NÖVÉNYVÉDELEM

44. ÉVFOLYAM * 2008. NOVEMBER * 11. SZÁM

VIROLÓGUSOK
BECZNER LÁSZLÓ EMLÉKÉNEK AJÁNLJÁK

NÖVÉNYVÉDELEM

PLANT PROTECTION

A Földművelésügyi és Vidékfejlesztési Minisztérium szakfolyóirata

Megjelenik havonként

Előfizetési díj a 2008. évre ÁFÁ-val: 4900 Ft
Egyes szám ÁFÁ-val: 490 Ft + postaköltség
Diákoknak 50% kedvezmény

Szerkesztőbizottság:
Elnök: Eke István
Rovatvezetők:
Csóka György (erdővédelem)
Fischl Géza (növénykórtan, arcképcsarnok)
Hartmann Ferenc (gyomszabályozási technológia)
Kuroli Géza (technológia, rovartan)
Mészáros Zoltán (rovartan)
Mogyorósyné Szemessy Ágnes (információk, krónika)
Solymosi Péter (gyombiológia, gyomszabályozás)
Kovács Cecília (alkalmazástechnika)
Szeőke Kálmán (rovartan, most időszerű)
Vajna László (növénykórtan)
Vörös Géza (technológia, rovartan)
A Szerkesztőbizottság munkáját segítik:
Dancsházy Zsuzsanna (angol nyelv)
Böszörményi Ede (angol nyelv)
Palojtay Béla (nyelvi lektorálás)

Felelős szerkesztő: 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: h10427bal@ella.hu

Felelős kiadó: Bolyki István

Kiadja és terjeszti:

AGROINFORM Kiadó
1149 Budapest, Angol u. 34.
Telefon/fax: 220-8331
E-mail: kiado@agroinform.com

Megrendelhető a Szerkesztőség címén, illetve előfizethető a Kiadó K&H 10200885-32614451 számú csekkszámláján.

ISSN 0133–0829

AGROINFORM Kiadó és Nyomda Kft.
Felelős vezető: Stekler Mária
08/192

ÚTMUTATÓ 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 2 pld.-ban + lemezen 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, pauszpapírra rajzolt vagy 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, illetve az e célra készült magyar szöveg új oldalon kezdődjön.

A kéziratban csak a latin neveket kérjük kurzívval (egyszeri aláhúzás vagy italic nyomtatás) jelölni, egyéb tipizálás mellőzendő. A technológia részbe szánt kézirathoz 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: A földimogyoró satnyulás vírus (*Peanut stunt virus* PSV), fehér akácon.
A PSV hazai előfordulásáról Beczner és Devergne számolt be először.

Fotó: Kiss László

Kapcsolódó cikk: 573. oldalon

COVER PHOTO: Peanut stunt virus, PSV on black locust.
Beczner and Deverge were the first ones to report on the occurrence of PSV in Hungary.

Photo by: László Kiss

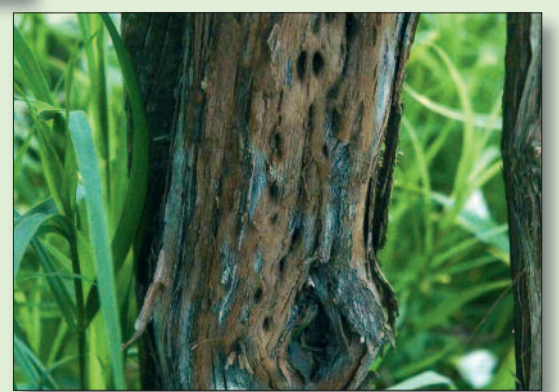
1. ábra. Fertőző leromlás okozta levéldeformáció
Fotó: Gáborjányi Richard

2. ábra. A fertőző leromlás vírus sárga mozaik törzse által okozott tünetek
Fotó: Lázár János

3. ábra. Arabis mozaik vírus tünete levélen
Fotó: Lehoczky János

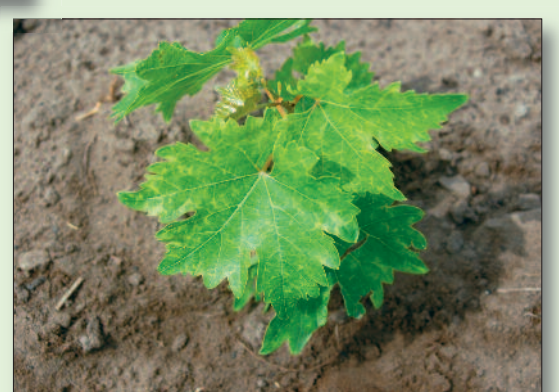
4. ábra. A szőlő leveleinek krómsárga elszíneződését a szőlő krómmozaik vírus okozza
Fotó: Gáborjányi Richard

5. ábra. Kezdeti levélsodródás tünetei levélen
Fotó: Gáborjányi Richard



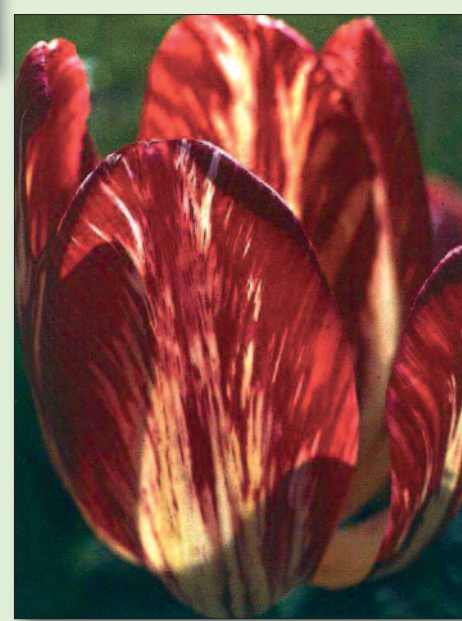
6. ábra. Faszöveti barázdáltságot mutató tőke
Fotó: Gáborjányi Richard

7. ábra. Érnekrózis
Vitis rupestris × *V. berlandieri* 110 R indikátoron
Fotó: Lázár János



8. ábra. Ér menti mozaiktünetek levélen
Fotó: Lázár János

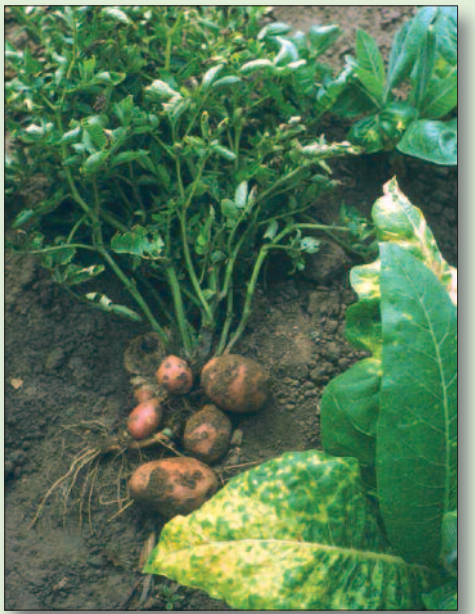
6. ábra. A Titicaca tó
és a perui Andok hegység teraszai a burgonya
géncentrumában



7. ábra. A tulipán színtörés vírus tünetei
tulipánon

8. ábra. A cseresznye levélsodródás vírus
tünete *Sambucus nigra* növényen

9. ábra. Lucerna mozaik vírus
tünete paprikán



10. ábra. A paradicsom bronzfoltosság vírus tünetei burgonyán és dohányon

12. ábra. Zeller mozaik vírus tünete zeller levelén

11. ábra. A Pittosporum érkivilágosodás vírus tünete *Pitosporum tobira* növényen (balról egészséges növény levele)

13. ábra. Az uborka mozaik vírus tünete csillagtökön

IN MEMORIAM DR. BECZNER LÁSZLÓ (1938–1988)

Horváth József
Pannon Egyetem, Növényvédelmi Intézet, 8360 Keszthely, Deák F. u.16.
Kaposvári Egyetem, Növénytani és Növénytermesztés-tani Tanszék, 7400 Kaposvár, Guba S. u. 40.

„Nem múlnak el ők, kik szívünkben élnek,
Hiába szállnak árnyak, álmok, évek.
Ők itt maradnak bennünk csöndesen még…”

(Juhász Gyula: Consolatio)

A gyorsan tovatűnő évek és az egymást követő évfordulók feltörő emlékei nem csak fénylenek, hanem fájdalommal is eltöltik emlékezetünket. Beczner László születésének 70., és halálának 20. évfordulóján könnyekkel áztatva emlékeztünk a gyorsan, és korán bevégeztetett, hittel és vágyakkal gazdag életre.

1963-ban ismerkedtünk meg, amikor a budapesti Növényvédelmi Kutató Intézetbe került, ahol én már három éve dolgoztam. A hazai növényvirológusok második nemzedékének kiemelkedő tagjaként a legközelebbi kollégám és egyik legjobb barátom lett. Közös szobánk, karnyújtásnyira lévő íróasztalaink, közös laboratóriumunk, üvegházunk és közös kutatási témáink, a növényvirológia új

Virológusok a Növényvédelmi Kutató Intézet Keszthelyi Laboratóriumában (1973. július 15.).
Balról jobbra: Horváth József, Molnár Béláné, Klaus Schmelzer, Beczner László

tudományos eredményei iránti közös érdeklődésünk és a megszerzett ismeretek megosztása feletti örömteli érzéseink szétválaszthatatlanul összekötöttek bennünket.

Beczner Lászlóval 45 éve lehetnék meleglelkű jó barátságban, gyümölcsöző szakmai kapcsolatban, és bizonyára közösen ünnepelhettük volna 70. születésnapjainkat is, ha életének néhány hónappal az 50. éve után, 1988. november 10-én el nem ragadja tőlünk a halál. Immár 20 év óta, csak a hittel érzékelhető léten túli világ barátsága és szeretete köt össze bennünket.

Ötvenedik születésnapját, 1988. augusztus 14-én a budapesti Szent Rókus kórházban töltötte, ahol többször is meglátogattam. A sorozatos emberpróbáló műtétek során elszenvedett fájdalmait felesége Judit, gyermekei Barbara és Farkas, szülei, testvérei, barátai, munkatársai, valamint betegségének legtermészetesebb elfogadása, hite és életbe vetett optimizmusa tette elviselhetővé. Hozzám írt utolsó levele 1982. szeptember 6-án kelt. Ebben, a halála előtt két hónappal küldött örök emlékű, hosszú levelében többek között a következőket írta: „... a Jóisten erősített meg, Tőle kaptam az erőt a terhek elviseléséhez, és Neki köszönhetem azt a lelki békét és nyugalmat, ahogyan az elmúlt hónapokat átéltem, és ahogyan a jövőre nézhetek. Bízom a Jóistenben, hogy most hosszabb időt ad, hiszen annyi feladatot is adott, amit el kell végeznem, ill. amit el kellene végeznem". Levelét követő életének még hátralévő két hónapja rövidnek bizonyult feladatai elvégzéséhez, de túlságosan hosszú is volt a szenvedéseinek elviselésére. 1988. november 10-én bekövetkezett halála miatt nem érhette meg akadémiai doktori értekezésének elkészültét, nem érhette meg vietnámi aspiránsa Nguyen Van Hung kandidátusi értekezésének megvédését és ennek erkölcsi jutalmát, és nem lehetett öröme a betegágyáról a „Plant Disease" és a „Phytopathology" c. kanadai-amerikai folyóiratokba elküldött tanulmányainak megjelenésében sem, és ami a legszomorúbb, nem élhette meg az akkor 11 éves Barbara lányának, és 8 éves Farkas fiának felnőtté válását sem. Magyar, német, lengyel, cseh, holland, angol, kanadai és amerikai gyümölcsöző tudományos kapcsolatai is örökre megszakadtak.

Ha most megnyílna az Ég, és lenézne ránk, elmondanám Neki, és bizonyára örömmel töltené el, hogy a Magyarországon elsőként és együtt felfedezett, azóta a világon mindenütt elterjedt burgonya Y-vírus *NTN* törzséről írt tanulmányunk – amely a Potato Research (27: 339–352, 1984) c. angol nyelvű tudományos folyóiratban jelent meg – az elmúlt negyed évszázadban a magyar növényvirológusok egyik legtöbbet idézett (citált) cikke, az NTN vírustörzs pedig a burgonyavirológusok modell-vírusa lett.

Beczner László alig negyed évszázados tudományos életpályája során megjelentetett több mint 100 dolgozata – amelyek közül húszban társszerzője voltam – a cucumovirusokról, a tobamovirusokról, a lucerna mozaik, a paprika enyhe foltosság, a Dulcamara foltosság, a lóbab-hervadás, a földimogyoró-satnyulás, a kukorica csíkos mozaik vírusokról és egyéb vírusokról írt tanulmányai mind-mind forrásmunkái a magyarországi növényvirológusok immáron mostani, harmadik nemzedékének.

Beczner Lászlót 50 éves korában, 1988. november 25-én kísértük utolsó útjára a budapesti Farkasréti temetőbe. Korai halálával az egyetemes növényvirológiát és az egész magyar tudományos életet olyan súlyos veszteség érte, amely mind a mai napig érezteti hatását.

Egykori munkatársai, tanítványai, tanítványainak tanítványai, tisztelői és barátai, akik a növényvirológia szép természeti játékaiban vele együtt vehettek részt, vagy tőle tanulhatták a munkaszeretetet, szorgalmat és emberi tisztességet, soha el nem múló szeretettel gondolnak rá születésének 70. és halálának 20. évfordulóján.

Az együtt eltöltött negyed évszázad szép emlékeivel, a nélküle megélt utolsó két évtized fájó érzésével, József Attila egy versrészletével gondolok rá: *„... s kihullsz belőlem, mint az üstökös, / de emlékcsillag száz marad velem."*

A BÚZA TÖRPÜLÉS VÍRUS *(WHEAT DWARF VIRUS)* ÁRPA TÖRZSÉNEK JELLEMZÉSE, ÉS ÁTVITELI KÍSÉRLETEK

Tóbiás István[1], Kiss Balázs[1], Pájtli Éva[2], Tholt Gergely[3] és **Salánki Katalin[4]**
[1]*MTA Növényvédelmi Kutatóintézete, 1025 Budapest Pf. 102, e-mail:tobias@julia-nki.hu*
[2]*Budapesti Corvinus Egyetem, Kertészettudományi Kar, Növénykórtani Tanszék*
[3]*Eötvös Loránd Tudomány Egyetem, Természettudományi Kar, Budapest*
[4]*Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont, Gödöllő*

Hazánkban először izoláltunk és molekulárisan jellemeztünk a búza törpülés vírus (Wheat dwarf virus*, WDV) árpa törzsét. Csíkos gabonakabócával* (Psammotettix alienus *Dahlb.*) *sikeres átviteli kísérleteket végeztünk. Megállapítottuk, hogy az árpáról izolált vírustörzs (WDV-H07) nem fertőzi a búzát. Az* Agrostis stolonifera, Alopecurus pratensis, Arrhenatherum elatius, Bromus arvensis, Bromus erectus *és Puccinella distans, valamint a WDV-H07 esetében az irodalomban eddig nem ismert új gazda-vírus kapcsolatokat írtunk le. A kabócák növényre helyezése után 11 nappal a WDV-H07 már kimutatható a növényből, majd később a gyökérrendszert kivéve a növény minden részében detektálható. A vegetációs idő előrehaladásával a növényeken egyre inkább megfigyelhető a tünetek erősödése – növekedésgátlás és nekrotizálódás – amely együtt jár a vírus kimutathatóságának csökkenésével. A WDV-H07 izolátum 2734 nukleotid hosszúságú, az árpáról származó búza törpülés vírus izolátumokkal 94 – 99%-os hasonlóságot mutat, de a búza- és zabizolátumoktól lényegesen eltér, amit a 85%-os és 70%-os homológia jellemez.*

A búza törpülés vírust *(Wheat dwarf virus)* először Csehszlovákiában írták le (Vacke 1961), majd később Svédországban (Lindsten 1970), Bulgáriában (Stefanov és Dimov 1981), Magyarországon (Bisztray és Gáborjányi 1989), Franciaországban (Bendahmane és mtsai 1995), Olaszországban (Rubies-Autonell és mtsai 1995), Romániában (Jilaveanu és Vacke 1995), Németországban (Huth 2000), Lengyelországban (Jezewska 2001), Finnországban (Lemmetty és Huusela-Veistola 2005), Spanyolországban (Achon és mtsai 2006), Törökországban (Köklü és mtsai 2007), Tunéziában (Najar és mtsai 2000), Zambiában (Kapooria és Ndunguru 2004) és Kínában (Xie és mtsai 2007) bizonyították jelenlétét.

A búza törpülés vírusnak két törzse ismert, melyeket búzáról és árpáról izoláltak. Mindkét törzs a *Poaceae* családba tartozó növényeket fertőzi, melyek közül több faj mindkét vírustörzsnek gazdanövénye. Ellentmondó irodalmi adatok ismertek arról, hogy a búzatörzs fertőzi-e az árpát és viszont. Commandeur és Huth (1999) szerint az árpatörzs fertőzi a búzát is, Lindsten és Vacke (1991) szerint viszont az árpatörzs nem fertőzi a búzát és más *Triticum* fajt sem.

Schubert és mtsai (2007) legutóbbi munkájukban – a különböző izolátumok szekvenciaösszehasonlítása alapján – javasolják a WDV két törzsének szétválasztását és külön vírusként való megjelölését. A búzáról származó izolátumokat *Wheat dwarf virus*ként, az árpáról származó izolátumokat *Barley dwarf virus*ként, a zabról származó törzseket *Oat dwaf virus*ként neveznék el. Mivel ezt a javaslatot az ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses) még hivatalosan nem ismerte el, ezért dolgozatunkban izolátumunkat a búza törpülés vírus árpatörzseként jelöljük.

A búza törpülés vírus a *Mastrevirus* nemzetségbe és a *Geminiviridae* családba tartozik. A vírus mechanikai úton nem vihető át. Eddig

egyetlen vektora ismert, a csíkos gabonakabóca (*Psammotettix alienus* Dahlb.), mely cirkulatív perzisztens módon terjeszti a vírust (Harris 1981). A *Mastrevirus*okra jellemző, hogy a genetikai információ egytagú egyszálú DNS-molekulában kódolt. A WDV búzatörzs esetében 2750 bázisból áll, az árpatörzs esetében 2734 bázis hosszúságú. A genom 4 fehérjét kódol, melyek két részre oszthatók. Az egyikbe tartoznak a vírusszálról másolódó (V-sense) V1 és V2 gének, melyek a mozgási fehérjét (MP) és a köpenyfehérjét (CP) kódolják. A másik csoportba a komplementer szálról másolódó (C-sense) C1 és C2 gének tartoznak, melyek a replikációban szerepet játszó RepA és Rep fehérjéket kódolják (Guiterrez 1999). A vírusgenomon két, különböző hosszúságú nem kódoló szakasz is található: a hosszú nem kódoló régió (long intergenic region, LIR) és a rövid nem kódoló régió (short intergenic region, SIR). A nem kódoló szakaszok olyan szekvenciaelemeket tartalmaznak, melyek a replikációban és az átírásban fontos szerepet játszanak (Guiterrez 1999).

Az utóbbi évek vizsgálatai alapján a gabonafélék egyik legfontosabb vírusbetegségét és a nagy termésveszteséget a búza törpülés vírus okozta (Szunics és mtsai 2003, Kiss B. 2005, Pribék és mtsai 2006). Korábbi dolgozatunkban (Tóbiás és mtsai 2006) beszámoltunk a WDV búzáról izolált két törzsével végzett vizsgálataink-ról és e törzsek elsődleges bázissorrendjéről. Ebben a dolgozatunkban a WDV árpáról származó törzsével végzett kísérleteinket és a vírus szekvenciáját mutatjuk be. A vizsgálatok tárgyát képező vírustörzset nem sikerült a rendelkezésünkre álló indítószekvencia-párokkal a hagyományos PCR technikával teljes egészében kiemelni, ezért a gördülő körös felszaporítás (rolling circle amplification, RCA) technikát alkalmaztuk a teljes vírusgenom sokszorosítására.

Anyag és módszer

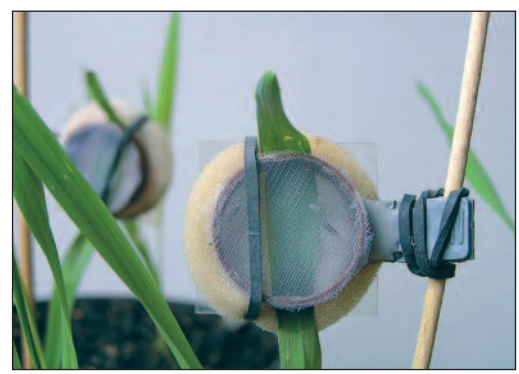
Vírusizolátum

Siófok közelében az őszi vetésű árpáról hálózással kabócát gyűjtöttünk be, melyek közül a csíkos gabonakabócát (*Psammotettix alienus* Dahlb.), izolátor alatt elhelyezett vírusmentes árpanövényekre (*Hordeum vulgare* cv. Jubilant vagy cv. Botond) tettünk. A növényeket 5 hét után ELISA és PCR módszerekkel ellenőriztük.

Vektorátviteli vizsgálatok

A vírusfertőzött növényeken nevelt kabócaimágókat használtunk fel a vírusátvitelre. A mikroizolátor *(1. ábra)* esetén 3 kabócát tettünk egy-egy növényre, az izolátoros átviteleknél 10–10 kabóca került 5–5 kétleveles stádiumú növényre. A mikroizolátor esetén a kabócákat egy hét, a többi esetben 5 hét múlva távolítottuk el a növényekről.

A vírus jelenlétét a 6. héten, ELISA szerológiai módszerrel és PCR technikával ellenőriztük.



1. ábra. A mikroizolátoros vektorátvitel

Gazdanövénykör

A búza (*Triticum aestivum* cv. Flori-2, és cv. Lona), árpa (*Hordeum vulgare* cv. Botond és cv. Jubilant) és zab (*Avena sativa* cv. Mv-Pehely) fajták mellett pázsitfűfajokat *(Alopecurus pratensis, Agrostis stolonifera, Arrhenatherum elatius, Avena sativa, Avena strigosa, Bromus erectus, Bromus inermis, Bromus arvensis, Festuca pratensis, Dactylis glomerata,, Lolium temulentum, Lolium multiflorum, Lolium perenne, Phleum pratense, Puccinella distans, Setaria italica* és *Poa pratensis)* vizsgáltunk. Fajonként és fajtánként 5–5 növényt használtunk, melyeket a kabócaimágók kihelyezése után 6 héttel vizuálisan, ELISA és PCR módszerekkel értékeltünk. A kabóca kártételének

kiegyenlítése végett a kontroll növényekre WDV-t nem terjesztő, de a csíkos gabonakabócával azonos módon táplálkozó *Psammotettix confinis* kabócafaj imágóit helyeztünk el.

A vírus terjedése a növényben

Egy-két leveles árpanövényekre 3–3 WDV-H07-et hordozó kabócát helyeztünk el mikroizolátorban. Egy hét múlva eltávolítottuk a kabócákat és a növényeket üvegházban, illetve izolátorházban természetes körülmények között tartottuk. A természetes körülmények között végzett kísérletben a kabócákat november 23-án helyeztük a növényekre, egy hét múlva leszedtük a mikroizolátorokat, majd a növényeket 1 hetes hidegkezelés után december 6-án tettük ki az izolátorházba természetes körülmények közé. Az inokulálást követő különböző időpontokban, illetve fejlődési állapotban a növény minden részében vizsgáltuk a vírus jelenlétét. Az üvegházi kísérletekben első alkalommal a 11. napon vettük, a természetes körülmények között tartott növényekről 3 leveles korban, január 16-án szedtük a mintákat, majd ezt követően, a fejlődési stádiumoknak megfelelően, bokrosodás, 1. és 2. nódusz, zászlós levél kialakulása és kalászhányás idején.

A vírus kimutatása

A DAS-ELISA szerológiai vizsgálatokat Clark és Adams (1977) szerint végeztük WDV kit (Biorad, Sorozatszám: 31202) felhasználásával az előírt hígításokkal.

A vírus érzékenyebb kimutatását tette lehetővé a polimeráz láncreakció (PCR), melynek segítségével az ELISA-vizsgálatokban nem egyértelmű vagy negatív eredményt adó mintákból is kimutattuk a WDV-t. A PCR-vizsgálatokhoz a növénymintákból White és Kaper (1989) módszere szerint össznukleinsav-kivonást végeztünk, majd WDV specifikus indító szekvenciapár (WDV-2110 5'-ttcgaggcttacggagtatagatgttcat-3' és WDV-540 5'taagaaaaccaaacaactcctacgg-3') felhasználásával végeztük a vizsgálatokat. A 50 µl-es reakcióelegy a következő volt: 10 mM Tris-HCl, pH 9,5, 2,5 mM $MgCl_2$, 50 mM KCl, 0,1% Triton X-100, 100 ng dATP, dCTP, dGTP, dTTP, 0,1 nM mindkét indítószekvenciából, 5 U Taq polimeráz (Fermentas) és 2 µl nukleinsavkivonat. A PCR során a következő paramétereket alkalmaztuk: 95 °C elődenaturáció 3 perc, 94 °C 30 másodperc (denaturálás), 57 °C 30 másodperc (indító szekvencia kötődése) és 72 °C 90 másodperc (lánchosszabbítás) 40 ismétléssel, és végső lánchosszabbítás 7 perc. A PCR terméket 1% agarózgélben elektroforetizáltuk és vizsgáltuk.

A vírus gördülő körös felszaporítása (rolling circle amplification, RCA), klónozása és szekvenálása

A gördülő körös felszaporítás (rolling circle amplification, RCA) a Phi29 DNS polimeráz működésén alapult. Az illustra TempliPhi kitet (GE Healthcare, Product code: 25-6400-10) a gyártó utasításai alapján használtuk. Egy µl nukleinsavkivonatot adtunk 5 µl mintapufferhez, és 95 °C-on denaturáltuk 3 percig, majd hűtés után 5 µl reakcióelegyet és 0,2 µl TempliPhi enzimet adtunk hozzá, és 30 órán át 30 °C-on inkubáltuk. A felszaporított DNS-ből 5 µl-t vettünk, és 30 µl-es térfogatban *Hind*III enzimmel emésztettük. Az így kapott DNS-t 1% agarózgélben választottuk el, majd a gélből tisztítottuk (DNA Extraction Kit, Fermentas). A termék tartalmazta a WDV teljes genomját a *Hind*III hasítási helyekkel, melyet az előzőleg ugyanazon enzimmel hasított pSK+ (Bluescript) vektorba ligáltuk, majd DH5α kompetens sejtekbe transzformáltunk. A klónozott vírus nukleotidsorrendjét M13 reverz, M13 forward, valamint belső indítószekvenciák segítségével határoztunk meg. A WDV-H07-izolátum szekvenciáját a nemzetközi adatbázisban (http://www. ncbi.nlm.nih.gov) található WDV törzsek adataival hasonlítottuk össze. A szekvenciaelemzést a GCG GAP és TRANSLATE programjai (University of Wisconsin Genetics Computer Group Version 9.1) segítségével készítettük.

Eredmények

A begyűjtött csíkos gabonakabóca (*Psammotettix alienus* Dahlb.) segítségével sikerült átvinni és fenntartani a búza törpülés

vírus *(Wheat dwarf virus)* árpáról izolált törzsét. A siófoki izolátumot WDV-H07 kódszámmal jelöltük, és Botond, valamint Jubilant tavaszi árpafajtán tartottuk fent. A vírusfertőzésre adott válaszreakcióban nem találtunk különbséget a két árpafajta között. A vektorátviteli vizsgálatokban mind a mikroizolátoros, mind az izolátoros egyformán hatékonynak bizonyult, de az előbbi esetében pontosabban tudtunk egy adott fertőzési helyet a növényen meghatározni és vizsgálni. A továbbiakban a kísérlet jellegétől függően használtuk a két módszert.

