MBK Napok résztvevői*