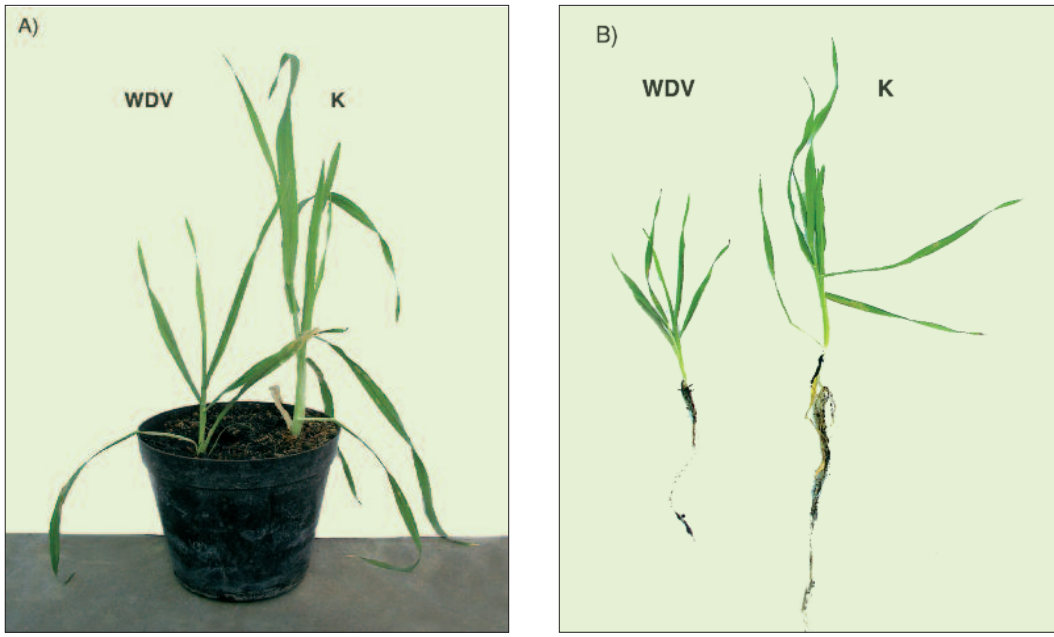
2. ábra. A WDV-H07 fertőzés hatása a *Bromus arvensis* növényre

A gazdanövénykör vizsgálata

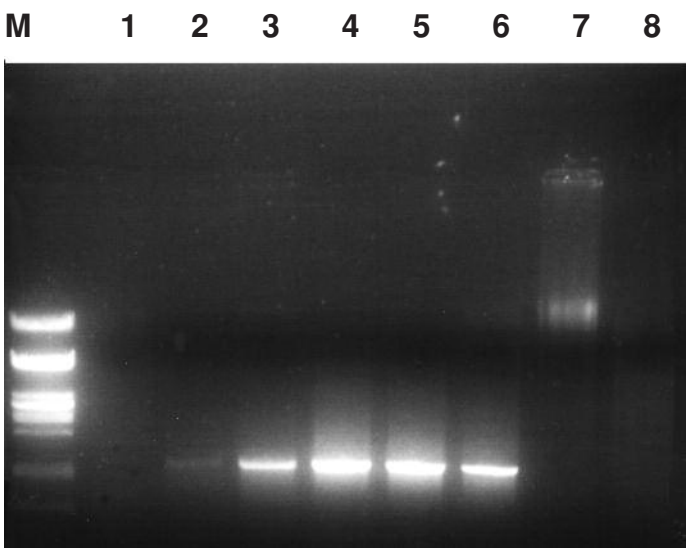
A WDV-H07 árpa-izolátumot hordozó kabócaimágókat mikroizolátoros és izolátoros technikával árpa-, búza- és zabnövényekre helyeztünk. A kísérletet négyszer ismételtük, és kezelésenként 5–5 növényt használtunk. A WDV-H07-izolátum 100%-ban fertőzte az árpát és a zabot, de a búzát egy esetben sem. A szélesebb gazdanövénykör vizsgálata során immunológiai módszerrel a pozitív kontrollként tekinthető zab *(Avena sativa)* mellett a vírusfertőzést 3 pázsitfűfajból, érdes zabból *(Avena strigosa),* mezei rozsnokból *(Bromus arvensis)* és a szédítő perjéből *(Lolium temulentum)* sikerült kimutatni, melyek közül a *B. arvensis* növények fejlődése maradt el a leginkább a kontroll növényekéhez képest *(2. ábra).* PCR-es vizsgálattal a WDV jelenléte további 7 fajból volt kimutatható: fehér tippan *(Agrostis stolonifera),* csomós ebír *(Dactylis glomerata),* olasz muhar *(Setaria italica),* olasz perje *(Lolium multiflorum),* angol perje *(Lolium perenne),* mezei komócsin *(Phleum pratense)* és közönséges mézpázsit *(Puccinella distans).* Ezek közül a *Puccinella distans* esetében tapasztaltunk jelentős, 50%-nál nagyobb magasságcsökkenést a kontroll növényekhez viszonyítva. Az *Agrostis stoloniferán, Dactylis glomeratán, Setaria italicán, Lolium multiflorum*on, *Lolium perennén* a növényeken látható tünet nincs, de a WDV kimutatható a növényekből. A vírus jelenlétét a réti ecsetpázsiton *(Alopecurus pratensis),* a francia perjén *(Arrhenatherum elatius),* a sudár rozsnokon *(Bromus erectus),* az árva rozsnokon *(Bromus inermis),* a réti csenkeszenen *(Festuca pratensis)* és a réti perjén *(Poa pratensis)* nem sikerült kimutatnunk. A búza törpülés vírus és az *Agrostis stolonifera, Alopecurus pratensis, Arrhenatherum elatius, Bromus arvensis, Bromus erectus és Puccinella distans* gazda-parazita kapcsolatról ez idáig nem volt irodalmi adat.

A vírus terjedése a növényben

Üvegházi körülmények között tartott növényeken a kabóca kihelyezését követően a 11. napon PCR technikával már kimutattuk a vírust az inokulált és a csúcsi levélből, de a gyökérből nem. A 36. napon a gyökér és a legfiatalabb csúcsi levelet kivéve a növény minden részében megtalálható volt a WDV *(3. és 4. ábra).* A vírusos fertőzés hatására növekedésgátlás és gyengén fejlett gyökérzet alakul ki. A 88. napon igen



3. ábra. A WDV-H07 fertőzés hatása az árpára 36 nappal a kabócák kihelyezése után (A és B)



4. ábra. A különböző növényi részekből vett minták PCR-terméke elektroforetikus elválasztás után

jelentős növekedésgátlás mellett a növény nagy része elhalt, és csak néhány zöld részéből tudtuk a vírust kimutatni.

Az izolátorházban tartott növényekből 3 leveles korban (január 16.) már kimutatható volt a vírus. A későbbiek során vett mintákban a fertőzött növényekből kimutatható a vírus, de a betegség tünetei egyre erőteljesebben megjelennek, végül kalászhányás vagy a virágzás idején elpusztulnak a beteg növények *(5. ábra)*.

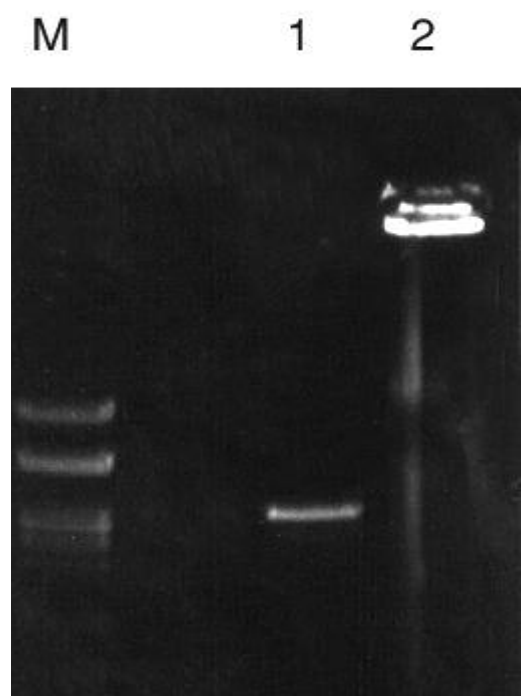
A WDV-H07 molekuláris jellemzése

A vírus gördülő körös felszaporítása (rolling circle amplification) során egy nagy molekulatömegű DNS-termék keletkezett, amely *Hind*III emésztés után a WDV genom méretével megegyező terméket adott *(6. ábra)*. A WDV genomot sikerült pSK+ vektorba ligálni a *Hind*III klónozó helyre, és sikeresen transzformáltuk a DH5α baktériumsejtekbe.

A szekvencia meghatározása során megállapítottuk, hogy a WDV-H07-izolátum 2734 bázis hosszúságú, és mindazok a jellemzői megvannak, mint a korábban leírt WDV árpa-izolátumoknak (génbanki elérhetősége: FM210034).

5. ábra. A természetes körülmények között tartott WDV-H07-fertőzött növények a kalászhányás és az érés idejére elpusztultak

A vírus által kódol fehérjék hossza a következő: mozgási fehérje (V1) 90 aa, a köpenyfehérje (V2) 260 aa, replikáz enzim (C1) 348 aa és a replikáz A (C2) 264 aa. A nem kódoló szakaszok 405 (LIR) és 170 (SIR) bázisból állnak.



6. ábra. A WDV-H07 izolátumok gördülő körös felszaporítása utáni DNS-termék (2) és annak *Hind*III enzimmel emésztett terméke (1) elekroforézis után. M – λ/PstI méretmarker

A WDV-H07 izolátum genomját összehasonlítottuk a génbankban található búza törpülés vírus árpáról izolált törzseivel, illetve egy-egy búzáról és zabról származó izolátummal *(1. táblázat).* A WDV-Bg17-izolátumot Bulgáriában gyűjtöttük, és korábban jellemeztük (Tóbiás és mtsai 2009), a Németországban leírt törzseket már árpa törpülés vírus (*Barley dwarf virus*, BDV) néven jelölték a szerzők (Schubert és mtsai 2007), a Törökországban árpáról leírt izolátumot WDV-BarlTR néven jelölték Köklü és mtsai (2007). A búzatörzseket az általunk leírt WDV-F törzs (Tóbiás és mtsai 2006), valamint a zabról izolált az egyetlen teljes szekvenciával rendelkező ODV-SxA25 törzs (Schubert és mtsai 2007) képviselték. Az árpáról izolált törzsek hasonlósága 94,2% és 99,3% között változik, a búzáról izolált törzzsel csak 83,3%–85,3% homológiát mutatnak, és igen távoli rokonságban vannak a zabról származó vírussal (69–71% homológia).

1. táblázat

A búza törpülés vírus árpáról izolált törzseinek összehasonlítása egymással és a búza-, illetve zabtörzsek egy-egy izolátumával

	WDV-Bg17	BDV-SxA24	BDV-Cz19	BDV-McP20	BDV-SxA18	BDV-BaW2	BDV-BaW1	WDV-Barl TR	ODV-SxA25	WDV-F
WDV-H07	96,3	98,9	98,6	98,8	99,2	99,3	99	93,9	70,6	85,2
WDV-Bg17		97	96,5	97	97	97,1	97	94,6	71	85,3
BDV-SxA24			98,8	99,2	99,3	99,3	99,1	94,3	69,3	83,7
BDV-Cz19				98,7	98,9	99	98,8	93,7	69,8	83,3
BDV-McP20					99,2	99,2	99	94,2	70,1	83,6
BDV-Sx18						99,6	99,3	94,4	70,1	83,9
BDV-BaW2							99,4	94,4	70,2	83,9
BDV-BaW1								94,2	70	83,7
WDV-BarlTR									70,6	84,7
ODV-SxA25										69,1

A táblázatban szereplő törzsek génbanki elérhetősége a következő: BDV-SxA24: AM296024, BDV-Cz19: AM296019, BDV-McP20: AM296020, BDV-SxA18: AM296018, BDV-BaW2: AM411652, BDV-BaW1: AM411651, WDV-BarlTR: AJ83960, WDV-H07: FM210034, WDV-Bg17: AM989927, ODV-SxA25: AM296025 és WDV-F: AM040733.

Köszönetnyilvánítás

Munkánkat az OTKA (61644 sz. és 68589 sz. pályázat) támogatta. A vizsgálatokban felhasznált növények magvait *dr. Balázs Ervin* (MTA Mezőgazdasági Kutatóintézet, Martonvásár), *dr. Manninger Sándorné* (MTA Növényvédelmi Kutatóintézete, Budapest) és *dr. Holly László* (MgSzH Agrobotanikai Központ, Tápiószele) bocsátotta rendelkezésünkre, melyekért köszönetünket fejezzük ki.

IRODALOM

Achon, M.A., Serrano, L., Ratti, C. and **Rubies-Autonell, C**. (2006): First detection of Wheat dwarf virus in barley associated with an outbreak of Barley yellow dwarf. Plant Disease, 90: 970.

Bendahmane, M., Schalk, H-J. and **Gronenborn, B**. (1995): Identification and characterization of wheat dwarf virus from France using a rapid method for geminivirus DNA preparation. Phytopathology, 85: 1449–1455.

Bisztray, Gy. and **Gáborjányi, R**. (1989): Isolation and characterization of wheat dwarf virus found for the first time in Hungary. Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, 96: 449–454.

Clark, M.F. and **Adams, A.N.** (1977): Characteristics of the microplate method of enzyme-linked immunosorbent assay for detection of plant viruses. Journal of General Virology, 34: 475–483.

Commandeur, U. and **Huth, W**. (1999): Differentiation of strains of wheat dwarf virus in infected wheat and barley plants by means of polymerase chain reaction. Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, 106: 550–552.

Guitterrez, C. (1999): Geminivirus DNA replication. Cellular and Molecular Life Science, 56: 313–329.

Harris, K.F. (1981): Arthropod and nematode vectors of plant viruses. Annual Review of Phytopathology, 19: 391–426.

Huth, W. (2000): Viruses of Gramineae in Germany – a short overview. Journal of Plant Disease and Protection, 107: 406–414.

Jezewska, J. (2001): First report of Wheat dwarf virus occuring in Poland. Phytopathologia Polonica, 21: 93–100.

Jilaveanu, A. and **Vacke, J**. (1995): Isolation and identification of wheat dwarf virus (WDV) in Romania. Probleme de Protectia Plantelor, 23: 51–62.

Kapooria, R.G. and **Ndunguru, J.** (2004): Occurence of viruses in irrigated wheat in Zambia. EPPO/OEPP Bulletin, 34: 413–419.

Kiss, B (2005): közöletlen adat

Köklü, G., Ramsell, J.N.E. és **Kvarnheden, A.** (2007): The complete genome sequence for Turkish isolate of

Wheat dwarf virus (WDV) from barley confirms the presence of two distinct WDV strains. Virus Genes, 34: 359–366.

Lemmetty, A. and **Huusela-Veistola, E.** (2005): First report of Wheat dwarf virus in winter wheat in Finland. Plant Disease, 89: 912.

Lindsten, K. (1970): Investigation ont he spread and control of oat steril dwarf virus. National Swedish Institute for Plant Protection Contributions, 14: 403–446.

Lindsten, K. and **Vacke, J**. (1991): A possible barley adapted strain of wheat dwarf virus (WDV) Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica, 26: 175–180.

Najar, A., Makkouk, K.M., Boudhir, H., Kumari, S.G., Zarouk, R., Bessai, R. and **Othman, F.B.** (2000): Viral diseases of cultivated legume and cereal crops in Tunisia. Phytopathologia Mediterranea, 39: 423–432.

Pribék D., Pocsai E., Szunics L., Vida Gy. és **Weisz O.** (2006): Versenyfutás a vírussal. MTA Mezőgazdasági Kutatóintézetének közleményei, 18, 20–22.

Rubies-Autonell, C., Turina, M. and **Vallega, V.** (1995): Virus diseases of wheat in Italy. Informatore Fitopatologico, 45, 24–35.

Schubert, J., Habekuss, A., Kazmaier, K. and **Jeske, H.** (2007): Surveying cereal-infecting geminiviruses in Germany – Diagnostics and direct sequencing using rolling circle amplification. Virus Research, 127: 61–70.

Stefanov, J. and **Dimov, A.** (1981): Bolestta vdjudjavane po spenitsata Bolgarija. Rasteniev. Nauki, 18: 124–128.

Szunics L., Pocsai E., Vida Gy.,Veisz O., Láng L. és **Bedő Z.** (2003): Kalászos gabonák vírusok okozta betegségei 2002-ben. Növénytermelés, 52: 33–39.

Tóbiás, I., Kiss, B. és **Palkovics, L.** (2006): The nucleotide sequence of two Hungarian isolates of Wheat dwarf virus. Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica, 41: 47–52.

Tóbiás, I., Kiss, B., Bakardjieva, N. and **Palkovics, L.** (2009): The Nucleotide Sequence of barley strain of *Wheat dwarf virus* isolated in Bulgaria. Cereal Research Communication (megjelenés alatt)

Vacke, J. (1961): Wheat dwarf virus disease. Biologia Plantarum, 3: 228–233.

Xie, J., Wang, X., Liu, Y., Peng, Y. and **Zhou, G**. (2007): First report of occurence of Wheat dwarf virus in wheat in China. Plant Disease, 91: 111.

White, J.L. and **Kaper J.M.** (1989)**:** A simple method for detection of viral satellite RNA in small tissue samples. Journal of Virological Methods, 23: 83–94.

MOLECULAR CHARACTERIZATION AND TRANSMISSION EXPERIMENTS WITH BARLEY STRAIN OF WHEAT DWARF VIRUS

I. Tóbiás[1], B. Kiss[1], Éva Pájtli[2], G. Tholt[3] and **Katalin Salánki[4]**

[1]Plant Protection Institute, Hungarian Academy of Sciences, H-1525 Budapest, P.O.Box 102

[2]Department of Plant Pathology, Faculty of Horticultural Sciences, Corvinus University of Budapest, H-1118 Budapest, Ménesi Str. 44.

[3]Faculty of Science of Eötvös Loránd University, Budapest

[4]Agricultural Biotechnology Center, Gödöllő

Barley strain of *Wheat dwarf virus* was isolated and characterized for the first time in Hungary. Successful transmission experiments were conducted with its only known leafhopper vector (*Psammotettix alienus* Dahlb.). Based on the host range experiments it was concluded that WDV-H07 strain does not infect wheat, and new host parasite relationship in cases of *Agrostis stolonifera, Alopecurus pratensis, Arrhenatherum elatius, Bromus arvensis, Bromus erectus, Puccinella distans* and the WDV-H07 were described. The virus can be detected by PCR from the plants 11 days after the infestation by leafhoppers. Except the root WDV is present in every part of the plant. Due to symptom development plant became dwarfed and later necrotized and detection the WDV became more unreliable.

The WDV-H07 consists of 2734 nucleotides, shows 94–99% similarity with other barley isolates of WDV, and differs from wheat and oat isolates by 85% and 70% respectively.

EGY HAZAI TARLÓRÉPA MOZAIK VÍRUS-*(TURNIP MOSAIC VIRUS, TuMV)* IZOLÁTUM MOLEKULÁRIS JELLEMZÉSE

Szathmáry Erzsébet[1], Salamon Pál[2] és **Palkovics László[1]**
[1]Budapesti Corvinus Egyetem Kertészettudományi Kar Növénykórtani Tanszék, 1118 Budapest, Ménesi út 44.
[2]4521 Berkesz, Rákóczi út 14.

A tarlórépa mozaik vírus (Turnip mosaic virus, *TuMV*) *a* Potyviridae *család* Potyvirus *nemzetségének tagja. A keresztes virágú növényeken* (Cruciferae) *a legjelentősebb és legelterjedtebb vírusként tartják számon világszerte. A TuMV-nek nagy a genetikai variabilitása, a magyarországi TuMV -populáció genetikai változékonyságáról azonban nincsenek adataink.*

A hazai TuMV-populációk molekuláris jellemzéséhez elsőként egy, a 90-es években retekről (Raphanus sativus *L. cv. Erfurti kerek*) *elkülönített TuMV-izolátumot (jelölése: TuMV-RsH) tanulmányoztunk.* Potyvirus-*specifikus primer-pár felhasználásával RT-PCR módszerrel felszaporítottuk az izolátum (Cter)NIb–CP–3'UTR genomi régióját. A PCR terméket klónoztuk, és meghatároztuk nukleotidsorrendjét. A köpenyfehérjét (CP) kódoló gén nukleotidsorrendjét összehasonlítottuk más TuMV-izolátumokéval, és filogenetikai törzsfákat készítettük. Az izolátum e genomi régióját tekintve egy németországi izolátumhoz volt leginkább hasonló, a retekről származó izolátumok közül pedig a legmagasabb fokú hasonlóságot két ázsiai izolátummal mutatta. A filogenetikai vizsgálat szerint a TuMV-RsH-izolátum a world-B (MB) törzs tagjaival együtt csoportosul.*

A *Potyviridae* család *Potyvirus* nemzetségébe tartozó tarlórépa mozaik vírus (*Turnip mosaic virus*, TuMV) (Shukla és mtsai 1994) világszerte elterjedt, gazdaságilag igen jelentős kórokozó. Más potyvírusokkal ellentétben széles gazdanövényköre van, elsősorban azonban a keresztesvirágúak *(Cruciferae)* családjának fajait fertőzi. A *Cruciferae* családba tartozó élelmiszer- és dísznövényeken a legelterjedtebb és legjelentősebb vírusnak tartják (Provvidenti, 1996). Jelentőségét tekintve, a szabadföldi zöldségnövények vírusai között – az uborka mozaik vírus (*Cucumber mosaic virus,* CMV) után – a második helyet foglalja el a világon (Tomlinson 1987; Walsh és Jenner 2002).

A TuMV más potyvírusokhoz hasonlóan nem-perzisztens módon számos levéltetűfajjal átvihető (Shukla és mtsai 1994).

A vírus genom kb. 10kb hosszúságú pozitív, egyszálú RNS, melyet kb. 2000 köpenyfehérje-(CP) alegység burkol. A vírus RNS 5' végéhez a genomhoz kötött protein (VPg) kovalens kötéssel kapcsolódik, 3' végén pedig poliadenilsavból álló poly(A) vég található. A vírus RNS-ről egy poliprotein prekurzor íródik át, amelyet a vírus által kódolt proteázok vágnak el funkcionális fehérjékre (Riechmann és mtsai 1992).

A tarlórépa mozaik vírusra a biológiai, szerológiai és molekuláris sokszínűség jellemző. Kezdetben a vírus 12 (Jenner és Walsh, 1996), később 2 patotípusát (B és BR) (Ohshima és mtsai 2002) különböztették meg. A B *(Brassica)* patotípusú izolátumok nem, a BR *(Brassica-Raphanus)* patotípusúak szisztemikusan fertőzik a retket. Szerológiai vizsgálatok alapján három fő szerológiai csoportba (Predomináns, BEL1 és JPN1) sorolták az izolátumokat (Jenner és mtsai 1999). Később a vírusgenom különböző régióinak változékonyságát is vizsgálták (Petrzik és Lehmann 1996, Lehmann és mtsai 1997, Chen és mtsai 2002, Ohshima és mtsai 2002), és a CP gén nukleotid-

sorrendje alapján a TuMV alábbi négy genetikai csoportját különítették el: basal-B (OBR), basal-BR, Asian-BR (MR) és world-B (MB). A földrajzilag leginkább elterjedt world-B (MB) csoport főként *Brassica* fajokról származó és többségében B patotípusú TuMV izolátumokat foglal magába, az Asian-BR (MR) csoport viszont azokat, melyek jórészt Ázsiából és retekről (*Raphanus sativus* L.) vagy más *Raphanus* fajokról származnak. A basal-B (OBM) csoportba azok az izolátumok tartoznak, melyeket nagyrészt nem retekről vagy *Brassica* spp. növényekről izoláltak (Ohshima és mtsai 2002, Sánchez és mtsai 2003).

Nagyszámú részleges vagy teljes genomi szekvenciaadat szisztematikus nukleinsav szintű elemzése során fény derült arra is, hogy – ahogy azt már más potyvírusok esetében kimutatták (Cervera és mtsai 1993, Revers és mtsai 1996, Bousalem és mtsai 2000) – a rekombinációnak a TuMV evolúciójában is igen fontos szerepe van (Chen és mtsai 2002, Ohshima és mtsai 2002, 2007, Tan és mtsai 2004, Tomimura és mtsai 2003, 2004).

A hazánkban előforduló TuMV törzsek molekuláris jellemzéséhez szükséges adatainak eddig még nem voltak, ezért célul tűztük ki első lépésben magyarországi TuMV-izolátumok genetikai vizsgálatát.

Anyag és módszer

A TuMV-RsH-izolátumot mozaik tüneteket mutató, az uborka mozaik vírussal is fertőzött téli fekete retek (*R. sativus* cv. Erfurti kerek) növényről különítettük el (Salamon és mtsai 2007). Molekuláris vizsgálatokhoz a TuMV-RsH-izolátummal fertőzött *N. benthamiana* DOMIN. növények szisztemikus tüneteket mutató leveleiből White és Kaper (1989) módszere szerint össznukleinsav-kivonást végeztünk, majd reverz-transzkripciót (RT) követő polimeráz láncreakcióval (PCR) igazoltuk a potyvírus jelenlétét a tesztnövényben. A RT-PCR során *Potyvirus*-specifikus primer-pár: Poty7941 [5'-GGA ATT CCC GCG G(AGCT)A A(CT)A A(CT)A G(CT)G G(AGCT)C A(AG)C C-3', szenz primer] és PolyT [5'-CGG GGA TCC TCG AGA AGC TTT TTT TTT TTT TTT TT-3', antiszenz primer (Deborré és mtsai 1995)] felhasználásával az NIb gén 3' végét, a teljes köpenyfehérje- (CP) gént és a 3' nem-transzlálódó régiót (3'UTR) szaporítottuk fel [(Cter)NIb–CP–3'NCR]. A PCR során a következő paramétereket állítottuk be: 94 ºC 3 perc (elődenaturáció); 94 ºC 15 másodperc (denaturáció), 50 ºC 30 másodperc (primerkötődés) és 72 ºC 3 perc (lánchosszabbítás) 40 ismétlésben, a végső lánchosszabítás 72 ºC-on 10 percig történt. A PCR terméket tisztítás után [High Pure Purification Kit (Roche Diagnostics)] pGEM-T Easy (Promega) klónozó vektorba ligáltuk, majd DH5α kompetens sejtekbe transzformáltuk. A klónozott szakasz nukleotidsorrendjét M13 reverse, M13 forward és belső primerek (TuMV8573for: 5'-GCG TGG ATG ATT GAA CAA GCT C-3', TuMV9130for: 5'-AAC GGA GGA CAA AAT GCA AAT CA-3') felhasználásával meghatároztuk, majd összehasonlítottuk más, a nemzetközi adatbázisban (http://www.ncbi.nlm.nih.gov) fellelhető reprezentatív TuMV izolátumok szekvenciaadataival, és elkészítettük a filogenetikai törzsfát. A szekvencia-összehasonlítás és -elemzés során az NCBI-BLAST, az Emboss-Align (Rice és mtsai 2000) és a MEGA 3.1 (Kumar és mtsai 2004) programokat használtuk. A filogenetikai analízist a MEGA 3.1 program NJ és UPGMA módszereinek felhasználásával végeztük.

Eredmények és megvitatás

Az RT-PCR során a *Potyvirus*-specifikus primer-pár felhasználásával egy kb. 1850 bp hosszúságú szakaszt szaporítottunk fel, amelynek nukleotid- és aminosav-sorrendjét meghatároztuk.

A TuMV-RsH-izolátum 288 aminosavat kódoló CP génje alaninnal kezdődött, és a levéltetű-átvitelben szerepet játszó DAG motívum (Atreya és mtsai 1990) a CP N-terminális részén jelen volt.

Az izolátum CP-je nukleotid- és aminosav-sorrendjét már jellemzett és az adatbankban fellelhető TuMV izolátum nukleotid- és aminosav-szekvencia adataival összehasonlítottuk. Az eredmények azt mutatták, hogy nukleotid-

szinten a TuMV-RsH a németországi DEU1 (a world-B (MB) csoport tagja) izolátumhoz volt leginkább hasonló, a retekről származó izolátumok közül egy japán (NDJ) és egy kínai (YN2)-izolátummal (a world-B (MB) csoport retekről izolált tagjai) mutatta a legmagasabb fokú hasonlóságot *(1. táblázat).*

tarlórépát, így a többi retekről származó TuMV-izolátumhoz hasonlóan BR patotípusú. Ez az eredmény alátámasztja Ohshima és mtsai (2002) megfigyeléseit, melyek szerint a retek csak a BR patotípusra fogékony, de a *Brassica* és egyéb gazdanövényfajok mindkét patotípussal szemben érzékenyek.

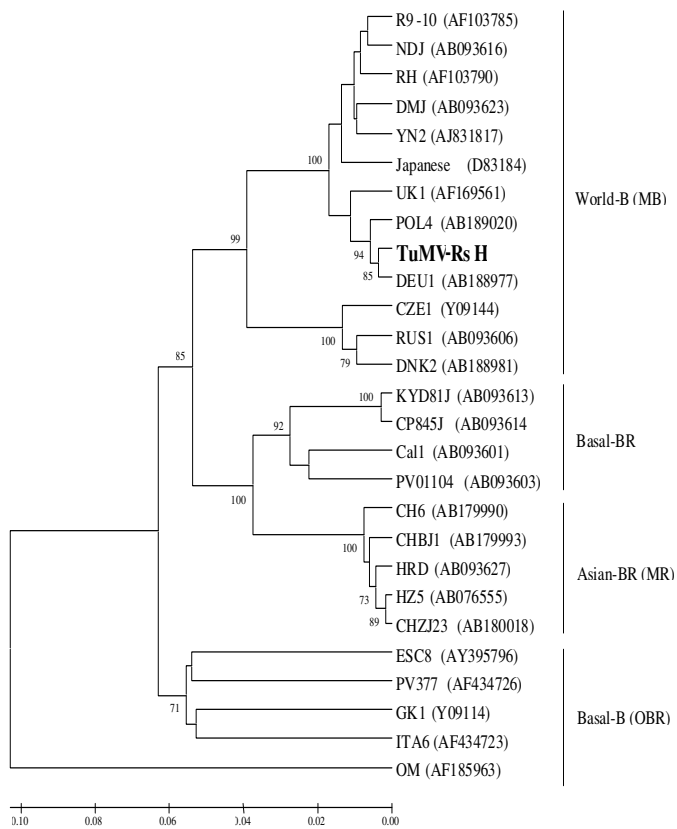
1. táblázat

TuMV-izolátumok CP régiója nukleotid- (a) és aminosav- (b) szekvencia hasonlósága (%)

	R9-10	RH	NDJ	DMJ	YN2	Japanese	UK1	POL4	DEU1	CZE1	RUS1	DNK2	KYD81J
TuMV-RsH(a)	95,7	95,8	96,6	95,8	96,6	95	97,6	98,8	99,3	93,5	92	92,8	88,7
TuMV-RsH(b)	96,9	96,2	98,3	99	99,3	96,9	99,7	99,7	99,7	98,6	97,9	98,6	95,1

	CP845J	Cal1	PV01104	CH6	CHBJ1	HRD	HZ5	CHZJ23	ESC8	PV377	GK1	ITA6	OM
TuMV-RsH(a)	89,1	90,4	90	89,6	90	90,4	90	90,2	88,7	88	88,8	88,1	82,8
TuMV-RsH(b)	95,8	95,5	95,8	95,8	96,2	95,8	96,5	96,5	94,8	94,4	96,2	95,5	90,3

A TuMV-izolátumok teljes CP génjének nukleotidsorrendje alapján két módszerrel (NJ, UPGMA) filogenetikai törzsfát készítettünk. A TuMV-izolátumok mind a két törzsfán négy fő csoportban helyezkedtek el (Ohshima és mtsai 2002, Sánchez és mtsai 2007). A TuMV-RsH a world-B-(MB)-izolátumokkal együtt csoportosult *(1. ábra),* jóllehet ebbe a csoportba főként olyan izolátumok tartoznak, melyek *Brassica* fajokról származnak. A csoporton belül a legközelebbi rokonságot két európai (a német DEU1 és a lengyel POL4) izolátummal mutatta. A world-B (MB) csoport három alcsoportra osztható, melyek közül a TuMV-RsH abban az alcsoportba sorolható, amelyikbe – több irodalmi adat szerint is (Ohshima és mtsai 2002, 2007, Tomimura és mtsai 2004) – csak B patotípusú TuMV izolátumok tartoznak. A TuMV-RsH magyar izolátum fertőzte a



1. ábra. TuMV-izolátumok CP gén nukleotidsorrendje alapján készített filogenetikai törzsfája. Zárójelben az izolátum génbanki hivatkozási száma

A nemzetközi adatbankban rendkívül sok a rendelkezésre álló TuMV részleges vagy teljes genomi szekvencia, közöttük mind *Brassica*, *Raphanus*, mind pedig egyéb gazdanövényfajokról származó izolátumok is megtalálhatók. A retekről gyűjtött izolátumok többsége ázsiai eredetű (Japán, Kína és Dél-Korea). Európából eddig egyedül Olaszországból izoláltak retekről TuMV-t (ITA7, AB093600), mely patotípusában a magyar izolátumhoz hasonlóan BR típusú, az általunk jellemzett TuMV-RsH-izolátumtól eltérően genetikailag a basal-BR csoportba tartozik (Jenner és Walsh 1996, Ohshima és mtsai 2002, Tominura és mtsai 2003).

A TuMV hazai populációinak további vizsgálatához tormáról (*Armoracia rusticana* Gaertn. Mey. et Scherb) és *Alliaria* spp. növényekről származó izolátumokat gyűjtöttünk.

IRODALOM

Atreya, C. D., Raccah, B. and **Pirone, T. P.** (1990): A point mutation in the coat protein abolishes aphid transmissibility of a potyvirus. Virology, 178: 161–165.

Bousalem, M., Douzery, E. J. P. and **Fargette, D.** (2000): High genetic diversity, distant phylogenetic relationships and intraspecies recombination events among natural populations of Yam mosaic virus: a contribution to understanding potyvirus evolution. Journal of General Virology, 81: 243–255.

Cervera, M. T., Riechmann, J. L., Martin, M. T. and **Garcia, J. A.** (1993): 3' terminal sequence of the plum pox virus PS and o6 isolates: evidence for RNA recombination within the potyvirus group. Journal of General Virology, 74: 329–334.

Chen, J., Chen, J. P. and **Adams, M. J.** (2002): Variation between Turnip mosaic virus isolates in Zhejiang Province, China and evidence for recombination. Journal of Phytopathology, 150: 142–145.

Deborré, G., Maiss, E. and **Jelkmann, W.** (1995): Biological and molecular biological investigations of several Plum pox virus (PPV) isolates. Acta Horticulturae, 386: 253–262.

Jenner, C. E. and **Walsh, J. A.** (1996): Pathotypic variation in Turnip mosaic virus with special reference to European isolates. Plant Pathology, 45: 848–856.

Jenner, C. E., Keane, G. J., Jones, J. E. and **Walsh, J. A.** (1999): Serotypic variation in Turnip mosaic virus. Plant Pathology, 48: 101–108.

Kumar, S., Tamura, K. and **Nei, M.** (2004): MEGA3: Integrated Software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and Sequence Alignment. Briefings in Bioinformatics, 5: 150–163.

Lehmann, P., Petrzik, K., Jenner, C., Greenland, A., Spak, J., Kozubek, E. and **Walsh, J. A.** (1997): Nucleotide and amino acid variation in the coat protein coding region of Turnip mosaic virus isolates and possible involvement in the interaction with the Brassica resistance gene TuRB01. Physiological and Molecular Plant Pathology, 51: 195–208.

Ohshima, K., Yamaguchi, Y., Hirota, R., Hamamoto, T., Tomimura, K., Tan, Z.Y., Sano, T., Azuhata, F., Walsh, J.A., Fletcher, J., Chen, J.S., Gera, A. and **Gibbs, A.** (2002): Molecular evolution of Turnip mosaic virus: evidence of host adaptation, genetic recombination and geographical spread. Journal of General Virology, 83: 1511–1521.

Ohshima, K., Tomitaka, Y., Wood, J. T., Minematsu, Y., Kajiyama, H., Tomimura, K. and **Gibbs, A. J.** (2007): Patterns of recombination in turnip mosaic virus genomic sequences indicate hotspots of recombination. Journal of General Virology, 88: 298–315.

Petrzik, K. and **Lehmann, P.** (1996): Classification of Turnip mosaic virus isolates according to the 3'-untranslated region. Acta Virologica, 40: 151–155.

Provvidenti, R. (1996): Turnip mosaic potyvirus. In: **Brunt, A. A., Crabtree, K., Dallwitz, M. J., Gibbs, A. J.** and **Watson L.** (eds): Viruses of Plants. CAB International, Wallingford, UK, 1340–1343.

Revers, F., Le Gall, O., Candresse, T., Leromancer, M. and **Dunez, J.** (1996): Frequent occurrence of recombinant potyvirus isolates. Journal of General Virology, 77: 1953–1965.

Rice, P., Longden, I. and **Bleasby, A.** (2000): EMBOSS: the European Molecular Open Software Suite. Trends in Genetics 16: 276–277.

Riechmann, J. L., Laín, S. and **García, J. A.** (1992): Highlights and prospects of potyvirus molecular biology. Journal of General Virology, 73: 1–16.

Salamon P., Divéki Z., Kiss L. és **Salánki K.** (2007): A uborka mozaik vírus *(Cucumber mosaic virus)* és a tarlórépa mozaik vírus *(Turnip mosaic virus)* spontán fertőzése retken (*Raphanus sativus* L.). Integrált termesztés a kertészeti és szántóföldi kultúrákban XXVIII, 44–54.

Sánchez, F., Rodríguez-Mateos, M., Touriño, A., Fresno, J., Gómez-Campo, C., Jenner, C. E., Walsh, J. A., and **Ponz, F.** (2007): Identification of new

isolates of Turnip mosaic virus that cluster with less common viral strains. Archives of Virology, 152: 1061–1068.

Sánchez, F., Wang, X., Jenner, C. E., Walsh, J. A. and **Ponz, F.** (2003): Strains of Turnip mosaic potyvirus as defined by the molecular analysis of the coat protein gene of the virus. Virus Research, 94: 33–43.

Shukla, D. D., Ward, C. W. and **Brunt, A. A.** (1994): Introduction. In: **Shukla, D. D., Ward, C. W.** and **Brunt, A. A.** (eds): The Potyviridae. CAB International,Wallingford, UK, 1–26.

Tan, Z., Wada, Y., Chen, J. and **Ohshima, K.** (2004): Inter- and intralineage recombinants are common in natural populations of Turnip mosaic virus. Journal of General Virology, 85: 2683–2696.

Tomimura, K., Gibbs, A. J., Jenner, C. E., Walsh, J. A. and **Ohshima, K.** (2003): The phylogeny of Turnip mosaic virus; comparisons of 38 genomic sequences reveal a Eurasian origin and a recent 'emergence' in east Asia. Molecular Ecology, 12: 2099–2111.

Tomimura, K., Pak, J., Katis, N., Jenner, C. E., Walsh, J. A., Gibbs, A. J. and **Ohshima, K.** (2004): Comparison of the genetic structure of populations of Turnip mosaic virus in West and East Eurasia. Virology, 330: 408–423.

Tomlinson, J. A. (1987): Epidemiology and control of virus diseases of vegetables. Annals of Applied Biology, 110: 661–681.

Walsh, J. A. and **Jenner, C. E.** (2002): Turnip mosaic virus and the quest for durable resistance. Molecular Plant Pathology, 3: 289–300.

White, J. L. and **Kaper, J. M.** (1989): A simple method for detection of viral satellite RNAs in small tissue samples. Journal of Virological Methods, 23: 83–94.

FIRST DATA FOR THE MOLECULAR CHARACTERIZATION OF THE HUNGARIAN POPULATIONS OF TURNIP MOSAIC VIRUS (TuMV)

Erzsébet Szathmáry[1], P. Salamon[2] and **L. Palkovics[1]**

[1]Department of Plant Pathology, Faculty of Horticultural Science, Corvinus University of Budapest, H-1118 Budapest, Ménesi Str. 44., Hungary

[2]H-4521 Berkesz, Rákóczi Str. 14., Hungary

Turnip mosaic virus (TuMV) belongs to the genus *Potyvirus* in the family *Potyviridae*. It is considered to be the most significant and widespread virus infecting cruciferous crops.

TuMV is highly variable, however the genetic variability of the Hungarian TuMV populations has not been studied yet. For the molecular characterization of the Hungarian populations of TuMV an isolate (TuMV-RsH) was collected from naturally infected radish (*Raphanus sativus* L. cv. Erfurti kerek) in the '90s. The (Cter)NIb–CP–3'UTR genomic region of TuMV-RsH was amplified by RT-PCR using *Potyvirus*-specific primer-pair. The resulted PCR product was cloned and sequenced. Nucleotide sequence of the coat protein (CP) gene of TuMV-RsH was compared to that of some representative TuMV isolates, and phylogenetic analysis was done.

Based on the CP gene nucleotide sequence TuMV-RsH was most similar to a German isolate, while focusing only on TuMV isolates originated from radish the highest level of similarities were observed between TuMV-RsH and two Asian isolates. According to the phylogenetic analysis TuMV-RsH clustered with world-B (MB) genogroup of TuMV isolates.

AKTUÁLIS HÍREK AZ EURÓPAI PARLAMENTBŐL

Az Európai Parlament Környezetvédelmi Bizottsága 2008. november 5-én második olvasatban szavazott a **növényvédő szerek forgalomba hozataláról szóló rendelet**ről és a peszticidek fenntartható használatáról szóló irányelvről.

A fent nevezett szakbizottság a Parlament 2007. évi állásfoglalását megerősítve az emberi egészséget súlyosan károsító növényvédő szerek betiltása, illetve fokozott helyettesítése mellett döntött. Ennek megfelelően a Parlament javaslata szerint csak azokat, a növényvédő szereket engedélyezhetik a tagállamok, amelyek nem rákkeltők, nem okoznak genetikai elváltozásokat, nem hatnak károsan a szaporodóképességre, a hormon- és immunrendszerre, nem halmozódnak fel az emberi szervezetben, valamint nem károsítják nagymértékben az idegrendszert.

Ugyanakkor a most elfogadott módosító indítványok, a korlátozások ellen ágáló ipari lobbinak engedve, jelentős engedményeket is tettek. Ez az EP első olvasata után megfogalmazott rendeletben foglaltakhoz képest bizonyos értelemben környezet- és egészségvédelmi szempontból jelentős visszalépést jelent. Szűkült az engedélyezési rendelet szerint betiltásra kerülő, illetve helyettesítésre javasolt hatóanyagok köre, például a környezetben nem lebomló, perzisztens hatóanyagok engedélyezését nem kell korlátozni. A környezetre káros hatóanyagok hosszabb ideig maradhatnak a piacon, ***ugyanis jelentősen bővültek a derogációs lehetőségek.*** Ennek következtében félő, hogy így a gyártók kevésbé lesznek ösztönözve az új, biztonságos hatóanyagok kifejlesztésére, másrészről viszont a ***termelőknek nem kell attól tartaniuk, hogy az új jogszabály miatt nem jutnak hozzá a már bevált, hatékony készítményekhez.***

Magyar sikernek is betudható, hogy az ENVI elutasította a növényvédő szerek hármas zóna szerinti engedélyezését, a rendeletben. A most elfogadott javaslat szerint az egyes országok nem kötelesek elfogadni a számukra nem kívánatos növényvédőszer-hatóanyagok engedélyezését.

A növényvédőszer-használatról szóló irányelvben is több pontban visszalépett az EP a kezdeti ambiciózusabb álláspontjából. Korábban például konkrétan meghatározták a pufferzóna nagyságát a permetezéskor, most viszont erre csak általánosságban tesznek javaslatot. ***Az új irányelv szerint, minden EU tagállamnak nemzeti akciótervet kell készítenie a fenntartható növényvédőszer-használatról***. Az akciótervek célja, a környezeti és egészségi károk minimalizálása. Korábban az akciótervek részeként, az EP a növényvédő szerek használatának 50%-os csökkentését írta elő célként a tagországoknak, jelenleg azonban beéri azzal, ha korlátozzák a felhasználásukat, de célszámot nem határoz meg.

Az EP tavaly szigorú feltételekhez kötötte volna a légi permetezést, ám a jelenlegi szavazás során ezek jelentős részét elvetették.

A jogszabályokról a Tanács francia elnöksége és az Európai Parlament még 2008-ban meg szeretne állapodni, így várhatóan a jövő év elején fog a Parlament plenáris ülése erről a megállapodásról szavazni.

M. E.

ELTÉRŐ LEVÉLTETŰ-ÁTVITELI KÉPESSÉGŰ BURGONYA Y VÍRUSIZOLÁTUMOK MOLEKULÁRIS VIZSGÁLATA

Almási Asztéria[1], Tóbiás István[1], Basky Zsuzsanna[1] és **Palkovics László[2]**
[1]MTA Növényvédelmi Kutatóintézete, 1525 Budapest, Pf. 102.
[2]Budapesti Corvinus Egyetem, Kertészettudományi Kar, Növénykórtani Tanszék, 1118 Budapest, Villányi út 29–43.

A PVY-98 (PVY^N) és a PVY-5 (PVY^O) törzs között korábbi vizsgálataink alapján jelentős különbség mutatkozott a levéltetű-átvitel hatékonyságában. A potyvírusok levéltetű-átvitelében a segítő fehérje (HC-Pro) és a köpenyfehérje (CP) játszik szerepet. A HC-Pro amino-terminális végén található KITC motívum a levéltetű kutikula fehérjéhez kapcsolódik, a karboxi-terminális végén lévő PTK aminosav triplet a CP DAG motívumával lép kölcsönhatásba. Ezeken a szakaszokon bekövetkező bármilyen változás a levéltetű-átvitel hatékonyságának csökkenéséhez vagy elmaradásához vezet. A két PVY izolátum HC-Pro génjét és a köpenyfehérje gén részét kiemeltük, és a PCR-termékek bázissorendjét, az adott vektorba klónozást követően, meghatároztuk. A vizsgált két PVY-izolátum HC-Pro fehérjéi nagyfokú hasonlóságot mutattak mind nukleinsavszinten (98%), mind aminosavszinten (99%). A CP esetében nagyobb eltérést kaptunk, itt a hasonlóság nukleinsavszinten 91%-os, aminosavszinten 94%-os volt. A HC-Pro fehérjén található KITC és PTK motívum és a CP DAG motívuma azonban teljesen megegyeztek a vizsgált izolátumokban. Eredményeink azt bizonyítják, hogy a PVY levéltetű-átvitelét befolyásoló eddig ismert három aminosav-motívumon kívül egyéb tényezők is szerepet játszanak.

A burgonya Y vírus (*Potato virus Y*, PVY) az egész világon elterjedt, nagy gazdasági jelentőségű vírus, a növényvírusok legnagyobb csoportjának, a *Potyvirus* nemzetségnek (*Potiviridae* család) típus faja (Shukla és mtsai 1994). Legfontosabb gazdanövényei a *Solanaceae* családba tartoznak, mint például a burgonya, a dohány, a paradicsom és a paprika. Széles elterjedése egyúttal eltérő izolátumok megjelenését eredményezte, melyek a gazdanövényen okozott tünetekben, szerológiai tulajdonságukban és levéltetű-átviteli képességükben különböznek. Törzsekbe való besorolásuk, csoportosításuk is ezek alapján történt (de Bokx és Huttinga 1981). A burgonyáról izolált PVY törzseket három fő csoportba osztották. Korábban az O törzs (PVY^O) volt a legelterjedtebb (Siegvald 1984), majd a dohányon érnekrózist okozó új N törzs (PVY^N), melynek magyarországi megjelenését Szirmai írta le először (Szirmai 1958). A hagyományos felosztásnak megfelelő harmadik csoportba, C törzs (PVY^C), olyan izolátumokat soroltak eredetileg, amelyek nem képesek levéltetű-átvitellel terjedni (Boonham és mtsai 2002). Beczner és munkatársai (1984) az 1980-as években a világon elsőként izoláltak és jellemeztek egy új hazai PVY törzset, amely az addig ismert törzsektől eltérően a burgonyagumón okozott nekrotikus gyűrűs foltosságot (PVY^{NTN}). Ezt a törzset később a PVY^N csoportba sorolták szerológiai és biológiai vizsgálatok alapján (Blanco-Urgoit és mtsai 1998). A PVY törzsek fenti csoportosítása azonban mára túlhaladottá vált, mivel problémák merültek fel egyes új izolátumok, ill. törzsek besorolásával (Chrzanowska 1991, Kerlan és mtsai 1999, Glais és mtsai 2002). A vírus nagyfokú rekombinációs (ill. hibridizációs) képessége szükségessé tette a törzsek elkülönítéséhez molekuláris virológiai vizsgálatok alkalmazását

(Singh 1998, Weilguny és Singh 1998, Romero és mtsai 2001, Walsh és mtsai 2001, Boonham és mtsai 2002, Nie és Singh 2002,). A burgonyát fertőző PVY törzsek elnevezésének és rendszerezésének mind a klasszikus, mind a modern molekuláris módszereket ötvöző, biológiai értelemben is jelentéssel bíró genetikai törzs koncepción kell alapulnia (Singh és mtsai 2008). Ehhez szükséges a potyvírusok genomjában kódolt fehérjék funkcióinak ismerete (Urcuqui-Inchima és mtsai 2001).

A PVY genomja egy pozitív egyszálú RNS-ből áll, amely egy poliproteint kódol. Ezt három, a vírus által kódolt proteináz vágja el a tíz funkcionális fehérjére. Ezek közül a vírusátvitelben a segítő fehérje (helper component, HC) és a köpenyfehérje (coat protein, CP) vesz részt (Pirone 1991, Pirone és Blanc 1996, Maia és mtsai 1996, Wang és mtsai 1998). A két fehérje szerepére a levéltetű-átvitel képességét elvesztő, deficiens mutáns potyvírusok vizsgálata derített fényt, miután a többszöri mechanikai vírusátvitelt (passzálás) követően a vírust nem lehetett átvinni levéltetűvel (Watson 1960, Kassanis 1961, Swenson és mtsai 1964). Govier és Kassanis (1974) kísérleteikkel igazolták, hogy a vírus vektor által történő gazdanövénybe juttatásában „segítő fehérjék" közreműködnek, ún. hidat képezve a vírusrészecske és a vektor között („híd hipotézis").

A potyvírusok genomját mintegy kétezer CP alegység burkolja. A virion külső felületén helyezkedik el a CP amino-terminális vége, amely nagy változatosságú, és a konzervált karboxil-terminális vég. Közöttük egy belső, 215–227 aminosavból álló, a karboxil-terminális véghez hasonlóan erősen konzervált rész található (Shukla és Ward 1989). A vektorátvitelben szerepet játszó CP motívumnak a felszínen kell elhelyezkednie, hogy a HC-vel vagy a levéltetű szájszervében elhelyezkedő receptorral kölcsönhatásba léphessen. Az amino-terminális vég konzervált szakaszainak részletes tanulmányozása során Harrison és Robinson (1988) a levéltetű-átvitellel terjedő és olyan (mutáns) izolátumokat hasonlítottak össze, amelyek nem vihetők át levéltetűvel. A szerzők találtak egy aszparaginsav-alanin-glicinből álló motívumot (DAG), amely a levéltetűvel átvihető izolátumokban igen nagyfokú konzerváltságot mutatott a levéltetű-átvitellel nem terjedő izolátumokkal szemben. Később több potyvírus esetében bizonyították, hogy a megváltozott DAG szekvencia felelős a levéltetű-átviteli képesség hiányáért. A DAG motívum szerepének fontosságát a levéltetű-átvitelben közvetlenül bizonyították teljes genom hosszúságú fertőző klónok és mesterséges mutáns vírusok előállításával (Atreya és mtsai 1990). A DAG motívum DAE-re történt mutációja a dohány érfoltosság vírus (*Tobacco vein mottling virus*, TVMV) CP régiójában a levéltetű-átvitel képességének elvesztését okozta, egy DTG motívummal rendelkező izolátum esetében DAG motívumra történt mutáció viszont helyreállította ezt a képességet a cukkini sárga mozaik vírus (*Zucchini yellow mosaic virus*, ZYMV, *Potyvirus*) fertőző klónjánál (Gal-On és mtsai 1990). Baulcombe és munkatársai (1993) levéltetű-átvitellel nem terjedő burgonya-X vírus (*Potato virus X*, PVX) CP-ének megfelelő szakaszát kicserélték a DAG motívumra (rekombináns vírust hoztak létre). Ha a levéltetvek előzőleg működőképes HC forráson táplálkoztak, sikeresen átvitték a rekombináns vírust egy PVY-fertőzött növényre.

A HC-Pro multifunkcionális protein részt vesz a levéltetű és virion közötti kölcsönhatás kialakításában. Az egyes levéltetűfajok eltérő mértékben képesek a potyvírusokat átvinni. Különböző vírus-HC-Pro kombinációval táplálkozó levéltetvek vizsgálata alapján összefüggést találtak azzal, hogy adott HC-Pro mennyire volt képes visszatartani adott viriont a rovar szájszervében. A HC-Pro vektor átvitelt szabályozó régiójának meghatározása végett a HC-Pro-ban történt mutációk HC-Pro és virionok vagy a CP és a levéltetű szájszerve közötti kölcsönhatásra gyakorolt hatását vizsgálták (Blanc és mtsai 1998). Minden potyvírus tartalmaz egy nagyfokban konzervált tetrapeptidet a HC-Pro amino-terminális végén egy ciszteingazdag motívumon belül: lizin-izoleucin/leucin-treonin/szerin-cisztein (KITC). A PVY egyik természetes mutánsa (PVY^C), amely KITC motívumában lizin helyett glutamin fordul elő (EITC), nem vihető át levéltetűvel. A PVY^C HC-Pro a kísérle-

tek szerint ugyanolyan mértékben kötötte meg a virionokat vagy a CP-t, mint a PVY HC-Pro. A levéltetű szájszervét transzmissziós elektronmikroszkóppal vizsgálták immunogold jelölést alkalmazva, és kimutatták, hogy a KITC motívumban a K mutációja (E-re) megakadályozta a HC-Pro és a szájszerv (stylet) kölcsönhatását. A KITC motívum megváltozása tehát nem a HC-Pro CP-hez kötődését akadályozta meg, hanem a HC-Pro és a levéltetű szájszerve közti kapcsolat kialakulását. Ezek alapján valószínűnek tűnik, hogy a HC-Pro amino-terminális végén található domain a levéltetű szájszervével kölcsönhatásba lép.

A HC-Pro középső régiójában a prolin-treonin-lizin (PTK) motívum azon mutációi, amelyek a vírus levéltetűvel történő átvitelének csökkenéséhez vagy megszűnéséhez vezettek, egyben megszüntették a HC-Pro kötődését a virionokhoz. Ezekből az eredményekből arra lehet következtetni, hogy a HC-Pro virionokhoz kötődését lehetővé tevő régió nem az amino-terminális végen van, hanem a belső régióban.

Az ezeken a szakaszokon történő bármilyen (akár egy aminosavat érintő) változás a levéltetű-átvitel hatékonyságát csökkenti, vagy akár annak teljes képtelenségéhez vezet (Atreya és mtsai 1990, 1991, Canto és mtsai 1995, López-Moya és mtsai 1999, Sasaya és mtsai 2000, Moreno és mtsai 2005).

Korábbi munkánkban (Basky és Almási 2005a, b) két burgonyáról izolált, eltérő csoportba tartozó PVY törzs esetében végeztünk levéltetű-átviteli vizsgálatokat. A PVY^O csoportba tartozó PVY-5 és a PVY^N csoportba sorolt PVY-98 törzs között jelentős különbségeket találtunk; a vizsgált levéltetűfajok közül jóval több bizonyult a PVY-98 vektorának *(1. táblázat).* Ezért indokoltnak láttuk a két törzs HC-Pro és CP fehérjéinek (ill. az azokat kódoló gének) összehasonlító molekuláris vizsgálatát elvégezni.

1. táblázat

A különböző levéltetűfajok vírusátvivő képessége PVY-98 és PVY-5 izolátumok esetében

Levéltetűfaj	PVY-98	PVY-5
Aphis rumicis	–	–
A. sambuci	–	–
A. spiraephaga	+	–
A. spiraecola	+	–
A. fabae	+	–
A. fabae cirsiacanthoides	+	+
A. pomi	+	–
Brevicoryne brassicae	–	–
Myzus persicae	+	+
M. cerasi	+	+
M. ligustri	+	+
Diuraphis noxia	+	–
Sitobion avenae	–	–
Schizaphis graminum	+	–
Ropalosiphum padi	+	–
Macrosiphum rosae	+	–

+: hatékony vektor; –: nem képes a vírust átvinni

Anyag és módszer

A PVY-izolátumok fenntartása

A burgonyavetőgumó-termesztő táblákról begyűjtött burgonya-levélmintákról izolált PVY-98 és PVY-5 törzseket *Nicotiana tabacum* cv. Xanthi-nc (L.) növényeken tartottuk fenn. A vírusátvitelt az erős tüneteket mutató levelekről *Myzus persicae* Schulz levéltetű-átvitellel végeztük.

Molekuláris vizsgálatok

A molekuláris vizsgálatokban a PVY-98 és a PVY-5 izolátumok jellegzetes tüneteit mutató dohánylevelekből teljes nukleinsav-kivonást végeztünk White és Kaper (1989) módszere szerint. A cDNS első szálát a „cDNA Synthesis System Plus" (Amersham) kit felhasználásával a gyártó utasítása szerint a köpenyfehérje esetében polyT (5'-cggggatcctcgagaagctttttttttttttttt-3'), a segítőfehérje (HC-Pro) esetén HC-3 (5'cccggatcctaaccaactctatagtgcttaatgt-3') a kezdőszekvenciák segítségével készítettük el. A polimeráz-láncreakcióhoz (PCR-hez) 2 µl-t használtunk fel ebből a reakcióelegyből. A PCR-elegy a következő összetevőket tartalmazta: 10 mM Tris-HCl, pH 9,5; 2,5 mM $MgCl_2$; 50 mM KCl; 0,1% Triton X-100; 100 ng dATP, dCTP, dGTP és dTTP; 0,1 nM

indítószekvencia és 5 U Taq polimeráz enzim (Fermentas). A *PCR*-hez köpenyfehérje kiemelésekor a poty7941 (5'-ggaattcccgcgg(agct) aa(ct)ag(ct)gg(agct)ca(ag)cc-3') és polyT (5'-cggggatcctcgagaagctttttttttttttttt-3'), a HC-Pro felszaporításakor a HC-5 (5'-ttaggtaccatggttctagactcaatggttcagt-3') és HC-3 (5'cccggatcctaaccaactctatagtgcttaatgt-3') indító szekvenciapárokat használtuk. A 40 reakciócíklus paraméterei a következők voltak: elődenaturálás 30 másodperc, denaturálás 94 °C-on, 15 másodpercig, indítószekvenciák kapcsolódása 50 °C-on (köpenyfehérje), illetve 62 °C-on (HC-Pro) 20 másodpercig, a DNS-szintézise 72 °C-on, két és fél percig és a záró DNS szintézis 7 percig tartott. A PCR-terméket 1%-os agarózgélben választottuk el, majd tisztítottuk (DNA Extraction kit, Fermantas). A tisztított PCR-termékeket a pGEM-T (Promega) vektorba klónoztuk, és DH5α kompetens sejteket transzformáltunk. A DNS szekvenciákat az M13 forward és M13 reverz, illetve belső kezdőszekvenciák segítségével határoztuk meg DyeDeoxy Terminator kit (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) módszerével.

A szekvenciaelemzést a GCG GAP és TRANSLATE programjai (University of Wisconsin Genetics Computer Group Version 9.1) segítségével készítettük.

Eredmények

A két PVY-izolátum HC-Pro génjét és a köpenyfehérje gén részét kiemeltük, és a PCR termékek bázissorendjét, az adott vektorba klónozást követően, meghatároztuk. A PVY-98 és a PVY-5 izolátumok szekvenciaadatait egymással és a hazánkban molekulárisan elsőként jellemzett PVY-H (Thole és mtsai 1993) – a Beczner és munkatársai által 1984-ben izolált N csoportba tartozó PVY^{NTN} törzs nukleotidsorrendjével hasonlítottuk össze a *2. ábrán,* a *2.* és *3. táblázatokban.*

A PVY-98 és a PVY-5 törzs segítő fehérjéinek HC-Pro nukleinsav bázissorendje és aminosav-sorrendje nagy hasonlóságot mutatott; nukleinsavszinten 98%-os, aminosavszinten 99%-os homológiát tapasztaltunk *(2. táblázat,*

2. táblázat

A segítő fehérje (helper component, HC-Pro) nukleinsav (diagonális felett)- és aminosav-sorrend (diagonális alatt) homológia foka (%) a PVY-98, PVY-5 és a PVY-H törzsek esetében

HC-Pro	PVY-5	PVY-98	PVY-H
PVY-5		97,99	98,56
PVY- 98	98,93		99,14
PVY-H	99,57	98,93	

3. táblázat

A köpenyfehérje (CP) nukleinsav- (diagonális felett)- és aminosav-sorrend (diagonális alatt) homológia foka (%) a PVY-98, PVY-5 és a PVY-H törzsek esetében

CP	PVY-5	PVY-98	PVY-H
PVY-5		91,38	90,38
PVY-98	93,63		97,5
PVY-H	92,88	97,75	

1. ábra). A PVY levéltetű-átvitelében szerepet játszó KITC és PTK motívum megtalálható, és teljesen azonos volt mindegyik törzs esetében *(1. ábra).*

A köpenyfehérje vizsgálata során nagyobb eltéréseket kaptunk, ami a gén nagyobb variabilitását mutatja. Nukleinsavszinten 91%-os, aminosavszinten 94%-os hasonlóságot mutatott a két törzs *(3. táblázat, 2. ábra)*. A levéltetű átvitelét meghatározó DAG motívum *(2. ábra)* azonban mindegyik törzs esetében azonos volt.

Következtetések

Az általunk korábban izolált PVY-98 és PVY-5 törzsekkel végzett levéltetű-átviteli kísérletekben nagy különbségek mutatkoztak a két törzs között (Basky és Almási 2005a, b). Az *1. táblázatban* közölt adatok szerint a PVY-98 törzset 12 levéltetűfaj hatékonyan terjesztette a 16 vizsgált faj közül, a PVY-5 törzset azonban csak 4 faj volt képes átvinni. Ezért feltételeztük, hogy a két törzs HC-Pro és CP fehérjéinek aminosav-sorrendje – a levéltetű átvitelt meghatározó szakaszokon – eltér egymástól. A kísérleteink bizonyították, hogy a levéltetű-átvitelben szerepet

1. ábra. A segítő fehérje (helper component, HC-Pro) aminosav-szekvenciája a PVY-98 és a PVY-5 izolátumok esetében
(A megegyező szakaszokat fekete háttérben fehér betűvel jelöltük, az eltéréseket fehér háttérrel kiemeltük. A levéltetű-átvitelben szerepet játszó KITC és PTK motívumokat szürke háttérrel jelöltük)

2. ábra. A köpenyfehérje (CP) aminosav-szekvenciája a PVY-98, a PVY-5 és a PVY-H törzsek esetében
(A megegyező szakaszokat fekete háttérben fehér betűvel jelöltük, az eltéréseket fehér háttérrel kiemeltük. A levéltetű-átvitelben szerepet játszó DAG motívumot szürke háttérrel jelöltük)

játszó HC-Pro és CP motívumokban a két vírustörzs egyáltalán nem tér el, ezért feltételezzük, hogy a vektorhatékonyság eltéréseiért a HC-Pro és CP fehérje többi szakaszában talált aminosavkülönbségek *(1., 2. ábra),* illetve egyéb tényezők felelősek. Dombrovsky és mtsai (2007) *in vitro* bizonyították cukkíni sárga mozaik vírus HC-Pro és *Myzus persicae* szájszervének kutikulafehérjéje közötti kapcsolódást. Mivel ez a kapcsolat a potyvírusokra általánosan értelmezhető, kísérleteink nyomán feltételezzük, hogy a kutikulafehérjéhez történő kapcsolódást egyéb tényezők – például a fehérje össztöltése vagy térbeli szerkezete – befolyásolhatnak. A két levéltetűvel eltérő módon terjedő vírustörzs segítő fehérje (HC-Pro) és köpenyfehérje (CP) esetében megfigyelhető aminosavváltozások fontosak-e, és milyen szerepet töltenek be a levéltetű-átvitelben, ennek kiderítése további vizsgálatokat igényel.

A kutatást az OTKA 48889 számú pályázata támogatta.

IRODALOM

Atreya, C.D., Raccah, B. and **Pirone, T.P.** (1990): A point mutation in the coat protein abolishes aphid transmissibility of a potyvirus. Virology, 178: 161–165.

Atreya, P.L., Atreya, C.D. and **Pirone, T.P.** (1991): Amino acid substitutions in the coat protein result in loss of insect transmissibility of a plant virus. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88: 7887–7891.

Basky, Zs. és **Almási, A.** (2005a): A PVY^O és a PVY^N törzseinek összehasonlító vizsgálata vektorhatékonyság és transzlokáció szempontjából. Növényvédelem, 41 (6): 233–246.

Basky Zs. and **Almási A.** (2005b): Differences in aphid transmissibility and translocation between PVY^N and PVY^O isolates. J. Pest Sci., 78: 67–78.

Baulcombe, D.C., Lloyd, J., Manoussopoulos, I.N., Roberts, I.M. and **Harrison, B.D.** (1993): Signal for potyvirus-dependent aphid transmission of potato aucuba mosaic virus and the effect of its transfer to potato virus X. J. Gen. Virol., 74: 1245–1253.

Beczner, L., Horváth, J., Romhányi, I. and **Förster, H.** (1984): Studies on the etiology of tuber necrotic ringspot disease in potato. Potato Res., 27: 339–352.

Blanc, S., Ammar, E.D., Garcia-Lampasona, S., Dolja, V.V., Llave, C., Baker, J. and **Pirone, T.P.** (1998): Mutations in the potyvirus helper component protein: effects on interactions with virions and aphid stylets. J. Gen. Virology, 79: 3119–3122.

Blanco-Urgoit, B., Tribodet, M., Leclere, S., Ponz, F., Perez de San Roman, C., Legorburu, F.J. and **Kerlan, C.** (1998): Characterisation of potato virus Y (PVY) isolates from seed potato batches. Situation of the NTN, Wilga and Z isolates. European Journal of Plant Pathology, 104: 811–819.

Boonham, N., Walsh, K., Preston, S., North, J., Smith, P. and **Barker, I.** (2002): The detection of tuber necrotic isolates of *Potato virus Y* , and the accurate discrimination of PVY^O, PVY^N and PVY^C strains using RT-PCR. J. Virol. Meth., 102: 103–112.

Canto, T., López-Moya, J.J., Serra-Yoldi, M.T., Díaz-Ruíz, J.R. and **López-Abella, D.** (1995): Different helper component mutations associated with lack of aphid transmissibility in two isolates of potato virus Y. Phytopathology, 85 (12): 1519–1524.

Chrzanowska, M. (1991): New isolates of the necrotic strain of potato virus Y (PVY^N) found recently in Poland. Potato Res., 34: 179–182.

De Bokx, J.A. and **Huttinga, H.** (1981): Potato virus Y. Descriptions of plant viruses, No. 242. Commonw. Mycol. Inst./Assoc. Appl. Biol., Kew, UK.

Dombrovsky, A., Gollop, N., Chen, S., Chejanovsky, N. and **Raccah, B.** (2007): In vitro association between the helper component-proteinase of zucchini yellow mosaic virus and cuticle proteins of *Myzus persicae*. J. Gen. Virology, 88: 1602–1610.

Gal-On, A., Antignus, Y., Rosner, A. and **Raccah, B.** (1990): Nucleotide sequence of zucchini yellow mosaic virus capsid-coding gene and its expression in *Escherichia coli*. Gene, 87: 273–277.

Glais, L., Tribodet, M. and **Kerlan, C.** (2002): Genomic variability in *Potato virus Y* (PVY): evidence that PVY^N W and PVY^{NTN} variants are single to multiple recombinants between PVY^O and PVY^N isolates. Arch. Virol., 147: 363–378.

Govier, D.A. and **Kassanis, B.** (1974): A virus induced component of plant sap needed when aphids aquire potato virus Y from purified preparations. Virology, 61: 420–426.

Harrison, B.D. and **Robinson, D.J.** (1988): Molecular variation in vector-borne plant viruses: Epidemiological significance. Philos. Trans. R. Soc. London Biol., 321: 447–462.

Kassanis, B. (1961): The transmission of potato aucuba mosaic virus by aphids from plants also infected by potato virus A and Y. Virology, 13: 93–97.

Kerlan, C., Tribodet, M., Glais, L. and **Guillet, M.** (1999): Variability of potato virus Y in potato crops in France. J. Phytopathology, 147: 643–651.

López-Moya, J.J., Wang, R.Y. and **Pirone, T.P.** (1999): Context of the coat protein DAG motif affects potyvirus transmissibility by aphids. J. Gen. Virology, 80: 3281–3288.

Maia, I.G., Haenni, A-L. and **Bernardi, F.** (1996): Potyviral HC-Pro: a multifunctional protein. J. Gen. Virology, 77: 1335–1341.

Moreno, A., Hébrard, E., Uzest, M., Blanc, S. and **Fereres, A.** (2005): A single amino acid position in the helper component of cauliflower mosaic virus

can change the spectrum of transmitting vector species. J. Virology, 79: 13 587–13 593.

Nie, X. and **Singh, R.** (2002): A new approach for the simultaneous differentiation of biological and geographical strains of *Potato virus Y* by uniplex and multiplex RT-PCR. J. Virol. Meth., 104: 41–54.

Pirone, T.P. (1991): Viral genes and gene products that determine insect transmissibility. Seminars in Virology, 2: 81–87.

Pirone, T.P. and **Blanc, S.** (1996): Helper-dependent vector transmission of plant viruses. Ann. Rev. Phytopathol., 34: 227–247.

Romero, A., Blanco-Urgoiti, B., Soto, M.J., Fereres, A. and **Ponz, F.** (2001): Characterization of typical pepper-isolates of PVY reveals multiple pathotypes within a single genetic strain. Virus Res., 79: 71–80.

Sasaya, T., Torrance, L., Cowan, G. and **Ziegler, A.** (2000): Aphid transmission studies using helper component proteins of *Potato virus Y* expressed from a vector derived from *Potato virus X.* J. gen. Virol., 81: 1115–1119.

Shukla, D.D. and **Ward, C.W.** (1989): Structure of potyvirus coat protein and its application in the taxonomy of the potyvirus group. Adv. Virus Res., 36: 273–315.

Shukla, D.D., Ward, C.W. and **Brunt, A.A.** (1994): The Potyviridae. Cambridge University Press, Cambridge.

Siegvald, R. (1984): The relative efficiency of some aphid species as vectors of potato virus Y^O (PVY^O). Potato Research, 27: 285–290.

Singh, R.P. (1998): Reverse-transcription polymerase chain reaction for the detection of viruses from plants and aphids. J. Virological Methods, 74: 125–138.

Singh, R.P., Valkonen, J.P.T., Gray, S.M., Boonham, N., Jones, R.A.C., Kerlan, C. and **Schubert, J.** (2008): Discussion paper: The naming of *Potato virus Y* strains infecting potato. Arch. Virology, 153: 1–13.

Swenson, K.G., Sohi, S.S. and **Welton, R.E.** (1964): Loss of transmissibility by aphids of bean yellow mosaic virus. Ann. Entomol. Soc. Am., 57: 378–382.

Szirmai, J. (1958): A burgonya Y-vírusának érbarnulást okozó törzse dohánykulturákban. Növénytermelés, 7: 341–350.

Thole V., Dalmay T., Burgyán J. and **Balázs, E.** (1993) Cloning and sequencing of potato virus Y (Hungarian isolate) genomic RNA. Gene, 123: 149–156.

Urcuqui-Inchima, S., Haenni, A. and **Bernardi, F.** (2001): Potyvirus proteins: a wealth of functions. Virus Res., 74: 157–175.

Walsh, K., North, J., Barker, I. and **Boonham, N.** (2001): Detection of different strains of Potato virus Y and their mixed infections using competitive fluorescent RT-PCR. Journal of Virological Methods 91: 167–173.

Wang, R.Y., Powell, G., Hardie, J. and Pirone, T.P. (1998): Role of the helper component in vector-specific transmission of potyviruses. J. Gen. Virology, 79: 1519–1524.

Watson, M.A. (1960): Evidence for interaction or genetic recombination between potato virus Y and C in infected plants. Virology, 10: 211–232.

White, J.L. and **Kaper, J.M.** (1989): A simple method for detection of viral satellite RNA in small tissue samples. Journal of Virological Methods, 23: 83–94.

Weilguny, H. and **Singh, R.P.** (1998): Separation of Slovenian isolates of PVY^{NTN} from the North American isolates of PVY^N by 3-primer PCR. J. Virological Methods, 71: 57–68.

MOLECULAR ANALYSIS OF POTATO VIRUS Y ISOLATES WITH DIFFERENT APHID TRANSMISSIBILITY

Asztéria Almási[1], I. Tóbiás[1], Zsuzsanna Basky[1] and **L. Palkovics[2]**
[1]Plant Protection Institute HAS, H-1525 Budapest, P.O.Box 102
[2]Corvinus University Budapest, Faculty of Horticultural Science, Department of Plant Pathology

PVY-98 and PVY-5 isolates of PVY (belong to PVY^N and PVY^O strain groups, respectively) varying significantly in aphid transmissibility, were studied. Molecular sequences of the helper component protease (HC-Pro) and coat protein (CP) genes – both involved in aphid transmission – were compared. HC-Pro and CP genes of PVY-98 and PVY-5 isolates were amplified by RT-PCR. The amplified PCR fragments were cloned into pGEM-T (Promega) vector. DNA sequences were obtained with the DyeDeoxy Terminator kit using reverse, universal and internal primers. For both isolates high sequence similarity of HC-Pro (98% and 99% for nucleotide and amino acid, respectively) was observed. Lower homology was detected for CP gene; 91% and 94% nucleotide and amino acid similarity, respectively. KITC and PTK conserved motifs of HC-Pro and DAG triplet of CP were present in both isolates. PVY-98 and PVY-5 isolates differing in aphid transmissibility contain the same KITC, PTK and DAG motifs. According to our results aphid transmission is determined not only by the three viral domains but other factors, as well.

SZOLGÁLJA-E A MEZŐGAZDASÁG ÉRDEKÉT A TERVEZETT ÚJ UNIÓS SZABÁLYOZÁS?

Az Európai Parlament második olvasatban kezdi tárgyalni a növényvédő szerek forgalomba hozataláról, engedélyezéséről szóló rendelet tervezetét. Ez év nyarán, a miniszterek

Tanácsában elfogadott szöveget Magyarország nem szavazta meg: nem értett egyet egyes, az engedélyezést korlátozó és kellően meg nem alapozott feltételekkel, valamint az országok sajátosságait figyelembe nem vevő, zónákon belül kötelező engedélyezéssel.

A Tanács és a Bizottság által benyújtott közös tervezethez az Európai Parlament Környezetvédelmi Bizottsága több mint 300 módosító indítványt fogadott be, melyeket november elején vitatnak meg.

A Környezetvédelmi Bizottság sem ért egyet a kötelező zónás engedélyezéssel, s ezt örömmel nyugtázzuk. Azonban a jelenlegi szigorú jóváhagyási rendszerhez képest is további kizáró feltételeket kívánnak életbe léptetni, melyek valójában nem csökkentik jelentősen a humán- és környezetvédelmi kockázatokat, ugyanakkor egyes területeken lehetetlen helyzetbe hozzák a mezőgazdasági termelőket és fogyasztókat, gyengítik egész Európa mezőgazdaságának versenyképességét.

A Magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara, a Gabonatermesztők Országos Szövetsége és a Növényvédőszer-gyártók és Importőrök Szövetsége Egyesület október 28-án a Novotel Budapest Congressben tartott tanácskozásának előadói kifogásolták, hogy sem a Bizottság, sem a Parlament nem készíttetett olyan hatástanulmányt, amely a növényvédő szer választékot drasztikusan csökkentő indokolatlan és tudománytalan szigorítások hatását a mezőgazdasági termelésre áttekintette volna. Egyes tagországok – köztük Magyarország is – végeztek saját felméréseket, és növénykultúrától, károsítótól függően 30–90%-os szerválaszték csökkenést jeleztek azzal, hogy több kultúrában akár 60–70%-os terméscsökkenéssel és gyakorlatilag ugyanilyen áremelkedéssel lehet számolni. Az ún. kizáró kritériumok alapján visszavonandó szerek hiánya miatt az európai mezőgazdaság versenyképessége romlik, Európa nettó mezőgazdasági exportálóból nettó importőr lesz, ennek az összes, élelmiszerbiztonságot hátrányosan érintő következményével együtt.

A tudományosan meg sem határozható „endocrin disruptor" anyagok kizárása alapjaiban rendíti meg a növényvédelem lehetőségeit, rezisztenciaveszélyt okoz, fokozza a gabonafélékben az életveszélyes toxinok megjelenését.

Ha a növényvédő szerek hozzáférhetősége megnehezül, az óriási lépés lesz a genetikailag módosított növények engedélyezése és elterjedése felé egész Európában.

A hármas zónarendszeren belüli kötelező kölcsönös elismerés nem biztosítja a kellően hatékony, de a legkisebb szükséges vegyszerterheléssel járó technológiák kidolgozását.

A rendező szervezetek azt kérték az Európai Parlament magyar képviselőitől, hogy pártállástól függetlenül támogassák a széleskörű hazai egyeztetésre épült hivatalos magyar álláspontot, álljanak ellen a témát körüllengő, esetenként tudományosan nem kellően megalapozott hangulati elemeknek és vessék el az újabb engedélyezési kritériumok beépítését az európai rendszerbe.

Óvtak attól, hogy az engedélyezési rendelettel párhuzamosan tárgyalt, a növényvédő szerek fenntartható használatával kapcsolatos irányelvben a bizonyítottan megbukott dán modell mintájára adminisztratív úton, egységesen, konkrét felhasználás-csökkentési célszámokat határozzanak meg. Ugyanakkor üdvözölték azokat a szaktudásra, kereskedelemre, kijuttató gépek ellenőrzésére, integrált védekezésre vonatkozó javaslatokat, melyeket Magyarországon gyakorlatilag évtizedek óta alkalmaznak.

Budapest, 2008. október 29.

NSZ Egyesület

KUKORICA CSÍKOS MOZAIK VÍRUS- (MDMV) POPULÁCIÓK MOLEKULÁRIS ANALÍZISE*

Gell Gyöngyvér[1,2], Petrik Kathrin[2], Divéki Zoltán[2] és **Balázs Ervin[2]**
[1]Szent István Egyetem Biológia Tudományi Doktori Iskola, 2100 Gödöllő, Páter Károly u. 1.
[2]MTA Mezőgazdasági Kutatóintézete, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

A potyvírusok családjába tartozó kukorica csíkos mozaik vírus (Maize dwarf mosaic virus, MDMV) *az egyszikű növények egyik legjelentősebb kórokozója. Az MDMV genetikai állományának nagyfokú változékonysága és ennek lehetséges patológiai következményei figyelmünket a vírus tüneti determinánsainak és populációjának részletesebb elemzésére irányította. Vizsgálataink a köpenyfehérjét kódoló régió összehasonlító analízisére terjednek ki.*

A Potyviridae családba tartozó kukorica csíkos mozaik vírus *(Maize dwarf mosaic virus, MDMV)* előfordulását először a hatvanas években regisztrálták az Egyesült Államokban, majd hamarosan hazánkban is leírták (Szirmai és Paizsné 1963). Gazdanövényei a fenyércirok, köles, cirokfajok, valamint a kukorica. Az MDMV maggal, mechanikai úton, valamint levéltetűvel nem perzisztens módon terjed.

A vírusfertőzésre a különböző kukoricafajták eltérő érzékenységűek, általánosan megfigyelhető a mozaiktünetek kialakulása, törpülés, gyengén fejlett címer és rosszul kötött termés. A vírusfertőzés által okozott terméskiesés elérheti a 42%-ot is (Peti 1983, Sum és mtsai 1979, Szirmai 1968). Figyelembe véve, hogy a fertőzöttség mértéke fajtánként akár 80% is lehet (Tóbiás és mtsai 2003), az MDMV kártétele gazdasági szempontból igen jelentős.

A vírus elleni védekezés legegyszerűbb módjai a megfelelő termesztési technológia, az MDMV-t terjesztő rovarvektorok *(Myzus persicae, Rhopalosiphum maydis, Schizaphis graminum).* populációjának gyérítése, illetve a vírusrezervoárként szolgáló egyszikű gyomok (fenyércirok, *Sorghum halepense* (L.) Pers) irtása. Az MDMV elleni védekezés másik lehetséges módja toleráns illetve rezisztens kukoricafajták kialakítása nemesítéssel. Klasszikus nemesítési folyamatban a rezisztencia leggyakoribb, de nem kizárólagos forrása a kukorica genomjában természetesen is megtalálható *Mdm1* gén, amely a hatodik kromoszóma rövid karján, az endospermium színét meghatározó Y1 lokuszhoz kapcsoltan helyezkedik el (Scott és Louie 1996, Simcox és mtsai 1995). Vírus elleni rezisztencia elérhető molekuláris nemesítési módszerekkel is, ilyenkor a vírus köpenyfehérjéjét (*coat protein*, CP), vagy annak egy darabját építik be a növény genomjába. Ez az úgynevezett kórokozó alapú rezisztencia (*pathogen-derived resistance,* PDR) sikerrel alkalmazható az MDMV esetében is, sőt az MDMV köpenyfehérjét termelő növény nem csak az MDMV, hanem az MDMV-MCMV *(Maize chlorotic mottle virus)* kevert fertőzéssel szemben is ellenállóvá válik (Murry és mtsai 1993). Mivel Magyarország Európa negyedik legnagyobb kukoricatermelője, hazánkban is erőfeszítések folynak mind a vírus kártételének és a védekezés lehetőségeinek kutatása, mind a rezisztens kukoricafajták nemesítése terén (Gáborjányi és

* Szerzők e munkájukat Beczner László emlékének ajánlják

mtsai 1992, Hoang és Gáborjányi 1991, Milinkó 1997, Milinkó és mtsai 1979, Kovács és mtsai 1998, Kovács és mtsai 1994, Tóbiás és Palkovics 2004).

Az MDMV a trópusi fűféléket fertőző potyvírusok csoportjába tartozik (Shukla és mtsai 1989). Ezek az egymással szerológiailag rokon vírusok a cukornád mozaik vírus (*Sugarcane mosaic virus,* SCMV), a fenyércirok mozaik vírus (*Johnsongrass mosaic virus,* JGMV), a cirok mozaik vírus (*Sorghum mosaic virus,* SrMV), az MDMV, valamint a közelmúltban Izraelben azonosított kukorica mozaik vírus (*Zea mosaic virus,* ZeMV, Seifers és mtsai 2000). A növényi vírusok többségéhez hasonlóan az MDMV örökítő anyaga egyszálú, pozitív orientációjú RNS, amely tíz fehérjét kódol. A körülbelül 9,5 kb hosszúságú, egyetlen szegmensből álló vírusgenom szerveződése követi a potyvírusok általános felépítését. A vírus RNS 5' végéhez kovalensen kapcsolódó fehérje (VPg) feltehetően az eukarióta mRNS-eken mindig meglévő diguanozin sapkát helyettesíti, ezáltal segít a vírus RNS-transzlációjának elindításában (Andino és mtsai 1999), az RNS 3' végén poliadenilált farok található. A vírus genetikai állománya egyetlen hosszú fehérjét (poliprotein) kódol, mely először autoproteolízissel, majd a szabaddá váló, proteáz aktivitású P1, HC-Pro és NIa fehérjék által esik szét egyedi vírusfehérjékre (Urcuqui-Inchima és mtsai 2001). A köpenyfehérje központi szakasza főleg az enkapszidációban vesz részt, a változékonyabb aminosav-sorrendű N-és C-terminális doméneknek a vírus rövid és hosszú távú mozgásában van szerepe (Dolja és mtsai 1994). Az N-terminális doménben található a levéltetűvel való átvihetőségért felelős DAG aminosav-motívum (Harrison és Robinson 1988). A köpenyfehérje számos funkciói között szerepel még a vírusreplikáció szabályozása, a gazdafaktorokkal való kapcsolata révén a vírus egyik fontos tüneti és gazdaspecifitás determinánsa (Hajimorad és mtsai 2003, Hong és mtsai 1995).

Természetes körülmények között a potyvírusok genetikai állománya – más RNS vírusokéhoz hasonlóan – rendkívül változékony, a vírusgenom evolúciójában és az új gazdanövényekhez való adaptációjában központi szerepet játszanak a mutációs, illetve az intra- és intermolekuláris átrendeződési (rekombinációs) folyamatok (Tomimura és mtsai 2003). A genetikai állomány plasztikussága lehetővé teszi az MDMV-vel szemben ellenálló kukoricafajták rezisztenciájának áttörését. Tóbiás és Palkovics számolt be az MDMV-toleráns 'Dallas' fajtán megjelenő, az MDMV tüneteit mutató vírusbetegségről, melyről szerológiai és molekuláris biológiai vizsgálatok során bebizonyosodott, hogy valóban a kukorica csíkos mozaik vírus volt a kórokozó (Tóbiás és Palkovics 2004, Tóbiás és mtsai 2003). Az izolátum köpenyfehérje régiójának nukleotidsorrendjét meghatározták, ebből következtettek a CP aminosavsorrendjére. Arra a meglepő eredményre jutottak, hogy a 'Dallas' fajtáról izolált vírus köpenyfehérjéje az N-terminális szakaszon egy 13 aminosavból álló inszerciót hordoz, mely feltehetően hozzájárult a toleráns fajta sikeres fertőzéséhez.

Anyag és módszer

A 2006 és 2007-ben mintáinkat két, földrajzilag jól elkülönülő területről, a szegedi Gabonatermesztési Kht. tenyészkertjéből kukoricáról (*Zea mays* L. convar. saccharata), fenyércirokról (*Sorgum halepense* (L.) Pers) és szemes cirokról (*Sorghum bicolor* (L.) Moench), valamint a martonvásári tenyészparcellákról gyűjtöttük.

A levelekből Qiagen RNeasy Plant Mini Kittel RNS-t vontunk ki. A kinyert RNS minőségét gél-elektroforézissel ellenőriztük, mennyiségét pedig spektrofotometrikus úton határoztuk meg, majd a Fermentas cég RevertAid First Strand cDNA Synthesis kitjével oligo dT nukleotid primerrel reverz transzkripciót végeztünk.

Az egyszálú cDNS-ből a PCR primer [d2] pár (MDMV 8198 fwd 5' AAA CCG GTG GYT RCT YGA ART GC 3'; MDMV3'–5' ATC CTA GGT TTT TTT TTT TTT TTT TTT TTT TTT GTC 3') a 3' nem kódoló régiót, a köpenyfehérjét kódoló régiót és az NIb mintegy 323 bp hosszúságú szakaszát szaporította fel (~1317 bp).

A huszonkét szegedi izolátum mindegyike tartalmazta a kukorica csíkos mozaik vírust, de

a martonvásári harminchárom minta közül csak tizenegyből tudtuk az MDMV-t kimutatni. A PCR-rel felszaporított és gélből visszaizolált DNS-fragmentumokat pLitmus28 vektor megfelelő klónozó helyére illesztettük be ragadós végű ligálással. A ligátumokat TOP10 (Invitrogen) hőkompetens sejtekbe transzformáltuk, majd kék-fehér szelekcióval választottuk ki az inszertet tartalmazó klónokat. A valóban pozitívnak bizonyuló minták DNS-tartalmát spektrofotometriával mértük, végül meghatároztuk bázissorrendjüket.

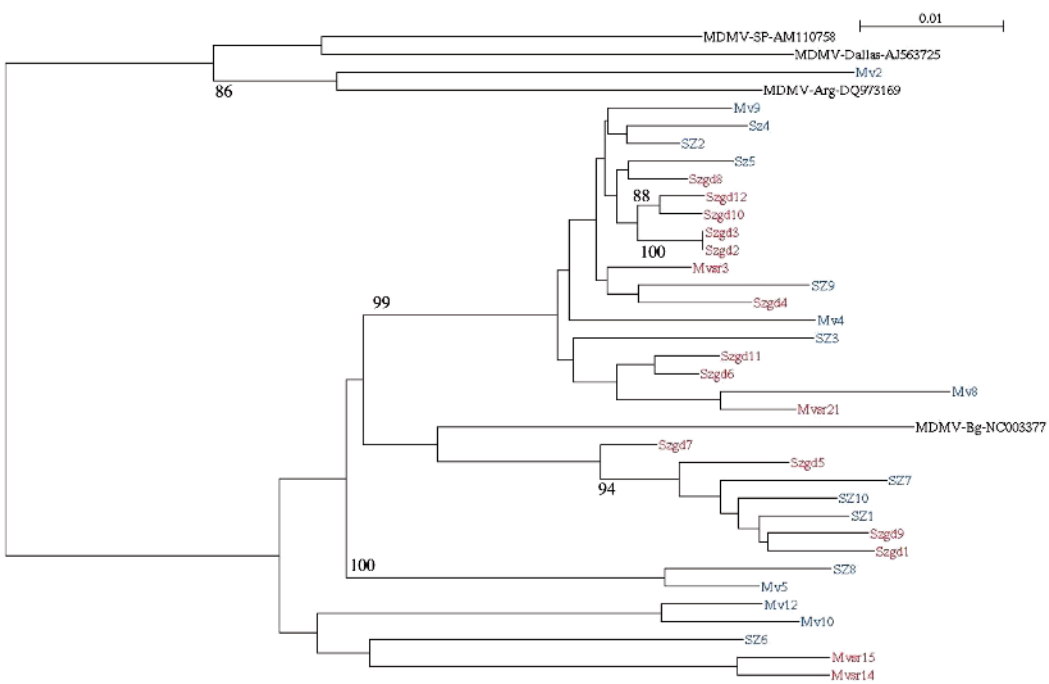
A nukleinsav, illetve az *in silico* következtetett CP aminosavszekvencia-adatokból ClustalX és NJplot programokkal elkészítettük a törzsfát, amely összesen harminchét MDMV izolátumszekvenciát tartalmaz, ebből négy az NCBI génbank adatbázisból származik (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/). Ezek a szekvenciák és regisztrációs számaik a következők: MDMV-Dallas (AJ563725), MDMV-SP (AM110758), MDMV-Arg (DQ973169) és MDMV-Bg (NC003377).

Eredmények és megvitatásuk

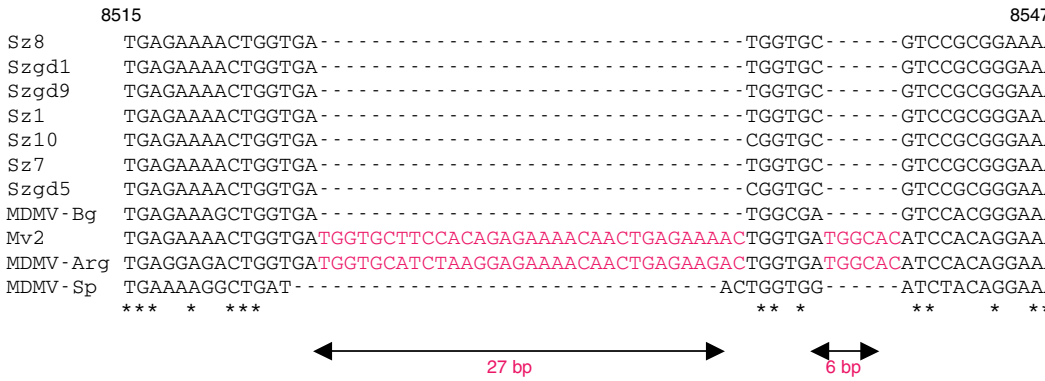
A 2006-ban és 2007-ben gyűjtött, összesen harminchárom MDMV-izolátumból és génbanki adatbázisból származó négy MDMV köpenyfehérjegénből ClustalX és NJplot programokkal elkészítettük a két év egyesített molekuláris törzsfáját *(1. ábra)*. Az izolátumok közti eltérés 1,2%–11,5%-ig terjed.

Az ábrán jól látható, hogy az izolátumok a mintagyűjtés évétől és földrajzi helyétől függetlenül oszlanak el a törzsfán. Kivétel egy martonvásári izolátum (Mv2), amely az Argentin izolátummal jól elkülönülő csoportot alkot a törzsfán. Ez annak köszönhető, hogy a Mv2-es izolátum hordoz egy 33bp hosszúságú, az Argentin izolátummal teljesen megegyező inszertet, ami az összes többi hazai izolátumban nem található meg *(2. ábra)*.

A Mv2-es és a Szdg12-es izolátumok tíz-tíz klónjának nukleinsavsorrendjét meghatároztuk, ennek alapján elmondható, hogy az egyes



1. ábra. 2006–2007-ben gyűjtött MDMV-izolátumok köpenyfehérjegénjeinek egyesített molekuláris törzsfája. Szgd: mintavétel Szegeden 2006; Mvsr: Mintavétel Martonvásáron 2006, Sz: Mintavétel Szegeden 2006, Mv: mintavétel Martonvásáron 2007. A valószínűségi értékek 85% felett vannak feltüntetve



2. ábra. 2007-ben begyűjtött martonvásári izolátum (Mv2) az MDMV Argentin izolátuméval megegyező, a többi hazai izolátumból teljesen hiányzó 33bp hosszúságú inszertet tartalmaz. Az összehasonlítást ClustalX programmal végeztük (http://bips.u-strasbg.fr/fr/Documentation/ClustalX/)

izolátumokon belül nincs szekvenciadiverzitás. A két év folyamán gyűjtött izolátumok részleges molekuláris jellemzésének eredményei arra utalnak, hogy a két, földrajzilag jól elkülönülő helyen meglévő víruspopulációban nincs szignifikáns különbség.

Köszöntenyilvánítás

Szerzők ezúton köszönik meg *Toldiné Tóth Éva,* (Gabonatermesztési Kutató Kht., Szeged) segítségét az izolátumok gyűjtésében. Munkánkat az *OTKA NI 61023 és 60903* támogatta.

IRODALOM

Andino, R., Boddeker, N. and **Gamarnik, A. V.** (1999): Intracellular determinants of picornavirus replication. Trends in Microbiol., 7: 76–82.

Dolja, V.V., Haldeman, R., Robertson, N.L., Dougherty, W.G. and **Carrington, J.C.** (1994): Distinct functions of capsid protein in assembly and movement of tobacco etch potyvirus in plants. EMBO J., 13: 1482–1491.

Gáborjányi, R., Hoang, N.D. and **Kovács G.** (1992): Resistance of maize inbred lines and sorghum species to potyviruses found in Hungary. Cereal Res. Comm., 20: 131–137.

Hajimorad, M.R., Eggenberger, A.L. and **Hill, J.H.** (2003): Evolution of Soybean mosaic virus-G7 molecularly cloned genome in Rsv1-genotype soybean results in emergence of a mutant capable of evading Rsv-1 mediated recognition. Virology, 314: 497–509.

Harrison, B.D. and **Robinson, D.J.** (1988): Molecular variation in vector-borne plant viruses: epidemiological significance. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B Biol. Sci., 321: 447–462.

Hoang, N.D. és **Gáborjányi R.** (1991): A kukoricapatogén potyvírusok (kukorica csíkos mozaik vírus és cukornád mozaik vírus) és törzseik meghatározása cirokfajtákon és nemesítési vonalakon. Növénytermelés, 40: 493–498.

Hong, Y.L., Levay, K., Murphy, J.F., Klein, P.G., Shaw, J.G. and **Hunt, A.G.** (1995): A potyvirus polymerase interacts with the viral coat protein and VPg in yeast-cells. Virology, 214: 159–166.

Kovács, G., Gáborjányi, R. and **Toldi, É.** (1994): Inheritance of resistance to maize-dwarf mosaic-virus and sugarcane mosaic-virus in maize. Cereal Res. Comm., 22: 361–368.

Kovács, G., Gáborjányi, R., Vasdinyei, R. and **Toldi, É.** (1998): Resistance of maize inbred lines to maize dwarf mosaic virus and sugarcane mosaic potyviruses. Cereal Res. Comm., 26: 195–201.

Milinkó, I. (1977): Some new results on maize dwarf mosaic virus in Hungary. Acta Phytopathol. Hung., 9: 329–331.

Milinkó, I., Peti, J. and **Papp, I.** (1979): Problems and possibilities for control of maize dwarf mosaic virus in Hungary. Acta Phytopathol. Hung., 14: 127–131.

Murry, L.E., Elliott, L.G., Capitant, S.A., West, J.A., Hanson, K.K., Scarafia, L., Johnston, S., Delucaflaherty, C., Nichols, S., Cunanan, D., Dietrich, P.S., Mettler, I.J., Dewald, S., Warnick, D.A., Rhodes, C., Sinibaldi, R.M. and **Brunke, K.J.** (1993): Transgenic corn plants expressing MDMV strain-b coat protein are resistant to mixed infections of maize-dwarf mosaic-virus and maize chlorotic mottle virus. Bio-technology, 11: 1559–1564.

Peti J. (1983): A kukorica csíkos mozaik vírus kártételének vizsgálata 24 kukoricahibriden. Növényvédelem, 19: 18–25.

Scott, G.E. and Louie R. (1996): Improved resistance to maize dwarf mosaic virus by selection under greenhouse conditions. Crop Sci., 36: 1503–1506.

Seifers, D.L., Salomon, R., Marie-Jeanne, V., Alliot, B., Signoret, P., Haber, S., Loboda, A., Ens, W., She, Y.M. and **Standing, K.G.** (2000): Characterization of a novel potyvirus isolated from maize in Israel. Phytopathology, 90: 505–513.

Shukla, D.D., Tosic, M., Jilka, J., Ford, R.E., Toler, R.W. and **Langham, M.A.C.** (1989): Taxonomy of potyviruses infecting maize, sorghum, and sugarcane in Australia and the United-States as determined by reactivities of polyclonal antibodies directed towards virus-specific N-termini of coat proteins. Phytopathology, 79: 223–229.

Simcox, K.D., McMullen, M.D. and Louie R. (1995): Co-segregation of the maize-dwarf mosaic-virus resistance gene, mdm1, with the nucleolus organizer region in maize. Theor. Appl. Genet., 90: 341–346.

Sum I., Sebestyén E., Papp I. és Liszt A. (1979): A kukorica törpe mozaik vírus hatása 15 kukoricahibridre. Növénytermelés, 28: 309–315.

Szirmai, J. (1968): The occurrence of stripe mosaic disease of maize in Hungary and possibilities of breeding for virus resistance. Acta Phytopathology Hung., 3: 189–198.

Szirmai J. és **Paizs L.-né** (1963): A kukorica csíkos mozaik betegsége. Növénytermelés, 12: 43–50.

Tóbiás, I. and **Palkovics, L.** (2004): An unusual feature at the N-terminal end of the coat protein of Maize dwarf mosaic virus isolated in Hungary. J. of Phytopathology, 152: 445–447.

Tóbiás I., Palkovics L. és **Pereczes J.** (2003): A kukorica törpe mozaik vírus előfordulása csemegekukoricán. Növényvédelem, 39: 247–250.

Tomimura, K., Gibbs, A.J., Jenner, C.E., Walsh, J.A. and **Ohshima, K**. (2003): The phylogeny of Turnip mosaic virus; comparisons of 38 genomic sequences reveal a Eurasian origin and a recent 'emergence' in east Asia. Mol. Ecol., 13: 2099–2111.

Urcuqui-Inchima, S., Haenni, A.L. and Bernardi, F. (2001): Potyvirus proteins: A wealth of functions. Virus Res. 74: 157–175.

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF *MAIZE DWARF MOSAIC VIRUS* (MDMV) POPULATIONS

Gyöngyvér Gell[1], Kathrin Petrik[2], Z. Divéki[2] and **E. Balázs[2]**

[1]Szent István University Graduate School, H-2100 Gödöllő, Práter Károly u. 1.

[2]Agricultural Research Institute, H-2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

One of the most important virus diseases of monocotyledonous plants is caused by the *Maize dwarf mosaic virus* (MDMV). In this study a partial molecular analysis is presented as the biological diversity of this virus is well known and due to this fact genetic changes in MDMV populations could have a significant impact on maize cultivation. This analysis was focused on the coat protein gene region of the viral genome as usually this region is used to induce pathogen derived resistance in host plants by genetic engineering. Based on nucleic acid sequence data collected in 2006 and 2007 in two distinct regions of Hungary, the coat protein region proved to be relatively stable in the analysed MDMV populations.

MTA AGRÁRTUDOMÁNYOK OSZTÁLYÁNAK NÖVÉNYVÉDELMI BIZOTTSÁGA
MAE NÖVÉNYVÉDELMI TÁRSASÁGA

Kedves Kolléganő, Kedves Kolléga!

Az MTA Agrártudományok Osztályának Növényvédelmi Bizottsága, valamint a MAE Növényvédelmi Társasága – együttműködve az FVM Élelmiszerlánc-felügyeleti Főosztályával (FVM ÉFF) – megrendezi az

„55. NÖVÉNYVÉDELMI TUDOMÁNYOS NAPOK"-at,

melynek időpontja: **2009. február 24.**

Az egyes szekcióülések (Növénykórtan, Agrozoológia, valamint Gyomnövények, gyomirtás) helyszíne az **MTA székháza** (1051 Budapest, Roosevelt tér 9.) lesz. Számítógépes projektor használatára valamennyi teremben lehetőség lesz. A rendezvényre **csak olyan előadással**, illetve **poszterrel** lehet jelentkezni, amely **más szakmai fórumon** a tanácskozást megelőzően **nem szerepelt** és **nincs is bejelentve** (pl. Keszthelyi Növényvédelmi Fórum 2009. januárjában), azaz, az ismertetni kívánt tudományos eredmények ezen alkalommal hangzanak el első ízben. Amennyiben előadást kíván tartani, vagy posztert szeretne bemutatni, szíveskedjék annak rövid összefoglalóját **e-mailben** (janos.m@maicee.com), valamint nyomtatott formában is **2008. november 20-ig** ***dr. Molnár János*** *részére az* **"55. Növényvédelmi Tudományos Napok"** megjelöléssel az ***MAICEE, 1037 Budapest, Montevideo u. 6.*** címre eljuttatni. **Kérjük a határidő betartását!**

Az összefoglaló tömören és tagoltan (célkitűzés, módszer, eredmény) tartalmazza a munka megértéséhez szükséges információkat. A jelentkezések elfogadásáról a NT illetékes szakosztályainak elnökeiből és titkáraiból álló szakmai bizottság dönt, és a döntésről minden jelentkezőt értesít. Az adott szakmai bizottságnak jogában áll átsorolni az előadásra beküldött anyagot a poszter szekcióba, ha úgy ítéli meg, hogy a jelentkezők által beküldött előadások száma meghaladja a konferencia rendelkezésére álló időkeretet. A tudományos napok anyagából megjelentetett kiadványban nemcsak az ott elhangzó, hanem valamennyi, a konferenciára elfogadott összefoglaló szerepel majd. **Kérjük annak jelzését, hogy a konferencia nyomtatott kiadványára fizetés ellenében igény tart! A tavalyi ár 800 Ft volt, a tervezett ár 900 Ft.**

A közlemények egységes megjelenítése érdekében kérjük a szerzőket, hogy az összefoglalókat A/4-es méretben, a lapszélektől 2,5 cm-es távolságot tartva, szimpla sorközzel, 12-es betűmérettel, Times New Roman betűtípussal, **Word** dokumentumként, **.doc** kiterjesztéssel, **csatolt fájlként (!)**, a formai követelményekre ügyelve (*cím nagy betűvel és vastagon, szerzők nagy betűvel, társszerzők egymástól vesszővel elválasztva, különböző munkahelyek esetén a név mellé számozott indexet írva, majd a munkahelyeket a szerzők sorrendjében feltüntetve*) készítsék el. Ha a jelentkezés időpontjában már ismert, hogy a munkahely neve 2009. január 1-től megváltozik, az összefoglalón már az új név szerepeljen. A tartalmi vagy formai követelményeket **figyelmen kívül hagyó,** valamint a fent megadott **határidőn túl beérkező** jelentkezéseket sajnos nem áll módunkban elfogadni.

Szíves együttműködését előre is köszönjük!

Budapest, 2008. október 20.

Dr. Kőmíves Tamás
az MTA levelező tagja
MAE Növényvédelmi Társaság elnöke

Dr. Tóth Miklós
a Mezőgazdasági tudományok doktora
MTA Növényvédelmi Bizottság elnöke

MAGYARORSZÁGI, FEHÉR AKÁCRÓL (*ROBINIA PSEUDOACACIA* L.) SZÁRMAZÓ FÖLDIMOGYORÓ SATNYULÁS VÍRUS (PEANUT STUNT VIRUS, PSV) -IZOLÁTUMOK JELLEMZÉSE*

Kiss László[1,2], Balázs Ervin[3] és **Salánki Katalin[2]***

[1]*Budapesti Corvinus Egyetem, Kertészettudományi Kar, Növénykórtani Tanszék, 1118 Budapest, Ménesi u. 44., kisslaci@uni-corvinus.hu*

[2]*Mezőgazdasági Biotechnológia Kutatóközpont, 2100 Gödöllő Szent-Györgyi A. u. 4., salanki@abc.hu*

[3]*Magyar Tudományos Akadémia Mezőgazdasági Kutatóintézete, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2., balazs@mail.mgki.hu*

*Magyarországon a földimogyoró satnyulás vírus (*Peanut stunt virus*, PSV) általánosan elterjedt pillangós virágú növényeken, többek között fehér akácon is (*Robinia pseudoacacia *L.). Munkánk során két, Gödöllőn gyűjtött, akácról származó izolátum molekuláris jellemzését és gazdanövénykör-vizsgálatát végeztük el. Megállapítottuk, hogy a két izolátum köpenyfehérjegénjének nukleinsavsorrendje jelentősen eltér az eddig ismert izolátumokétól, és ennek alapján javasoltuk, hogy egy új, különálló alcsoportot hozzunk létre.*

Az izolátumok gazdanövénykör tekintetében több esetben nem vagy csak látensen fertőzték a kórokozó általánosan ismert gazdanövényeit. Ez az eredmény valószínűleg a kórokozó fehér akáchoz történt adaptációjával magyarázható.

A *Cucumovirus* nemzetségbe tartozó földimogyoró satnyulás vírus (*Peanut stunt virus*, PSV) a pillangós virágú növények jelentős kórokozója világszerte. A PSV-partikulumok izometrikus alakúak, a köpenyfehérje-burok tartalmazza az egyszálú, pozitív orientációjú RNS genomot. A három genomi RNS öt fehérjét határoz meg (Palukaitis és García-Arenal 2003).

A kórokozó megjelenését Troutman (1966) közölte elsőként az Egyesült Államokban földimogyoróról, majd egyéb előfordulásáról is számos irodalmi adat jelent meg a múlt század 60-as 70-es éveiben. A PSV a világon Afrikában, Amerikában, Ázsiában és Európában általánosan elterjedt (Troutman 1966, Tsuchizaki 1973, Fisher és Lockhart 1977, Beczner és mtsai 1978, Diaz-Ruiz és mtsai 1979). Az eddigi eredmények alapján a PSV mintegy 16 növénycsaládba tartozó 73 fajt képes lokálisan vagy szisztemikusan fertőzni (Mink és mtsai 1969, Milbrath és Tolin 1977). Gazdanövényei között található a pillangós virágú növények mellett a hazai zöldségtermesztés szempontból is jelentős paprika (*Capsicum annuum* L.), paradicsom (*Lycopersicon esculentum* Mill.) és az uborka is (*Cucumis sativus* L.) (Mink 1972). A kórokozó természetes terjedését levéltetű vektorok segítik nem perzisztens módon. Vírusátviteli vizsgálatok az *Aphis craccivora* Koch, *A. spiraecola* Patch és a *Myzus persicae* Suzler jelentőségét igazolták (Fisher és Lockhart 1977).

A PSV hazai előfordulásáról Beczner és Devergne (1979) számolt be először, egy Putnok környékén gyűjtött vörösheréről (*Trifolium pratense* L.) származó izolátum (PSV-Tp) jellemzése során. Részletes tesztnövénykör- és szerológiai vizsgálatokkal megállapították, hogy az általuk gyűjtött PSV-Tp az akkor ismert két PSV alcsoporttól szerológiailag nagymértékben különböző új alcsoport izolátumának tekinthető.

*Szerzők e dolgozatukat Beczner László emlékének ajánlják

A PSV-izolátumok csoportosítása

PSV-izolátumok tesztnövénykör-vizsgálata, valamint szerológiai és molekuláris biológiai jellemzése a kórokozó nagymértékű heterogenitását bizonyította. Richter és mtsai (1987) PSV izolátumok esetében 6 szerotípus elkülönítését javasolták. Jelenleg a PSV-nek négy alcsoportja ismert, ez alcsoportok megbízható elkülönítése a vírusgenom nukleinsavsorrend-azonosság alapján történt. Egy alcsoportba azokat az izolátumokat sorolják, amelyek nukleinsavsorrendje 90%-nál nagyobb azonosságot mutat egymással. Külön alcsoportba pedig a 70 és 80% közötti nukleinsavsorrend-azonosságú izolátumok kerülnek (Hajimorad és mtsai 1999). A PSV-nek a vírusgenom nukleinsavsorrend-homológia alapján a következő alcsoportjai ismertek (a zárójelekben néhány, az adott alcsoportba tartozó izolátumot tüntettünk fel): a PSV I-es (PSV-Er, PSV-J) és II-es (PSV-W) alcsoport, ide tartozó izolátumokat főleg az Egyesült Államokban írták le (Mink és mtsai 1969, Mink 1972, Hu és mtsai 1997). A III. alcsoportba tartozó izolátumok Kínából származnak, (PSV-Mi, PSV-S) (Xu és mtsai 1998, Yan és mtsai 2005). A IV. alcsoportba jelenleg egy magyarországi fehér akácról származó izolátum tartozik, melynek tipikus képviselője a dolgozatunkban is szereplő PSV-Rp (Kiss és mtsai 2008).

A PSV fehér akácról származó izolátumait sokáig mint külön vírust tartották számon Robinia mosaic virus (RoMV) néven. (Schmelzer 1971). Militao és mtsai (1998) akácnövényről származó izolátumot vizsgálva, Northern blot analízis segítségével megállapították, hogy a kórokozó izolátuma az I-es és II-es alcsoportba sem sorolható be. Ebben a munkánkban két magyarországi fehér akácról származó PSV-izolátum molekuláris, bioinformatikai és tünettani jellemzését végeztük el.

Anyag és módszer

Vírusizolálás, -tisztítás és a gazdanövénykör vizsgálata

A PSV izolátumokat Gödöllőn, enyhe mozaik és levéldeformáció tüneteket mutató fehérakác-növényekről gyűjtöttük 2002-ben (PSV-Rp) és 2007-ben (PSV-Rp2). A vizsgált izolátumokat többszöri *Chenopodium quinoa* Willd. növényen végzett egy léziós passzálást követően *Nicotiana benthamiana* Domin. tesztnövényeken szaporítottuk fel.

A fertőzött növényekből 21 nappal az inokuláció után Lot és mtsai (1972) módszerével virionT tisztítottunk, majd az RNS-kivonást fenol-kloroformos extrakcióval és ethanolos kicsapással végeztük.

A növények fertőzéséhez inokulumként tisztított virionT használtunk 50 μg/ml koncentrációban, melyet steril inokuláló pufferben (5 mM glicin, 3 mM K_2HPO_4, 1% cellit, 1% bentonit) üvegspatulával vittünk fel a növények leveleire.

A fertőzéseket levéltetvektől mentes, általános növényházi körülmények között végeztük, 5 növénycsalád 20 faján/fajtáján. Minden esetben 6 növényt fertőztünk két vagy több leveles állapotban. A növényeket tünettanilag a fertőzést követő 1 hónapon keresztül vizsgáltuk vizuális és Northern blot analízis módszerével.

Molekuláris és bioinformatikai vizsgálatok

A PSV-Rp2 esetében nem állt rendelkezésünkre szekvenciaadat, ezért a tisztított PSV-Rp2 vírus RNS-ből RT-PCR technika segítségével kiemeltük az izolátum köpenyfehérjegénjét tartalmazó nukleinsavszakaszt. A vizsgálatokhoz az általunk meghatározott, PSV CP-jére specifikus uniPSV5' (szenz: 5'-ggctgcagccttt-gggttcaattcc-3') és uniPSV3' (antiszenz: 5'-ggatcgatagctggatggacaaccc-3') primerpárt használtuk a következő paraméterek mellett: 94 ºC 30s, 60 ºC 30s, 72 ºC 1 min, 30 cikluson keresztül. (Az indítószekvenciákban aláhúzott nukleotidok a PCR-termék klónozó vektorba juttatását elősegítő restrikciós vágóhelyek (5'-*Pst*I, 3'-*Cla*I)). A 900 bázispár (bp) hosszúságú CP gént magába foglaló PCR terméket 1%-os agarózgélen detektáltuk, majd tisztítottuk (High Pure Purification Kit (Roche Diagnostics)). A tisztított DNS-minta nukleinsavsorrendjét automatizált fluoreszcens stop nukleotida módszerrel (Applied Biosystems Gene Analyzer 3100) határoztuk meg az uniPSV-5' és -3' primerekkel.

A kapott nukleinsav- és aminosavsorrendet az NCBI Blast program és az European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI) Clustal W program segítségével nemzetközi adatbankban elérhető PSV szekvenciákkal hasonlítottuk össze, majd ugyanezzel a programmal a TreeWiew 1.6.6. felületén az adatokból törzsfát készítettünk.

A növények fertőzöttségét bizonyító molekuláris vizsgálatokhoz a növények csúcsi leveleiből 14 nappal a fertőzést követően levélkorong átlagmintát vettünk, és a tünettani vizsgálatokon túl, nukleinsav-kivonást követően (White és Kaper 1989), Northern blot analízissel (Sambrook és mtsai 1989) ellenőriztük azok szisztemikus fertőzöttségét, próbaként az Rp-PSV köpenyfehérje régióját használva.

nt

aa	PSV-Rp	PSV-Rp2	PSV-Er	PSV-W	PSV-J	PSV-Mi	PSV-S
PSV-Rp		97,2	78,6	78,3	82,9	83,2	82,9
PSV-Rp2	100,0		78,9	79,1	82,9	83,6	83,6
PSV-Er	74,6	74,6		71,3	82,4	71,6	71,6
PSV-W	71,9	71,9	60,9		76,4	73,7	73,8
PSV-J	82,9	82,9	77,7	68,7		77,3	77,0
PSV-Mi	86,6	86,6	68,6	65,4	77,1		98,8
PSV-S	86,6	86,6	68,6	65,9	77,4	98,6	

1. ábra. A PSV-Rp és PSV-Rp2 izolátumok köpenyfehérje-régióinak nukleinsavsorrend- és aminosavsorrend-összehasonlítása a nemzetközi adatbankban (GenBank) található izolátumok köpenyfehérje-régióival. A nukleinsav (nt) szinten vizsgált azonossági értékek az átló felett, az aminosav (aa) szintű azonossági értékek az átló alatt találhatók. (GenBank AccNo: PSV-Er: U15730; PSV-J: D00668; PSV-Mi: AY775057; PSV-Rp: AM905355; PSV-Rp2: AM980675; PSV-S: AJ222803)

Eredmények

Korábbi munkánkban meghatároztuk a PSV-Rp három genomi RNS-ének teljes nukleinsavsorrendjét (GenBank AccNo: AM905353, AM905354, AM905355), melyet a nemzetközi szekvencia-adatbázisban található PSV-izolátumokkal összehasonlítottunk, és megállapítottuk, hogy a PSV-Rp egy új, IV. alcsoportba tartozó izolátum (Kiss és mtsai 2008).

A PSV-Rp2-t szintén Gödöllőn, fehér akácról gyűjtöttük 2007 nyarán. A két PSV-izolátum enyhe mozaiktüneteket, illetve levéldeformációt okozott fehér akácon, s a tünetetek elsősorban a fiatal leveleken voltak jellegzetesek.

Az eddig ismeretlen PSV-Rp2 köpenyfehérje (CP) génjének nukleinsavsorrendjét univerzális primer pár segítségével meghatároztuk (GenBank AccNo: AM980675). A két magyarországi CP szekvenciaadat egymással 97,2%-os nukleinsavsorrend- és 100%-os aminosavsorrend-azonosságot mutatott *(1. ábra)*. A nemzetközi adatbankban található izolátumokkal történt összehasonlítás során a nukleinsavsorrend-azonosságok 78,3–83,6% közötti értékeket mutattak. Aminosavszinten ez az azonosság 71,9–86,6% között változott *(1. ábra)*. A legnagyobb azonossági értékeket nukleinsav- és aminosavszinten is a Kínában leírt III. alcsoport izolátumaival (PSV-Mi, PSV-S) figyeltünk meg, de ez az érték is messze elmaradt az egy alcsoporton belül elvárt 90%-os értéktől. Az ismert PSV-izolátumok CP génjének nukleinsavsorrendjét felhasználva filogenetikai törzsfát készítettünk *(2. ábra)*. A törzsfán elhelyezkedő izolátumok genetikai távolságait vizsgálva egyértelműen kirajzolódik a 4 különálló PSV-alcsoport.

A kórokozó jelentősebb kísérletes és természetes gazdanövénykörének jellemzéséhez 5 növénycsalád 20 növényfaját/fajtáját fertőztük és vizsgáltuk tünettanilag *(1. táblázat)*. Gazdanövénykör tekintetében számos érdekes eredményt figyeltünk meg. A *Chenopodium* spp. esetében mindkét PSV-izolátum a fertőzött leveleken klorotikus lokális léziókat, a csúcsi leveleken jellegzetes mozaikosodást *(C. quinoa)* illetve erős levéldeformációt okozott (*C. amaranticolor* Coste and Reyn.). Ehhez hasonló tünetek korábban csak a III. kínai alcsoport izolátumain figyeltek meg (Xu és mtsai 1998), a többi alcsoportba tartozó izolátum, illetve Beczner és Devergne (1979) által vizsgált magyar izolátum esetében a PSV csak lokális tüneteket okozott (Mink 1969, Echandi és Hebert 1971). *N. glutinosa* L. fertőzése során a PSV-Rp a

1. táblázat

A PSV-Rp és a PSV-Rp2 gazdanövénykörének vizsgálata

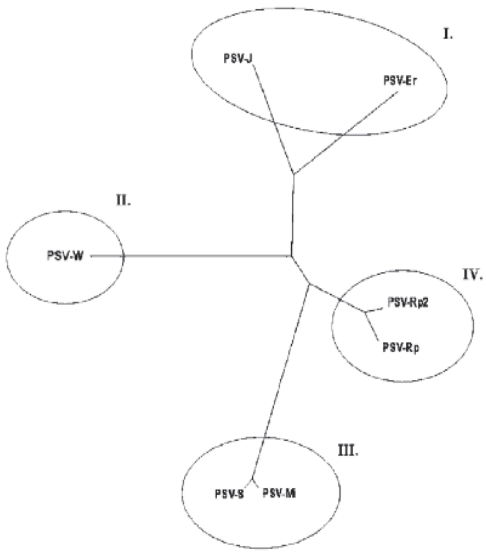
Család Faj Fajta	Tünetek*		Norhern analízis**	
	PSV-Rp	PSV-Rp2	PSV-Rp	PSV-Rp2
Chenopodiaceae				
Chenopodium quinoa Willd.	LLc/Mo	LLc/Mo	+	+
Chenopodium amaranticolor Coste and Rey	LLc/Mo, Ma	LLc/Mo, Ma	+	+
Compositae				
Zinnia elegans Jacq.	0/Mo, Stu	0/Mo	+	+
Cucurbitaceae				
Cucumis sativus L.				
cv. Market more	0/0	0/0	–	–
cv. Delicates	0/0	0/0	–	–
Leguminosae				
Arachis hypogea L.	0/Mo, Stu	0/Mo, Stu	+	+
Glycine max (L.) Merr.				
cv. Targa	0/Mo	0/Mo	+	+
Lens culinaris Medik.				
cv. Éva	0/0	0/0	+	+
Phaseolus vulgaris L.	0/0	0/0	–	–
Pisum sativum L.				
cv. Rajnai törpe	0/0	0/0	+	+
Vicia faba L.				
cv. Lippói	0/0	0/0	+	+
Vigna sinensis Savi et Hassk.				
cv. Black eye	LL/Mo	LL/Mo	+	+
Solanaceae				
Capsicum annuum L.				
cv. Bácskai fehér	0/Mo, Stu	0/Mo, Stu	+	+
Lycopersicon esculentum Mill.				
cv. Manó	0/0	0/0	–	–
cv. Kecskeméti jubileum	0/0	0/0	–	–
Nicotiana benthamiana Domin.	0/Mo, Stu	0/Mo, Stu	+	+
N. clevelandii Gray.	0/Mo, Stu	0/Mo, Stu	+	+
N. glutinosa L.	RS/0	0/Mo, RS	–	+
N. tabacum L. cv. Xanthi	RS/0	RS/0	–	–
N. debney Domin.	0/0	0/0	–	–

* Az egyes növényeken megjelenő lokális / szisztemikus tünetek
Tünettani rövidítések: 0 = nincs tünet; LL_c =klorotikus lokális lézió; Ma = deformáltság; Mo = tarkulás, mozaik; Stu =satnyulás, törpülés; RS = gyűrűsfoltosság

**Northern analízis a vizsgált növények csúcsi leveleiből a fertőzést követő 14. napon. A kórokozó jelen volt / nem volt jelen (+ / –) szisztemikusan a növényben

tesztnövényt csak lokálisan fertőzte, halvány gyűrűsfoltosságot okozva a leveleken, szisztemikus tünetek nem jelentkeztek, a PSV-Rp2 pedig szisztemikus tüneteket, a csúcsi levelek mozaikosságát és gyűrűsfoltosságot idézett elő. A cucumovírusok szisztemikus terjedésében korábban a CP szerepét találták meghatározónak (Palukaitis és García-Arenal 2003), így az aminosavszinten megegyező köpenyfehérjéjű PSV-Rp és -Rp2 eltérő szisztemikus terjedésének magyarázata további kutatásokat igényel.

A vizsgált tesztnövények közül több, gazdaságilag jelentős fajon (*Cucumis sativus, Lens culinaris* Medik., *Lycopersicon esculentum, Phaseolus vulgaris* L., *Pisum sativum* L., *Vicia faba* L.) nem jelentkeztek tünetek a fertőzést kö-



2. ábra. A GenBank nemzetközi adatbázisban megtalálható PSV-izolátumok filogenetikai törzsfája a köpenyfehérjegén nukleinsav-sorrendje alapján. (A római számok az egyes alcsoportokat jelölik)

vető egy hónapon belül. *Capsicum annuum* fertőzése során viszont jellegzetes mozaikosodást és kismértékű satnyulást figyeltünk meg a fertőzött paprikanövényeken. A Beczner és Devergne (1979) által jellemzett PSV-Tp magyar izolátum szisztemikus tüneteket okozott az előzőekben említett növényeken a *Lens culinaris* kivételével (nincs adat).

A vizsgált növények csúcsi leveleinek Northern blot analízisével megállapítottuk, hogy több esetben a kórokozó látensen, tünetek nélkül volt jelen a vizsgált növényekben *(1. táblázat)*. Ilyen látens szisztEmikus fertőzést tapasztaltunk *Lens culinaris*on, *Pisum sativum*on és *Vicia faba*n.

Megvitatás

A földimogyoró satnyulás vírusról Magyarországon az elmúlt évtizedekben viszonylag kevés publikáció született. Korábbi munkánk során megállapítottuk, hogy egy Gödöllőről, fehér akácról származó izolátum (PSV-Rp) nagymértékben eltér az eddig ismert izolátumoktól, és nukleinsavsorrendje alapján egy új alcsoportba sorolható. Emellett egy másik akácról származó izolátum (PSV-Rp2) CP génjének nukleinsavsorrendjét is meghatároztuk, ami nagymértékben hasonlított a PSV-Rp nukleinsavsorrendjéhez, és egyértelműen a IV. alcsoportba tartozó izolátumnak tekinthető. Tünettani vizsgálatok alapján a PSV-Rp és -Rp2 jelentősen eltér a Beczner és Devergne (1979) által jellemzett PSV-Tp-izolátumtól. Az eredményeket tekintve további PSV-izolátumok patológiai és molekuláris jellemzése adhat választ a tünettani eltérések genetikai hátterére, valamint a hazánkban előforduló PSV-populáció genetikai változékonyságára.

Vizsgálataink alapján izolátumainknak szűkebb a gazdanövénykörük a korábban jellemzett izolátumokénál, ez feltételezéseink szerint egyféle, a fehér akáchoz történő adaptálódás folyamatának lehet a következménye. Northern blot vizsgálattal azonban azt is megállapítottuk, hogy a PSV több esetben látensen van jelen a növényekben, s ez a tulajdonság nagymértékben segítheti a kórokozó terjedését

A cucumovírusok nemzetségében a PSV tekinthető a genetikailag legváltozékonyabb kórokozónak. A molekuláris kutatások fejlődésével egyre több adat áll rendelkezésünkre a kórokozó genetikai állományáról és evolúciós fejlődéséről. További kutatásainkban fontosnak tartjuk magyarországi fehér akácról és egyéb gazdanövényről származó további izolátumok patológiai és molekuláris jellemzését.

Köszönetnyilvánítás

Köszönettel tartozunk *dr. Beczner Juditnak,* dr. Beczner László publikációinak rendelkezésünkre bocsátásáért.

Dr. Salánki Katalin munkáját a MTA Bolyai János Kutatási Ösztöndíj támogatta.

IRODALOM

Beczner, L., Devergne, J.C. and **Vassányi, R.** (1978): Symptomatological and serological characterization of some Hungarian cucumovirus isolates. Abstr. of Papers 3. Int. Congr. of Plant Pathol. München, 16–23 Aug. 1978: 45.

Beczner, L. and **Devergne, J.C.** (1979): Characterization of a New Peanut Stunt Virus Strain Isolated from

Trifolium pratense L. in Hungary. Acta Phytopatologica Academiae Scientiarum Hungaricae, 14: 247–267.

Diaz-Ruiz, J. R. and **Kaper, J. M.** (1983): Nucleotide sequence relationship among thirty peanut stunt virus isolates determined by competition hybridization. Arch. Virol., 75: 277–281.

Echandi, E. and **Hebert T.T.** (1971): Stunt of beans incited by peanut stunt virus. Phytopathology, 61: 328–330.

Fisher, H.U. and **Lockhart, B.E.L.** (1977): Host Range and Properties of Peanut Stunt Virus from Morocco. Phytopathology, 68: 289–293.

Hajimorad, M.R., Hu, C.C., and **Ghabrial, S.A.** (1999): Molecular characterization of an atypical old world strain of Peanut stunt virus. Arch. Virol., 144: 1587–1600.

Hu, C.C., Aboul-Ata, A.E., Naidu, R.A. and **Ghabrial, S.A.** (1997): Evidence for the occurrence of two distinct subgroups of peanut stunt cucumovirus strains: molecular characterization of RNA3. J. Gen. Virol., 78: 929–939.

Kiss, L., Sebestyén, E., László, E., Salamon, P., Balázs, E. and **Salánki, K.** (2008): Nucleotide sequence analysis of Peanut stunt virus Rp strain suggests the role of homologous recombination in cucumovirus evolution. Arch. Virol. (In press,)

Lot, H., Marrou, J., Qoiot, J.B., and **Esvan, C**. (1972): Contribution à l'étude du virus de la mosaïque du concombre (CMV). I Méthode de purification rapide du virus. Ann. Phytopathol., 4: 25–38.

Milbrath, G.M. and **Tolin, S.A.** (1977): Identification, host range and serology of peanut stunt virus isolated from soybean. Plant Disease Report, 61: 637–640.

Militao, V., Moreno, I., Rodriguez-Cerezo, E. and **Garcia-Arenal, F.** (1998): Differential interactions among isolates of peanut stunt cucumovirus and its satellite RNA. J. Gen. Virol., 79: 177–184.

Mink, G.I., Silbernagel, M.J. and **Saksena, K.N.** (1969): Host range, purification, and properties of the western of the peanut stunt virus. Phytopathology, 59: 1625–1631.

Mink, G.I. (1972): Peanut stunt virus. CMI/AAB *Description of Plant Viruses* no. 92.

Palukaitis, P. and **Garcia-Arenal, F.** (2003): Cucumoviruses. Adv. Virus Res., 62: 241–323.

Richter, J., Haack, M., Wesemann, M. and **Beczner, L.** (1987): Differentiation of peanut stunt virus isolates in six serotypes. Archiv fuer Phytopathologie und Pflanzenschutz, 2: 127–133.

Sambrook, J., Fritsch, E.F. and **Maniatis, T.** (1989): Molecular Cloning: a laboratory manual, 2nd ed. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, N.Y.

Schmelzer, K. (1971). *CMI/AAB Description of Plant Viruses* no. 65.

Troutman, J.L. (1966): Stunt – a newly recognized virus disease of peanuts. Phytopathology, 56: 587.

Tsuchizaki, T. (1973): Peanut stunt virus isolated from beans in Japan. Ann. Phytopath. Soc. Japan, 39: 67–72.

White, J.L. and **Kaper, J.M.** (1989): A simple method for detection of viral satellite RNAs in small tissue samples. J. Virol. Methods, 23: 83–94.

Xu, Z., Higgins, C., Chen, K., Dietzgen, R.G., Zhang, Z., Yan, L.and **Fang, X.** (1998): Evidence for a third taxonomic subgroup of peanut stunt virus from China. Plant Disease, 82: 992–998.

Yan, L.Y., Xu, Z.Y., Goldbach, R., Kunrong, C. and **Prins, M.** (2005): Nucleotide sequence analyses of genomic RNAs of Peanut stunt virus Mi, the type strain representative of a novel PSV subgroup from China. Arch. Virol., 150: 1203–1211.

CHARACTERIZATION OF HUNGARIAN, BLACK LOCUST (*ROBINIA PSEUDOACACIA* L.) ISOLATES OF *PEANUT STUNT VIRUS* (PSV)

L. Kiss[1,2], E. Balázs[3], Katalin Salánki[1]

[1] Agricultural Biotechnology Center, Szent-Györgyi Albert u. 4, H-2100 Gödöllő, Hungary

[2] Department of Plant Pathology, Villányi u. 29–43. H-1118 Budapest, Hungary

[3] Agricultural Research Institute of the Hungarian Academy of Sciences, Brunszvik u. 2. H-2462 Martonvásár, Hungary

Peanut stunt virus is a generally prevalent pathogen of Legumes, among others on black locust (*Robinia pseudoacacia* L.). Molecular and host range characterisation was carried out of two Hungarian strains of PSV, collected from black locust, in Gödöllő. The determined nucleotid sequence of Hungarian PSV isolates significantly differed from previously determined PSV isolates, and both of them belonged to a new, distinct PSV subgroup (IV).

Host range characterization of black locust strains showed that PSV-Rp did not infect (*Cucumis sativus* L.*, Lycopersicon esculentum* Mill.*, Phaseolus vulgaris* L.) or the infection was latent (*Lens culinaris* Medik., *Pisum sativum* L.*, Vicia faba* L.) on some typical PSV hosts. We suppose, this result could be connected to the adaptation of the virus to black locust.

A SZŐLŐ MAGYARORSZÁGON ELŐFORDULÓ ÉS VÁRHATÓAN MEGJELENŐ VIRUSOS BETEGSÉGEINEK ÉS KÓROKOZÓINAK ÁTTEKINTÉSE*

Cseh Eszter[1], Lázár János[2], Takács András[1], Kazinczi Gabriella[1] és **Gáborjányi Richard[1]**
[1]*Pannon Egyetem, Georgikon Mezőgazdaságtudományi Kar, Növényvédelmi Intézet, Keszthely, 8360 Deák Ferenc u. 16.*
[2]*BCE Szőlészeti és Borászati Kutatóintézet, 6000 Kecskemét-Miklóstelep, Urihegy 5/A .*

A szőlő vegetatív szaporítása miatt számos vírusos betegség szinte állandó jelenlétével kell számolnunk, amelyek előfordulásuk gyakorisága miatt jelentős termésveszteségeket okoznak. Hazánkban eddig tizenöt vírusos betegség előfordulásáról számoltak be. A dolgozat a betegségtüneteket hat csoportra osztva tárgyalja, részletezve a vírusos betegségeket és kórokozóikat, hetedik csoportba osztva azokat a betegségeket, amelyek kórokozóit eddig pontosan nem lehetett meghatározni. Külön csoportban szerepelnek azok a vírusos betegségek, amelyek hazánkban eddig nem fordultak elő, de megjelenésükkel a közeljövőben számolni kell. A szőlő korai leromlását a Nepovirusok okozzák, nevezetesen a szőlő fertőző leromlás vírus (Grapevine fanleaf virus, GFLV), az Arabis mozaik vírus (Arabis mosaic virus, ArMV), a szőlő krómmozaik vírus (Grapevine chrome mosaic virus, GCMV), a paradicsom fekete gyűrűs vírus (Tomato black ring virus, TBRV) és a szőlő bulgáriai látens vírus (Grapevine Bulgarian latent virus, GBLV) okozzák. Külön tüneti csoportot képvisel a látens foltosság, amit a szőlő látens foltosság vírus (Grapevine fleck virus, GFkV) okoz. A harmadik tünettani csoport, a levélsodródás, kórokozói a szőlő levélsodródás vírus csoport (Grapevine leafroll-associated virus 1–9., GLRaV 1–9) tagjai. A negyedik csoport a szőlő vonalas és gyűrűs mintázottsága (grapevine yellow mottle) amit a lucerna mozaik vírus (Alfalfa mosaic virus, AMV) -fertőzés idéz elő. Az ötödik csoport a szőlő vonalas mintázottsága, a Grapevine line pattern virus (GLPV) okozta tünet. A faszöveti barázdáltság komplex tüneteit a szőlő A vírusa [Grapevine virus A (GVA)], a szőlő B vírusa [Grapevine virus B (GVB)] és a rupestris faszöveti barázdáltság vírus [Rupestris stem pitting-associated virus (RSPaV)] fertőzése idézi elő. A hetedik csoportban azok a betegségek szerepelnek, amely esetekben a kórokozó vírus természetét még egyértelműen nem bizonyították.

A vírusmentes szőlő-szaporítóanyag használata alapvetően fontos tényező a megfelelő termésmennyiség és minőség elérése végett.

A vírusos betegségek gazdasági következményei: a fokozott tőkeleromlás és -elhalás, a hozamok csökkenése és a minőség romlása, a tőkék produktív időszakának megrövidülése, az oltványkészítés eredményességének csökkenése, a szaporítóanyag gyökeresedőképességének romlása, a beteg tőkék környezeti tényezőkkel szembeni ellenálló képességének csökkenése.

A szőlőt károsító vírusok hazai felmérését dr. Lehoczky János és munkatársai az 1960-as években kezdték a Szőlészeti és Borászati Kutatóintézetben (Lázár és mtsai 2002). Külföldi kutatóintézetekből megkezdődött a virológiai szűrésben nemzetközileg használt indikátorfajták behozatala és felszaporítása a Kecskeméti Szőlészeti és Borászati Kutatóintézet miklóstelepi (Lehoczky és mtsai 1992), majd katonatelepi állomásán. A vírusfertőzött egyedek fenntartására ugyancsak Kecskeméten létrehozták a

*Dr. Beczner Lászlóra, húsz éve elhunyt virológus kollégánkra emlékezve

Patológiai Kertet, olyan vírus-génbankot, amely a vírustesztelési munka alapját képezi a közben külföldi kutatóintézetekből behozott és felszaporított fás szárú indikátorokkal. Az elmúlt két évtizedben több vírusos betegség leírására és a kórokozók azonosítására is sor került. A kórokozók rendszertani megítélésében történt változások számos félreértésre is alapot adtak. Célszerű ezért a hazai eredményeket egységes rendszerbe foglalni, és megemlíteni azokat a kórokozókat is, amelyek rövid időn belül megjelenhetnek Magyarországon.

A szőlővírusok kimutatásának módszerei

A szőlőfajták rendszeres virológiai szűrése 1972-ben kezdődött meg Magyarországon. A ma is használatos rendszer három szűrési módszeren alapul: tüneti vizsgálat, biológiai tesztelés és szerológiai ellenőrzés (Lázár 1998). Az első évben a vírustüneteket nem mutató tőkéket kell kiválasztani és megjelölni. Ezeket a tőkéket egy vegetációs periódus alatt kétszer (virágzás körül és szeptember második felében) kell vizsgálni. Az első szelekció idejében mintát kell gyűjteni ELISA tesztelés elvégzéséhez. 1985 óta többször módosult az ELISA teszteléssel vizsgálandó vírusok köre, jelenleg a következő jelentős szőlőpatogén vírusokra történik rendszeres tesztelés. Ezek a szőlő fertőző leromlás [*Grapevine fanleaf virus* (GFLV)]*, az Arabis mozaik vírus [*Arabis mosaic virus* (ArMV)], a paradicsom fekete gyűrűs vírus [*Tomato black ring virus* (TBRV)], a szőlő látens foltosság vírus [*Grapevine fleck virus* (GFkV)] és a szőlő levélsodródás vírus csoport 1 és 3 tagja [*Grapevine leafroll-associated virus* 1, 3, (GLRaV 1, 3)]. Novemberben azokat a vesszőket kell begyűjteni további vizsgálatok elvégzéséhez, amelyek vizuális vizsgálat alapján tünetmentesnek bizonyultak, és a szerológiai tesztelés sem mutatta ki kórokozó jelenlétét. A mintákat célszerű műanyag zacskókba gyűjteni és 2–3 °C-on tárolni. A második év tavaszán, az előbbi módon teleltetett vesszőket 8 indikátorfajta segítségével, szövetoltással (chip-transmission) kell vizsgálni szabadföldön: ezek az FS-4, *Vitis rupestris* cv. St. George, *Vitis vinifera* cv. Pinot noir és Chardonnay, *V. berlandieri* × *V. riparia* Kober 5 BB, *Couderc* × *V. berlandieri* LN 33, *V. riparia* cv. Gloire de Montpellier, *V. rupestris* × *V. berlandieri* 110 R.

A szabadföldi tesztelőiskolába kitelepített dugványokon jelentkező tüneteket júniusban és szeptemberben kell felmérni. A második év tavaszán az átteleltetett vesszőket esetenként mechanikai átvitellel, lágy szárú növényeken is tesztelni kell. Erre a célra használhatók a *Chenopodium quinoa*, *C. amaranthicolor*, *Cucumis sativus* „Delicates", *Gomphrena globosa*, *Nicotiana clevelandii*, *N. tabacum* „Samsun", *N. glutinosa*, *Phaseolus vulgaris* „Beautiful" fajok. A harmadik évben is két alkalommal kell elvégezni az értékelést. A vizsgálat végére a kijelölt, és minden indikátoron, minden esetben negatív eredményt adó növények vírusmentesnek tekinthetők (Lázár és mtsai, 2002). Az ELISA vizsgálat megbízható eredményt ad, hátránya, hogy nem minden vírus kimutatására alkalmas. A *Rupestris stem pitting-associated virus* (RSPaV) fertőzöttség kimutatása ELISA módszerrel jelenleg még nem, PCR-vizsgálattal azonban lehetséges. Ezért nagyon fontos a három módszer (fásszárú-, lágyszárúteszt és szerológia) együttes alkalmazása.

A legérzékenyebb módszer mégis a molekuláris genetikai vizsgálatok használata, de ezek az előző módszerekhez képest drágábbak is, így ezek használata csak kivételes esetekben javasolt (Cseh és mtsai 2008). Azoknak a vírusoknak a leírásához, amelyeket először határoznak meg, szükség van elektromikroszkópos felvételek készítésére is.

A vírusok növénybe jutása passzív folyamat, így szükséges annak ismerete, hogy milyen úton kerülhet a kórokozó a növénnyel kapcsolatba. Ez lehet állatvektorokkal vagy állatvektor nélküli egyéb módokon, például oltással, mechanikailag, vegetatív szaporítószervekkel, esetleg maggal, pollennel (Pribék 1999).

* A vírusok érvényes nevezéktana szerint a pontos rendszertani helyű, azonosított vírusok angol nevét dőlt betűvel, a bizonytalan helyzetűekét álló betűkkel kell jelölni.

A szőlő vírusos betegségeinek és kórokozóinak áttekintése

Hazánkban ez idáig a szőlőről 15 vírusos betegséget írtak le. Ezek a tünetek szerint hat csoportba sorolhatók: 1. szőlő korai vírusos leromlás (grapevine degeneration), 2. látens foltosság (grapevine fleck), 3. levélsodródás (grapevine leafroll), 4. vonalas és gyűrűs mintázottság (grapevine yellow mottle) 5. vonalas mintázottság (grapevine line pattern) és 6. faszöveti barázdáltság (grapevine rugose wood). A hetedik csoportba azokat a vírusszerű betegségeket soroljuk, amelyek kórokozói feltehetően vírusos eredetűek, de ezeket pontosan még nem határozták meg.

1. Szőlő korai vírusos leromlás

A szőlő korai vírusos leromlását mint általános elnevezést több kórokozó vírusra vezetik vissza, ezt a kórfolyamatot a Nepovirus nemzetségbe tartozó vírusok, nevezetesen a szőlő fertőző leromlás vírusa, a szőlő tőkesatnyulás A és T vírusa, a szőlő bolgár látens vírus és a szőlő króm mozaik vírus okozzák. Világszerte elterjedt kórokozók is vannak közöttük. Egyes vírusok erős tüneteket idéznek elő, mások enyhébbeket. A nepovírusok virionjai ikozaéder alakúak, és a legtöbbjük fonálféreg vektora ismert. Közös jellemzőik, hogy 80%-os termésveszteséget is okozhatnak (Martelli, 1993; Pompe-Novak és mtsai 2007). Leggyakrabban a szőlőültetvény korai pusztulását okozzák (Bovey és mtsai 1980). A szőlő vírusos leromlását először 1865-ben figyelte meg és írta le Cazalis Franciaországban. A kórokozó és két törzse általi tünetek hazai megjelenéséről pedig Sárospataky 1964-ben, majd Lehoczky, 1965-ben számolt be (Sárospataky, 1965, Lehoczky, 1965). A leromlást okozó vírusok elkülönítése később következett be, ezért, ezeket a vírusokat külön is részletezzük.

Szőlő fertőző leromlás – Szőlő fertőző leromlás vírus (Grapevine fanleaf virus, *GFLV*)

A szőlő fertőző leromlás kórokozója a *Grapevine fanleaf virus*, amely a Comoviridae család, Nepovirus nemzetségének tagja, a virionjai izometrikusak és 30 nm átmérőjűek. A vírusgenom osztott, két pozitív egyszálú RNS (Andret-Link és mtsai, 2004a). Két törzse ismert: a sárga mozaik törzs (*Grapevine fanleaf virus* – yellow mosaic strain, GFLV-YM) és az ér menti szalagosodás törzs (*Grapevine fanleaf virus* – vein banding strain, GFLV-VB) (Lázár 1996). A GFLV-ról és a törzseiről szóló első áttekintéseket, Vuittenez, Dias és Taylor is megírták, 1970-ben. A sárga mozaik törzzsel fertőzött tőkék krómsárga elszíneződésűek, ez már kora tavasszal megjelenik. Az ér menti és érközi területeken kiterjedt foltok jelennek meg, vagy teljesen elsárgul a levélzet (Martelli 1993). Az ér menti szalagosodás törzsre a sárga foltok, illetve az ér mentén megjelenő és az ér mellett végigfutó, hosszanti, sárga, szalagszerű lefutású, klorotikus mintázat jellemző (Goheen és Hewitt 1962). Különösen nyáron és ősszel látszanak jól a tünetek. A vírus a világ minden szőlőtermesztő területén megjelent. A szőlő egyik legelterjedtebb vírusa, ami az összes fajtáját képes fertőzni. A vírusos fertőzés hatással van a szőlő produktivitására és a tőke élettartamára (Andret-Link és mtsai 2004 b). A tünetek rendkívül változatosak, és egyszerre több törzse is jelen lehet egy növényben. A fertőzés következtében a tőke vagy nagyon gyorsan elpusztul, vagy néhány éven belül leromlik. A vesszőkön megjelenő tünetek a következők: dupla nóduszok kialakulása, rövid ízközök, villás elágazás, szalagos, ellaposodott hajtás és fürt.

A különböző levéldeformációk, a levélerek futása páfránylevélre emlékeztető *(1. ábra),* a levéllemez aszimmetrikus, erősen fogazott a levélszél, klorotikus foltok megjelenése gyakori. A sárga mozaik és az ér menti szalagosodás törzs enyhe levéldeformációt okoz csak, amelyeken inkább világossárga elszíneződés látható *(2. ábra).* Ha ez az elsárgulás csak az erek mentén jelentkezik, akkor beszélünk ér menti szalagosodásról. A vírusfertőzött leveleken klorotikus gyűrűk, pontok, foltok jelennek meg. A rügyek száma a fertőzött tőkéken kevesebb és kisebbek is. A bogyók gyakran kiszáradnak, összeaszalódnak, kicsik maradnak, vagy nem lesz bennük mag. A GFLV elsősorban *Xiphinema index* és *X.*

italie fonalférgekkel terjed, a terjedés módja nem cirkulatív, szemiperzisztens átvitel (Demangeat és mtsai 2005). Ezenkívül ismert szaporítóanyaggal, szövetoltással és maggal történő átvitele is (Hewitt 1962). Fás szárú indikátorai: *Vitis rupestris* cv. St. George, *Vitis vinifera* cv. Chardonnay, FS 4 (Siegfriedrebe) (Kölber és mtsai 1981). Lágy szárú tesztnövénye elsősorban a *Chenopodium quinoa*, amelyen szisztemikus klorotikus pontokat, levéldeformációt, ritkán lokális léziókat idéz elő (Bashir 2007).

Szőlő tőkesatnyulás A típus – Arabis mozaik vírus (Arabis mosaic virus, *ArMV*)

A tőkesatnyulás betegség kórokozója szerológiailag a GFLV-sal rokon vírus. 1963-ban a volt Jugoszlávia területén találták meg először a világon, hazánkban Martelli, 1964-ben írta le szőlőről (Martelli és Boudon-Padieu 2006). A kórokozó által előidézett tünetek nagyon hasonlóak a fertőző leromláshoz *(3. ábra),* általában együtt fordulnak elő és fertőznek meg egy-egy tőkét. Az ArMV-nak nagyon széles a gazdanövényköre, ide tartoznak különböző gyomnövények is (Jenser és mtsai 1979). A vírust szintén fonálférgek terjesztik, elsősorban a *Xiphinema diversicaudatum, X. coxi, Longidorus caespiticola*, és ezenkívül ismert az oltással, fertőzött szaporítóanyaggal és a maggal történő terjedése is. Legfontosabb tesztnövénye a *Nicotiana glutinosa*, melyen feltűnő klorotikus gyűrűzöttséget és pettyeket okoz. Fás szárú indikátorai: *Vitis rupestris* cv. St. George, *Vitis vinifera* cv. Pinot noir, FS 4 (Siegfriedrebe) (Baracsi 1999).

Szőlő krómmozaik – Szőlő krómmozaik vírus (Grapevine chrome mosaic virus, *GCMV*)

A szőlő krómmozaik betegséget okozó vírust hazánkban, dr. Lehoczky János, a Balatonfelvidék egyik ültetvényében találta meg először a világon (Lehoczky és mtsai 1984b). A betegség tünetei: a levelek krómsárgára színeződése *(4. ábra),* illetve a vegetáció során történő kifehéredése, rövid ízközök, kettős nóduszok kialakulása. Néhány törzse a levélen deformációkat és klorotikus foltokat okoz. Ismertek olyan törzsek is, amelyek látható tüneteket nem idéznek elő. A vírus fonálféreg vektora egyelőre nem ismert, de talajban terjedését feltételezik. Ezenkívül fertőzött szaporítóanyaggal és oltással is átvihető. Lágy szárú tesztnövényei: *Chenopodium quinoa, Nicotiana occidentalis, N. clevelandii* és a *Cucumis sativus.* Fás indikátorai: *Vitis vinifera* cv. Chardonnay, *Vitis vinifera* cv. Pinot noir, FS 4, Jubileum 75 (Le Gall és mtsai 1997).

A szőlő tőkesatnyulás T típus – Paradicsom fekete gyűrűs vírus (Tomato black ring virus, *TBRV*)

A vírust először 1963-ban írták le szőlőről (Martelli és Boudon-Padieu 2006). Hazánkban 1986-ban izolálta Lehoczky és Burgyán (Lehoczky és Burgyán 1986). Az általa előidézett betegség a tőkesatnyulás T típusa. A fertőzés a tőkék növekedését gátolja, az idősebb leveleken pöttyöket és a levélszélek sárgulását okozza. A frissen fertőzött növények levelén klorotikus foltokat, gyűrűket is lehet találni. A vírus *Longidorus attenuatus* fonálféreg vektoron kívül oltással és maggal is terjed (Jończyk és mtsai 2004). Lágy szárú tesztnövénye a *Nicotiana tabacum* cv. 'Samsun' és a *Chenopodium quinoa. Vitis vinifera* cv. Chardonnay, *Vitis vinifera* cv. Pinot noir, *Vitis rupestris* cv. St. George és FS 4 fás szárú indikátorfajták segítségével vizsgálható (Baracsi 1999).

Szőlő bolgár látens foltosság – Szőlő bulgáriai látens vírus (Grapevine Bulgarian latent virus, *GBLV*)

A kórokozót Martelli írta le először 1976-ban, Bulgáriában. Hazánkban, 1981-ben találta meg Pocsai (Pocsai 1981). A vírus általában látensen fertőzi a szőlőfajtákat. Ha találunk rá utaló tüneteket, az a kései rügypattanás, a vesszők megnyúlása, egyenetlen fürtképzés, növekedésgátlás, a GFLV-hoz hasonló tünetek kialakulása. Vektora nem ismert még, de fertőzött szaporítóanyaggal, maggal képes terjedni (Martelli 1993). Lágy szárú tesztnövényt mechanikai átvitellel képes fertőzni, e célra leggyakrabban *Chenopodium quinoa*t használnak. Fás szárú tesztnövénye: FS-4, *Vitis vinifera* cv. Pinot noir, *Vitis riparia* cv. Gloire de Montpellier (Baracsi 1999).

2. Látens foltosság

Ebbe a tünetcsoportba azok a vírusos betegségek tartoznak, amelyek a *Vitis vinifera* fajtákon szabad szemmel nem láthatóak, de más módszerekkel (indikátorfajták) kimutathatók. E csoportba egyetlen vírusos betegség tartozik**.**

Szőlő látens foltosság – Szőlő látens foltosság vírus (Grapevine fleck virus, *GFkV*)

A *Grapevine fleck virus* (GFkV) virionjai izometrikusak, 30 nm átmérőjűek, a vírus genom egy pozitív egyszálú RNS. GFkV *a Tymoviridae* család, *Maculavirus* nemzetségének típustagja (Abou-Ghanem-Sabanadzovic és mtsa 2003). Az általa okozott megbetegedést először Kaliforniában Hewitt írta le 1962-ben. Hazánkban, 1981-ben találta meg Lehoczky és Farkas (Lehoczky és Farkas 1981). Vizsgálata *Vitis rupestris* St. George fajtán lehetséges, amelyre oltással vihető át. A *Vitis vinifera* fajtákon látens marad a fertőzés, innen származik a kórokozó neve is (Schieber és mtsai 1997). A betegség tünetei érkivilágosodás, a harmad- és negyedrendű erek közelében áttetsző foltok megjelenése, amelyek akkor láthatók a legjobban, ha a fény felé tartjuk őket. Az ilyen intenzíven foltosodó levelek ráncosodnak, eltorzulnak, és fölfelé pöndörödnek. A vírus a floemben lokalizálódik, és mechanikailag nem terjed. A betegséget kísérletes úton Aranka-fajok átviszik, és fertőzött szaporítóanyaggal terjed (Martelli 1993, Martelli és mtsai 2002).

3. Levélsodródás tünetcsoport

A szőlő levélsodródás tüneteit részben a szőlő levélsodródás víruscsoport tagjai, részben a viroid fertőzések okozzák. Ez utóbbi kórokozó csoport összeállításunkban nem szerepel.

Szőlő levélsodródás – Szőlő levélsodródás víruscsoport (Grapevine leafroll-associated viruses, *GLRaV 1–9*)

A szőlő levélsodródását több, egymáshoz hasonló tulajdonságú vírus együttese idézi elő. A legnagyobb számban ezek a kórokozók a *Closteroviridae* családba tartoznak. Ez idáig 9, szerológiailag különböző csoportot írtak le, ami összefüggésben áll a betegséggel (Meng és mtsai 2005). Ezek a Grapevine leafroll-associated virus 1–9 típusai. Nemrég új nemzetség jelent meg a *Closterovirus* nemzetség mellett, az *Ampelovirus*, amelynek tagjai a *Grapevine leafroll-associated virus 1* (GLRaV 1) és a *Grapevine leafroll-associated virus 3* (GLRaV 3) (Komínek és mtsai 2005). Egyes felmérések szerint a vírusos betegség 68%-os termésveszteséget is képes okozni (Walter és Martelli 1997). A *Closteroviridae* család tagjaira jellemző a pozitív egyszálú RNS genom és a hosszú, fonál alakú virion. A betegség tünetét először 1906-ban írta le Sannino Olaszországban. Magyarországon Lehoczky találta meg elsőként 1969-ben. A GLRaV első 5 víruscsoportjait Martelli írta le a világon először, nálunk Lehoczky János (Lázár és mtsai 1995a).

A betegségre jellemző a bogyók csekély cukortartalma, kései bogyóérés, rendellenesen megvastagodó és lefelé sodródó, és a vörösbort adó szőlőfajtákon vörösre színeződő levéllemez (Little és Rezaian 2006) *(5. ábra).* A tünetek a vegetációs időszak vége felé láthatók a legjobban (Meng és mtsai 2005).

A szőlő levélsodródás 1-es típusú vírusa (*Grapevine leafroll-associated virus 1,* GLRaV-1) oltással, fertőzött szaporítóanyaggal és közönséges teknős pajzstetvekkel *(Parthenolecanium corni),* valamint egyéb, viaszos pajzstetűfajok, *Heliococcus bohemicus*, *Phenococcus aceris* közvetítésével is terjedhet (Komínek és mtsai 2005). Magyarországon az utóbbi két faj fordul elő leginkább a szőlőben (Jakab és Szendrey 1989). A vírust terjesztheti még a *Planococcus citri* is, nem propagatív módon (Cid és mtsai 2007). Egyéb rovarátvitelt is megfigyeltek már, például a *Planococcus ficus*, *Pseudococcus longispinosus* és más *Pseudococcus* fajok esetében is (Cabaleiro és Segura 2006). A szőlő levélsodródás 1-es és 3-as vírusának átvitelével kapcsolatba hozták a teknős pajzstetveket is, mint a *Pulvinaria vitis* és a *Neopulvinaria innumerabilis* (Sforza és mtsai 2003).

A szőlő levélsodródás 2-es típusú vírusa (*Grapevine leafroll associated-virus 2*, GLRaV-2) a *Closterovirus* nemzetség tagja. Természetes vektora nem ismert, a terjedését vegetatív szaporításkor és oltáskor figyelték meg. Lágy szárú tesztnövénye a *Nicotiana benthamiana* és a *N. clevelandii*. Fás szárú teszteléskor *Vitis vinifera* fajták alkalmazhatók, különösen a Pinot noir, Cabernet franc és a Merlot (Beuve és mtsai 2007, Martelli 1993).

A szőlő levélsodródás 5-ös és 9-es típusú vírusai (Grapevine leafroll-associated virus 5, GLRaV-5) és (Grapevine leafroll-associated virus 9, GLRaV 9) szintén terjednek *Ps. longispinosus* segítségével (Golino és mtsai 2002, Martelli és Boudon-Padieu 2006).

A szőlő levélsodródás 7-es típusú vírusa (Grapevine leafroll-associated virus 7, GLRaV-7) jelenleg a családhoz csak feltételesen sorolt tagja. Magyarországon is megtalálták már a kórokozót (Choueiri és mtsai 1996).

4. Szőlő vonalas és gyűrűs mintázottság (Grapevine yellow mottle) – Lucerna mozaik vírus (*Alfalfa mosaic virus*, AMV)

A lucerna mozaik vírus (*Alfalfa mosaic virus,* AMV) virionjai bacilus alakúak, az RNS genom 3 komponensű. Gazdanövényköre rendkívül széles. A fertőzött tőkék lombozata különböző mintázatú sárga elszíneződéseket mutat. A sárgulás nem terjed át az erekre, azok zöldek maradnak. Nyáron kifehéredhetnek, de nem maszkírozódnak. A kórokozó a *Bromoviridae* család, *Alfamovirus* nemzetségének típustagja. A vírus oltással, mechanikailag, fertőzött szaporítóanyaggal és levéltetvekkel terjed (Martelli, 1993).

A vírusos betegséget szőlőről először Németországban írta le Bercks 1973-ban, majd 1980-ban Lehoczky János hazánkban is megtalálta. Fás szárú tesztnövényeinek köre széles, a szőlőfajták közül a *Vitis vinifera* cv. Chardonnay, *V. vinifera* cv. Pinot noir és a *Vitis rupestris* cv. St. George használhatók kimutatására (Lehoczky és Beczner 1980). Lágy szárú tesztnövényei: *Chenopodium quinoa*, *Ch. amaranthicolor*, *Phaseolus vulgaris*, *Nicotiana tabacum* és *N. glutinosa* (Beczner és Lehoczky 1980).

5. Szőlő vonalas mintázottsága – Grapevine line pattern virus (GLPV)

A betegség kórokozója a Grapevine line pattern virus (GLPV) néven ismert, a *Bromoviridae* család *Ilarvirus* nemzetségének feltételezett tagja. Multikomponensű, 24 nm átmérőjű, izometrikus vírus (Brunt és mtsai 1996). Ezt a vírusbetegséget csak Magyarországon ismerik, először a világon itt írták le Lehoczky János és munkatársai 1987-ben. A beteg levelek világos mintát, juharfalevélre emlékeztető mintázatot, szétszóródva pontokat vagy foltokat mutatnak.

Chenopodium quinoa, *Ch. amaranthicolor*, *Phaseolus vulgaris*, *Nicotiana glutinosa* és *Cucumis sativus* lágy szárú tesztnövények alkalmazhatók üvegházi tesztelésére. Fás szárú indikátora a *Vitis vinifera* cv. Jubileum 75 (Lehoczky és mtsai 1987).

6. Faszöveti barázdáltság komplex – szőlő A vírus [*Grapevine virus A* (GVA)], a szőlő B vírus [*Grapevine virus B* (GVB)] és a Rupestris faszöveti barázdáltság vírus [*Rupestris stem pitting-associated virus* (RSPaV)]

A szőlő fás részeinek, oltással átvihető vírusos betegségegyüttesét nevezzük faszöveti barázdáltságnak, amely az egész világon elterjedt. A tőke farészén gödröket és barázdákat lehet megfigyelni *(6. ábra).* Négy elváltozás hozható kapcsolatba a faszöveti barázdáltsággal: Rupestris stem pitting (Rupestris faszöveti barázdáltság), Kober stem grooving (Kober faszöveti barázdáltság), az LN 33 stem grooving (LN 33 faszöveti barázdáltság) és a Corky bark (Parakérgűség). A tüneteket először Hewitt írta le 1954-ben, Olaszországban „érdes kéreg" tünetként. Magyarországon Martelli találta meg 1967-ben, majd Lehoczky János munkatársaival 1968-ban (Martelli és Boudon-Padieu 2006, Lázár és mtsai 1995b) írta le.

Ez a betegség felelős az oltásokkor kialakuló összeférhetetlenségért, a kései rügyfakadásért, a

tőkék leromlásos tüneteiért és későbbi pusztulásáért. A betegség etiológiája még nem teljesen tisztázott, de már sejthető, hogy a *Grapevine virus A* (GVA), a *Grapevine virus B* (GVB) és a *Rupestris stem pitting-associated virus* (RSPaV) kapcsolatba hozható a faszöveti barázdáltság betegséggel.

A Rupestris stem pitting betegséget, *Vitis rupestris* cv. St. George indikátorfajtán lehet kimutatni. Ezen a fajtán az oltás helye alatt, a farészen, sávosan gödröcskék láthatók, de esetenként bárhol máshol a farészen láthatók gödrök és barázdák (Zhang és mtsai 1998, Meng és mtsai 1999). Krónikus fertőzés tünete a törpülés (Lima és mtsai 2006). Ezt a betegséget a RSPaV-sal hozzák kapcsolatba. A kórokozó a *Flexiviridae* család *Foveavirus* nemzetségéhez tartozik (Nolasco és mtsai 2006). Genomja kettős szálú RNS. A vírus mechanikailag nem vihető át, és eddig természetes vektorát sem találták meg (Nakaune és mtsai 2008).

A GVA a szőlő háncsrészében található kórokozó, 800 nm hosszú fonal alakú virionja van, genomja egyszálú RNS. A GVB-vel együtt a *Flexiviridae* család *Vitivirus* nemzetségéhez tartozik (Murolo és mtsai 2008). A GVA-t a Kober stem groovinggal hozzák összefüggésbe. Biológiai indexelése a *Vitis berlandieri* × *Vitis riparia* cv. Kober 5BB indikátoron történik (Lázár 1996). Különböző pajzstetvekkel, *Pseudococcus* és *Planococcus* fajokkal terjed, mint a *Pseudococcus longispinosus*, *Ps. affinis*, *Planococcus ficus*, *P. citri*, vektora lehet még a *Heliococcus bohemicus* és a *Neopulvinaria innumerabilis* (Minarfa és mtsai 1997). A közönséges teknőspajzstetűről vagy akácpajzstetűről *(Parthenolecanium corni)* is kimutatták már, hogy terjeszti a kórokozót. A vírus kimutatására *Nicotiana benthamiana*, *N. clevelandii* és a *Gomphrena globosa* lágy szárú tesztnövények alkalmasak (Haviv és mtsai 2006).

A GVB-t a parakérgűség (corky bark) kórokozójaként ismerik. A virion alakja és felépítése ugyanolyan, mint a GVA esetében. A betegség tünetei a *Vitis rupestris* cv. St. George és *Vitis berlandieri* × *Couderc 1613* cv. LN 33 fajtákon vizsgálhatók (Kuniyuki és mtsai, 2006). A vírust a *Pseudococcus longispinus* terjeszti. Lágy szárú tesztnövénye a *Nicotiana benthamiana* és *N. occidentalis* (Saldarelli és mtsai 2005). Az LN 33 stem groovingról nagyon keveset tudunk. Fás szárú tesztnövénye a *Vitis berlandieri* × *Couderc 1613* cv. LN 33 (Lázár 1996).

7. Vírusszerű betegségek, még pontosan nem azonosított kórokozók

Szőlő enációs betegség (Grapevine enation)

A betegség előfordulásáról először 1891-ben Buchenau számolt be, aki Németországban találta meg szőlőn. Magyarországon Lehoczky János írta le 1965-ben (Martelli és Boudon-Padieu, 2006). A tünetek kései rügyfakadás, lassú növekedés, bokrosodás és hosszanti vagy gyűrű alakú kinövések a vesszők alapjához közeli nyolc-tíz levél fonákán. Vektora nem ismert, fertőzött szaporítóanyaggal terjed. Kimutatására egyetlen módszer az LN 33 indikátorra történő oltás, bár eredményessége gyakran bizonytalan (Martelli 1993).

Szőlő érnekrózis (Grapevine vein necrosis)

1973-ban Legin és Vuittenez találta meg és írta le először ezt a vírus jellegű megbetegedést Franciaországban (Martelli és Boudon-Padieu 2006). Magyarországon Lehoczky János és munkatársai 1986-ban jelezték előfordulását (Lehoczky és mtsai 1986). A kórokozó nem ismert, a betegség fertőzött szaporítóanyaggal és oltással terjed. Fás szárú indikátora *Vitis rupestris* × *Vitis berlandieri* R 110 *(7. ábra).* A tesztnövényen betegség tünetei a levél fonákán jól látható levélerek nekrózisa. Először az idősebb leveleken jelenik meg, aztán a hajtás növekedésével a fiatalabbakra is átterjed. Ezzel egy időben, nekrotikus pontok is megjelennek a levél színén. Néhány esetben megfigyelhető a kacs és a zöld hajtás elhalása is (Martelli 1993). A növekedés teljes leállása is megfigyelhető, és az indikátor ki is pusztulhat. Mechanikai átvitelre még nem ismert megfelelő lágy szárú tesztnövény (Martelli és Boudon-Padieu 2006).

Szőlő érmenti mozaik (Grapevine vein mosaic)

1966-ban Vuittenez és munkatársai olyan mozaikos foltosságot találtak szőlőn, amely teljesen független volt a szőlő vírusos leromlásától. Ez volt az ér menti mozaikról szóló első leírás a világon. Magyarországon Lehoczky, Farkas és Lázár írta le 1984-ben. A fertőzött növények levelén halványzöld mozaikosság mutatkozik az első- és másodrendű erek mentén, ér menti szalagosodáshoz hasonló tüneteket mutatva *(8. ábra)*. A legérzékenyebb fajtákon a levelek ér közi területei elhalhatnak, de a nekrózis a levélereket nem érinti, mint az érnekrózis esetében (Martelli és Boudon-Padieu 2006). Kórokozója nem ismert, a betegség oltással, fertőzött szaporítóanyaggal terjed (Lehoczky és mtsai 1984a). Fás szárú tesztnövénye a *Vitis riparia* cv. Gloire de Montpellier (Martelli és Boudon-Padieu 2006).

Várható új kórokozók

Vannak olyan vírusok, amelyeknek hazai megjelenésére a közeljövőben számítani lehet. Ilyen a málna gyűrűsfoltosság vírus [*Raspberry ringspot virus* (RpRSV)], a szamóca látens gyűrűsfoltosság vírus [*Strawberry latent ringspot virus* (SLRSV)], a dohány gyűrűsfoltosság vírus [*Tobacco ringspot virus* (TRSV)] és a paradicsom gyűrűsfoltosság vírus [*Tomato ringspot virus* (ToRSV)]. Ezek a betegségek a szaporítóanyagok nemzetközi forgalmának növekedésével és a karantén rendszabályok könnyítése miatt a szőlő-vírusmentesség elérésében egyre nagyobb veszélyt jelentenek Az újonnan előforduló vírusbetegségek folyamatos kutatásával, azonosításával a kórokozók jelenlétének kimutatására használt módszerek tökéletesítésével elérhető, hogy a jövőben, ezeket időben felismerve, és a vírussal fertőzött tőkéket a termesztésből kivonva a lehető legkisebb kárt okozzák a termelőknek.

Köszönetnyilvánítás

A dolgozat a K67658 sz. OTKA pályázat támogatásával készült.

IRODALOM

Abou Ghanem-Sabanadzovic, N. A., Sabanadzovic, S. and **Martelli, G. P.** (2003): Sequence analysis of the 3' end of three grapevine fleck virus-like viruses from grapevine. Virus Genes, 2 (1): 11–16.

Andret-Link, P., Schmitt-Keichinger, C., Demangeat, G., Komar, V. and **Fuchs, M**. (2004a): The specific transmission of grapevine fanleaf virus by its nematode vector Xiphinema index is solely determined by viral coat protein. Virology, 320: 12–22.

Andret-Link, P., Laporte, C., Valat, L., Ritzenthaler, C., Demangeat, G., Vigne, E., Laval,V., Pfeiffer, P., Stussi-Garaud, C. and **Fuchs, M.** (2004b): Grapevine fanleaf virus: Still a major threat to the grapevine industry. J. of Plant Pathology, 86 (3): 183–195.

Baracsi É. (1999): A biotesztek virológiai alkalmazása. In: **Horváth J.** és **Gáborjányi R.** (szerk.) Növényvírusok és virológiai vizsgálati módszerek. Mezőgazda Kiadó, Budapest, 156–159.

Bashir, S., N., Zarghani, N, S. and **Hejazi, S. M.** (2007): Diversity of Grapevine fanleaf virus isolates from Iran. Virus Research, 128: 144–148.

Beczner L. és **Lehoczky J.** (1980): Szőlőbetegség a lucernamozaikvírus fertőzéstől II. Kertgazdaság, 12 (3): 33–43.

Beuve, M., Sempé, L. and **Lemaire, O.** (2007): A sensitive one-stem real-time RT- PCR method for detecting Grapevine leafroll-associated virus 2 variants in grapevine. J. Vir. Meth. 141: 117–124.

Bovey, R., Gärtel, W., Hewitt, W. B,; Martelli, G. P. and **Vuittenez, A.** (1980): Virus and Virus-like Diseases of Grapevines- Colour Atlas of Symptoms: Edition Payot Lausanne

Brunt, A. A., Crabtree, K., Dallwitz, M.J., Gibbs, A. J. and **Watson L.** (1996): Viruses of Plants- Description and Lists from the VIDE Datebase. CAB International., University Press, Cambridge

Cabaleiro, C. and **Segura, A.** (2006): Temporal analysis of Grapevine leafroll associated virus 3 epidemics. Eur. J. Plant Pathol., 114: 441–446.

Cid, M., Pereira, S., Cabaleiro, C., Faoro, F. és **Segura, A**. (2007): Presence of grapevine leafroll- associated virus 3 in primary salivary glands of the mealybug vector *Planococcus citri* suggests a circular transmission mechanism. Eur. J. Plant Pathol., 118: 23–30.

Choueiri, E., Boscia, D., Digiaro, M., Castelano, M. A. and **Martelli, G. P.** (1996): Some properties of a hitherto undescribed filamentous virus of the grapevine. Vitis, 35 (2): 91–93.

Cseh, E., Lázár, J., Takács, A., Kazinczi, G. and **Gáborjányi, R.** (2008): Survey of soil-born virus diseases of grapevine in Hungary. Procedings of the VII. Alps-Adria Scientific Workshop, Cer. Res. Com. Suppl., 36: 99.

Demangeat, G., Voisin, R., Minot, J.-C., Bosselut, N., Fuchs, M. and **Esmenjaud, D.** (2005): Survival of Xiphinema index in Vineyard soil and retention of grapevine fanleaf virus over extended time in absence of host plants. Phytopathology, 95 (10): 1151–1156.

Goheen, A. C. and **Hewitt, W. B.** (1962): Vein Banding, a New Virus Disease of Grapevines Amarican. Journal of Enology and Viticulture, 13 (2): 73–77

Golino, D. A., Sim, S. T., Gill, R. and **Rowhani, A.** (2002): California mealybugs can spread grapevine leafroll disease. California Agriculture, 56 (6): 196–201.

Haviv, S., Galiakparov, N., Goszczynski, D. E., Batuman, O., Czosnek, H. and **Mawassi, M.** (2006): Engineering the genome of Grapevine virus A into a vector for expression of protein sin herbaceous plants. J. Vir. Meth., 132: 227– 231.

Hewitt, W. M. B., Goheen, A. C., Raski, D.J: and **Gooding, G. V. Jr.** (1962): Studies on virus diseases of the grapevine in Califiornia. Vitis, 3 (2); 57–83

Jakab J. és **Szendrey L.** (1989): A viaszos akác-pajzstetű (*Heliococcus bohemicus* Sulz) megjelenése Heves megye szőlőültetvényeiben. Növényvédelem, 15: 460–464.

Jenser G., Schuster V., Seljahudin, A. and **Mahunka, M.** (1979): Az Arabis mozaik vírus fennmaradását meghatározó vektor-gyomnövény kapcsolat vizsgálata. Kertgazdaság, 3: 15–19.

Jończyk, M., Le Gall, O., Pałucha, A., Borodynko, N. and **Pospieszny, H.** (2004): Cloning and sequencing of full-length cDNAs of RNA1and RNA2 of a Tomato black ring virus isolate from Poland. Arch. Virol., 149: 799–807

Komínek, P., Glasa, M. and **Bryxiová, M.** (2005): Analysis of the molecular variability of grapevine leafroll-associated virus 1 reveals the presence of two distinct virus groups and their mixed occurence in grapevines. Virus Genes, 31 (3): 247–255.

Kölber M., Lehoczky J., Pácsa S. és **Kobza S.** (1981): A szőlő fertőzőleromlás-vírusának kimutatása ELISA technikával a különböző fenofázisokban gyűjtött levélmintákból és a mélyhűtve tárolt présnedvből. Kertgazdaság, 13 (2): 11–22.

Kuniyuki, H., Gioria, R. and **Rezende, J. A.** (2006): Transmission of the Grapevine virus B by the mealybug *Pseudococcus longispinosus* Targioni-Tozzetti (Hemiptera: Pseudococcidae) in Brazil. Summa Phytopathologica. Abstr., 32 (2): 151–155.

Lázár J., Kölber M., Farkas E. és **Farkas G-né** (1995a): A szőlő levélsodródását okozó Closterovírusok (GLRaV-s) tesztelése Magyarországon, fás indikátorok használatával. 41. Növényvédelmi Tudományos Napok, Budapest. Abstr., 96.

Lázár J., Farkas G.-né, Farkas E. és **Mikulás J.** (1995b): A Rugose wood komplex egyes tagjainak azonosítása Magyarországon, fás indikátorok használatával. 41. Növényvédelmi Tudományos Napok, Budapest. Abstr., 95.

Lázár J. (1996): A szőlő vírusokkal kapcsolatos újabb hazai kutatások eredményei. Vírusbetegségek és mentes törzsültetvények létesítése. Doktori értekezés. Kertészeti és Élelmiszeripari Egyetem, Budapest

Lázár J. (1998): A hazai szőlő-vírusmentesítési program történeti előzményei, jelene és megoldásra váró problémái. Növényvédelem, 35 (8): 415–418.

Lázár, J., Mikulás, J., Farkas, G., and **Kölber, M.** (2002): Certification programme for production of virus-free propagating material of grapevine and its results in Hungary. Int. J. of Hort. Sci., 8 (3–4): 39–43.

Le Gall, O., Candresse, T., and **Dunez, J.** (1997): An RNA-dependent-RNA-polymerase activity associated with grapevine chrome mosaic nepovirus infection. Arch Virol., 142: 151–156.

Lehoczky, J. (1965): Research on virus diseases of grapevines in Hungary. Proc. Int. Conf. on Virus and Vector on Perennial Hosts, with special Reference to Vitis. Publ. Univ. Calif. Dept. of P. Path., 311–318.

Lehoczky J. és **Beczner L.** (1980): Szőlőbetegség a lucerna mozaik vírus fertőzésétől I. Kertgazdaság, 2: 59–66.

Lehoczky J., Boscia, D., Martelli, G. M., Burgyán J., Castellano, M. A., Beczner L. és **Farkas G.** (1987): Vonalas mintázottság- a szőlő eddig ismeretlen vírusbetegségének előfordulása Magyarországon. Kertgazdaság, 6: 61–79.

Lehoczky J. és **Burgyán J.** (1986): A paradicsom fekete gyűrűs foltosság virus előfordulása szőlőben Magyarországon. Kertgazdaság, 18:. 4. 47–57.

Lehoczky J. és **Farkas G.** (1981): A szőlő látens foltosságának előfordulása Magyarországon. Kertgazdaság, 13 (1):15–25.

Lehoczky J., Farkas G. és **Lázár J.** (1984a): Új szőlőfajták és klónok vírustesztelése és mentesítési módszerek kidolgozása. Az érmenti mozaik hazai előfordulásának igazolása. KÉE SZBKI, Kecskemét, Évi kutatási jelentés 1984.

Lehoczky J., Farkas G. és **Lázár J.** (1986): A szőlő érnekrózis vírus kimutatása a termesztett szőlőfajták tőkéiből. Kertgazdaság, 18 (4): 59–65.

Lehoczky J., Kölber M., Beczner L. és **Pácsa, S.** (1984b.): A szőlő krómmozaik vírusbetegségének elterjedése hazánkban és vírusának kimutatása ELISA-technikával a szabadföldi tőkék leveléből. Kertgazdaság, 16 (4): 41–51.

Lehoczky, J., Luntz, O., Lázár, J., Kölber, M., Mikulás, J. and **Farkas, G.** (1992): Production of virus free grapevine propagating material in Hungary. 44th Internat. Symp. Crop Protection. Gent, Belgium, 333–339.

Lima, M. F., Alkowni, Uyemoto, J. K., Golino, D., Osman, F. and **Rowhani, A.** (2006): Molecular analysis of a California strain of Rupestris stem pitting associated virus isolated from declining Syrah grapevines. Arch. Virol., 151: 1889–1894.

Little, A. and **Rezaian, M. A.** (2006): Improved detection of grapevine leafroll-associated virus 1 by magnetic capture hybridisation RT-PCR on a conserved region of viral RNA. Arch. Vir. Absr., 151: 753–761.

Martelli G. P. (1993): Graft transmissible diseases of grapevines, FAO, Rome.

Martelli, G. P., Sabanadzovic, S., Abou Ghanem-Sabanadzovic, N. and **Saldarelli, P.** (2002): Maculavirus, a new genus of plant viruses. Virol. Div. News., 147 (9): 1847–1853.

Martelli, G.P. and **Boudon-Padieu, E.** (ed.) (2006): Directory of Infectious Diseases of Grapevines and Viroses and Virus-like Diseases of the Grapevine, Bari

Meng, B., Johnson, R., Peressini, S., Forsline, P. L. and **Gonsalves, D.** (1999): Rupestris stem pitting associated virus 1 is a consistently detected in grapevine that are infected with rupestris stem pitting. Eur. J. Plant Pathol., 105: 191–199.

Meng, B., Li, C., Goszczynski, D. E. and **Gonsalves D.** (2005): Genome sequences and structures of two biologically distinct strains of Grapevine leafroll-associated virus 2 and sequence analysis. Virus Genes, 31: 31–41.

Minarfa, A., Saldarelli, P. and **Martelli, G. P.** (1997): Grapevine virus A: nucleotide sequence, genom organization, and relationship in the Trichovirus genus. Arch. Virol., 142: 417–423.

Murolo, S., Romanazzi, G., Rowhani, A., Minarfa, A., La Notte, P., Branzanti, B. M. and **Savino, V.** (2008): Genetic variability and population structure of Grapevine virus A coat protein gene from naturally infected Italian vines. Eur. J. of Plant Pathol., 120: 137–145.

Nakaune, R., Inoue, K, Nasu, H., Kakogawa, K., Nitta, H., Imada, J. and **Nakano, M.** (2008): Detection of viruses associated with rugose wood in Japanese grapevines and analysis of genomic variability of Rupestris stem pitting-associated virus. J. of Gen. Plant Pathol., 74: 156–163.

Nolasco, G., Santos, C., Petrovic, N., Teixeira Santos, M., Cortez, I., Fonesca, F., Boben, J., Nazaré Pereira, A. M. and **Sequeira, O.** (2006): Rupestris stem pitting associated virus isolates are composed by mixtures of genomic variants which share a highly conserved coat protein. Arch. of Virol., 151: 83–96.

Pocsai, E. (1981): Occurence of Grapevine Bulgarian latent virus in Hungary. Acta Phytopat., Acad. Sci. Hung., 16: 349–354.

Pompe-Novak, M., Gutiérrez-Aguirre, I., Vojvoda, J., Blas, M., Tomažič, I., Vigne, E., Fuchs, M., Ravnikar, M. és **Petrovič, N.** (2007): Genetic variability within RNA2 of Grapevine fanleaf virus. Eur. J. Plant. Path., 117: 307–312.

Pribék D. (1999): A vírusátvitel módszerei In: Horváth J., Gáborjányi R. (szerk.) Növényvírusok és virológiai vizsgálati módszerek. Mezőgazda Kiadó, Budapest. 91–100.

Saldarelli, P., Keller, H., Dell'orco, M., Schots, A., Elicio, V. and **Minarfa, A.** (2005): Isolation of recombinant antibodies (scFvs) to Grapevine virus B. J. Vir. Meth., 124: 191–195.

Sárospataki Gy. (1964): A szőlő-vírusbetegségek hazai vizsgálata. Kísérl. Közl., 57/C. 63–80.

Schieber, O., Seddas, A., Belin, C. and **Walter, B.** (1997): Monoclonal antibodies for detection, serological characterization and immunopurification of Grapevine fleck virus. Eur. J. Plant Path., 103: 767–774.

Sforza, R., Boudon-Padieu, E. and **Greif, C.** (2003): New mealybug species vectoring Grapevine leafroll-associated viruses-1 and 3 (GLRaV-1 and -3). Eur. J. Plant Pathol., 209: 975–981

Walter, B. and **Martelli, G. P.** (edt) (1997): Sanitary Selection of the Grapevine: Protocols for Detection of Virus and Virus-like Diseases. INRA, Paris, France

Zhang, Y.-P., Uyemoto, J. K., Golino, D. A. and **Rowhani, A.** (1998): Nucleotide sequence and RT-PCR detection of a virus associated with Grapevine rupestris stem pitting disease. Phytopathology 88: 1231–1237.

REVIEW OF GRAPEVINE VIRUSES AND VIRUS DISEASES IN HUNGARY

Eszter Cseh[1], J. Lázár[2], A. Takács[1], Gabriella Kazinczi[1] and **R. Gáborjányi[1]**

[1]University of Pannonia, Georgicon Faculty of Agriculture, Plant Protection Institute, Keszthely, H-8360 Deák F. Str. 16.

[2]Corvinus University, Budapest, Research Institute for Viticulture and Oenology, H-6001, Kecskemét, P.O. Box. 25.

Because of vegetative propagation in grapevine plantations the danger of virus infection is constant and the possibility of the appearance of new diseases is relatively high. Until now fifteen virus diseases have been reported from Hungary. In the present study the disease symptoms were separated into six groups, and the seventh contains the diseases where the pathogen was not characterised properly. The grapevine infectious degeneration caused by different Nepoviruses, namely the *Grapevine fanleaf virus* (GFLV), *Arabis mosaic virus* (ArMV), *Grapevine chrome mosaic virus* (GCMV), *Tomato black ring virus* (TBRV) and the *Grapevine Bulgarian latent virus* (GBLV). The *Grapevine fleck virus* (GFkV) represents a separated group of symptoms. The third type, the leafroll symptoms caused by the members of Grapevine leafroll associated viruses (GLRaV 1–9). The causal agent of the fourth group of symptoms, the grapevine yellow mottle, was the *Alfalfa mosaic virus* (AMV). The line pattern symptoms caused by the infection of Grapevine line pattern virus (GLPV). The rugose wood symptoms provoked by the *Grapevine virus A* (GVA), *Grapevine virus B* (GVB) and the *Rupestris stem pitting associated virus* (RSPaV). In the eighth group the virus diseases were collected, which still did not detected in Hungary, but their appearance is prospected in the near future.

KRÓNIKA

JÓ EMBEREK, SZÉP NÖVÉNYEK, CSODÁLATOS VÍRUSOK: EGY ÖTVEN ÉVES KUTATÓI-OKTATÓI ÉLETPÁLYA AJÁNDÉKAI[1,2]

Horváth József

Pannon Egyetem, Georgikon Mezőgazdaságtudomnyi Kar, Növényvédelmi Intézet, 8360 Keszthely, Deák F. u. 16.
Kaposvári Egyetem, Növénytani és Növény-termesztéstani Tanszék, 7400 Kaposvár, Guba S. u. 40.

Amikor felkérést kaptam arra, hogy ötven éves kutatói-oktatói pályafutásomról tartsak egy előadást, egy visszaemlékezést, akkor olyan kiváló a magyarországi növényvédelemnek és az egyetemes tudománynak hírnevet és megbecsülést szerzett tudós barátaimnak előadássorozatát követem, mint Bognár Sándor, Király Zoltán, Klement Zoltán, Kuroli Géza, Sáringer Gyula és sokan mások. A „növényvédelem nagy öregjeinek" (idézet mástól) nyomában, én is az öregkorba lépve semmi indokot nem találtam arra, hogy a megtisztelő felkérést ne fogadjam el. Noha jól tudom, hogy az emberi élet késői szakasza nem kevés hátránnyal jár. Kétségtelen azonban az, hogy az öregkornak nagy előnye, hogy megismerte számos történetnek a végét (nem volt mind örömteli), de talán nagyobb előnye az, hogy kutatásunknak és oktatásunknak számos kedvezőtlenül érintő következményeit már nem ismeri meg.

Visszatérve az előzőekben elmondottakra, volt egy másik indokom is arra, hogy ennek az előadásnak a megtartását elfogadjam. Ez pedig az, hogy ötven évvel ezelőtt 1957. december 1-jén a pár nappal korábban kapott Keszthelyi Mezőgazdasági Akadémia oklevelével, Belák Sándor (1918–1978) a Délnyugat-Dunántúli Mezőgazdasági Kísérleti Intézet (Keszthely) igazgatója bátor helytállással, az 1956-os forradalom és szabadságharc eseményei miatt az Akadémiáról eltávolított tanárommal Rainiss Lajossal (1916–1974) együtt felvett intézetébe. Itt alapítottuk meg – ismereteim szerint – az első hazai, kutatóintézeti Növényvédelmi Csoportot, amely 1950-es évek nemzetközileg is élenjáró kutatási irányához, a növényvirológiához, a helmintológiához és a herbológiához csatlakozott.

Sajnálom, de fiatal koromban nem gondoltam arra, hogy írásos feljegyzéseim hiánya egyszer majd öregkoromban a tőlem kért visszaemlékezéseimben segítség nélkül hagy. De az exhibicionizmus minden formája mindig távol állt tőlem. Ma már tudom és érzem, hogy „emlékeink szétesnek, mint a szövetek". Ezért a megmaradt emlékezés ébrentartására szolgáljon ez a visszaemlékezés, amelyben az elmúlt évtizedre, de leginkább az elmúlt fél évszázadra tekintve szeretnék beszélni az iskola szerepéről, a kutatói pályáról, a kutató-diák mozgalomról (KutDiák Mozgalomról) és a tudományos diákkör (TD) kapcsolatáról, valamint a kutatói-oktatói életpályámat meghatározó szerencséről, inspirációról, eltökéltségről és alázatról, végül pedig életemet széppé és boldoggá tevő ajándékokról, a kutatásaim tárgyát képező növényvírusokról.

Az Iskola feladata és szerepe

Szent-Györgyi Albert (1893–1986) magyar származású orvos, Nobel-díjas biokémikus 1940/41-ben a Szegedi Tudományegyetemen rektori székfoglalójában azt mondta, hogy az egyetem feladata hármas: (1) Legősibb hivatása gyűjteni, terjeszteni és gyarapítani az emberi

[1] Elhangzott a Magyar Agrártudományi Egyesület Növényvédelmi Klubjában (Földművelésügyi és Vidékfejlesztési Minisztérium, Budapest, 2007. december 3).

[2] **Megemlékezéssel a fiatalon elhunyt dr. Beczner László (1938–1988) növényvirológus munkatársamra és Molnár Katalin (1948–2007) asszisztensemre.**

tudást, (2) kis számban nevelni a jövőnek tudósokat, akik majdan ezt a hivatást átveszik tőlünk és (3) Nevelni a haza számára polgárokat, akik el vannak látva a szellem fegyverével. Azt gondolom, hogy ezek a gondolatok, több mint hat évtized távlatából ma is időszerűek. Röviden szólni szeretnék mindháromról. Jó tanítás csak ott folyhat, ahol él a kutatás szelleme, az igazságok keresésének lelkes szeretete. Hangsúlyozni kell, hogy a 21. század a tudomány évszázada, és jaj azoknak, akik ezt az igazságot nem ismerik fel. Tudomány nélkül nincs emberarcú 21. század. Julian Tobias (1910–1963) fiatalon elhunyt amerikai fiziológus a következőket mondta: „A halál, a betegségek és a szegénység ellen folytatott állandó háborúban fajunknak leghatalmasabb fegyvere a tudomány". A haza számára olyan polgárokra van szükség – amint ezt Szent-Györgyi Albert hangsúlyozta –, akiknek műveltsége jelenti a demokratikus állam alapvető attribútumát. A szellem képes csak biztosítani az ember szabad akaratát, amely választási lehetőséget teremt a jó és a rossz, a gonoszság és a jóság, a bűn és a szeretet között. Én szeretnék még egy negyedik szempontot is hangsúlyozni. Ez pedig a tehetséggondozás, amely az egyetlen megújuló erőforrás, ui. a tehetség nem önmagáért való, hanem a tehetség az egész nemzeté is. A tehetséggondozással együtt jár a fiatalok számára a világ összefüggéseinek megértése; ez pedig örömforrás, a megértés öröme, a szép és izgalmas pálya feltétele. Szeretnék emlékeztetni Klebelsberg Kunó (1875–1932) vallás- és közoktatásügyi miniszternek – aki 1922–1931 között volt Magyarország és a 20. század legkiemelkedőbb kultúrpolitikusa – az 1925. évi „Tehetséghalászati törvényére", amely előírta, hogy az ország összes oktatási intézménye köteles a kultuszminiszternek jelenteni, ha tehetséges gyerekre talált. Hangsúlyozta azt is, hogy „a magyar nemzet nem elég gazdag ahhoz, hogy akár egyetlen tehetséget is, hagyjunk elkallódni". Ez ellentétben áll a mostani szűk látókörű politikai kijelentéssel: „ha nem tetszik el lehet menni". Sajnos a mostani politika többet foglalkozik a hátrányos helyzetűekkel, mint a kiválókkal. Azért, mert a hátrányos helyzetűek támogatásából több politikai hasznot remél. Sajnos ellentmondás van a fentiek megítélésében a család és az állam között is. A család (szülők) ui. gyermekük támogatására, tehetsége kibontakoztatására minden áldozatot meghoz! Az állam az oktatást – nem beszélve a kutatásról – a maradékelv alapján finanszírozza.

Most, amikor soha nem látott megszorítások és kilátástalanság előtt áll széthulló nemzetünk, tudományos, oktatási és művészeti életünk, akkor a végleges hit- és reményvesztés előtt hangsúlyozni kell, hogyha fenn akarjuk tartani vagy megőrizni nemzetünk versenyképességét, akkor biztosítani kell tudományos életünk és oktatásunk anyagi támogatását, amely a valóságban nem támogatás, hanem befektetés, befektetés a jövőbe! Érdemes hangsúlyozni azt is, amit Klebelsberg Kunó 1922-ben egy miniszteri expozéjában mondott: „A kultúra, az oktatás, a népművelés, a tudományos kutatás és az elitképzés nem egy ország luxusa, ellenkezőleg, gazdasági, társadalmi stabilitásának, felemelkedésének eszköze".

Örömmel és bizakodással tölthet el bennünket az a tény, hogy Csányi Sándor az OTP vezérigazgatója 2005-ben magánvagyonából 1 milliárd Ft-os alaptőkével létrehozta a „Csányi Alapítvány a Gyermekekért" közhasznú alapítványt, vagy a Demján Sándor által létrehozott Alapítvány, vagy az új Comenius Program, amelyek mind a hátrányos helyzetű, de tehetséges gyermekek kibontakoztatásának megsegítésére, a magyar szellemiség megőrzésére irányulnak. A tehetséggondozás a tudás alapú társadalom alapja, amelynek letéteményezője a jó iskola. Mi jellemzi a jó iskolát? (1) Magasan kvalifikált tanárok, (2) jó tanár–diák kapcsolat, (3) pozitív kisugárzású tanárok, (4) tehetséggondozás, (5) Jó infrastruktúra, (6) külföldi tanár–diák cserekapcsolatok, (7) idegen nyelv(ek) tanulásának biztosítása és (8) jó emberi, szabad alkotói légkör. Érdemes hangsúlyozni azt is, amit Berde Áron (1819–1892) a Kolozsvári Egyetem tanára, az MTA tagja 1872-ben mondott: „Az egyetemet nem szürke falai, hanem tanárai tehetik naggyá". Arányi Lajos (1812–1887) akadémikus, a hazai kórbonctan első professzora azt mondta, hogy „Az a jó tanár, aki feleslegessé teszi magát, mert magánál különb tanítványokat

nevel". Ennél nagyszerűbb érzés nem lehet. Marx György (1927–2002) fizikus, az MTA r. tagja egyik munkájában azt írta, hogy „Az a szép a tanár hivatásában, hogy magunknál is okosabbá tudjuk nevelni tehetséges tanítványainkat". Németh László (1901–1975) a „Sajkódi esték" c. művében olvasható az, hogy „… utasok vagyunk, az élet legnagyobb öröme a tanulás, de az élet nemcsak utazás, hanem szobrászmunka is: valami szépet kihozni önmagunkból, az élő anyagból és azt a környezetre is kiterjeszteni". Masao Ito japán professzor – akit nemrég a Magyar Tudományos Akadémia tiszteleti tagjai sorába választott – székfoglaló előadásában, Budapesten hangsúlyozta, hogy a 21. században, a tudásra épülő társadalomban két fontos dologra kell figyelni. Az egyik az iskola, amelynek koncentrálni kell arra, hogy a diákokat megismertesse a tudomány szépségeivel, amely elősegíti a kreativitás kifejlődését. A másik dolog az ismeretanyag elsajátítása, a személyiség formálása, amelyhez kiváló szellemi vezetőkre van szükség. Több mint nyolc évtized távlatából arra is figyelmeztetni kell, amit Klebelsberg Kunó 1923. október 14-én a Pécsi Egyetem évnyitóján mondott: „A modern egyetemi tanulás nem áll már az előadás puszta meghallgatásából, hanem az ifjúnak bele kell tanulnia a tudományos kutatás módszereibe is. Az olyan egyetem, amely ezt nem nyújtja, lehet szakiskola, de semmi esetre sem egyetem".

A 20. század tudományos és információs forradalma olyan exponenciális folyamatot eredményezett, amelynek következtében ma már az előállított áru értékét döntően nem a nyersanyag és a fizikai munka, hanem mintegy 80%-ban a hozzáadott szellemi érték, a kreatív munka, a tudás eredménye határozza meg. Ezért különösen időszerű a Budapesten, 2007 novemberében megrendezett Tudomány Világfórumának (World Science Forum, WSF) mottója: „Investing in knowledge, investing in the future" (Befektetés a tudásba, befektetés a jövőbe). A 2007. évi rendezvény a tudás forrásaira helyezte a súlyt. „A befektetés a jövő generációba" c. szekcióülést, az Európai Unióval együttműködve, a World Academy of Young Scientist (WAYS) szervezte. A szekció hangsúlyozta a megfelelő szintű általános iskolai képzés fontosságát is, különös tekintettel a tehetségek támogatására.

A tudomány és a kutatói pálya

A tudomány, mint általában a szellem, a maga világát teremti meg, amelyben a hivatalostól független, valódi értékrendek és rangsorok léteznek. Szent-Györgyi Albert a tudományos munkával kapcsolatban azt írta, hogy „Keskeny utca, széles árok, ha dolgozom, nem ugrálok". Ezzel kifejezésre juttatta a tudományos munkának mint alkotótevékenységnek különleges voltát. Hasonló gondolatokat fogalmazott meg Thomas S. Kuhn (1922–1996) tudománytörténész „A tudományos forradalmak természete" c., 1962-ben megjelent könyvében, amely a világ 21 nyelvén, több mint egymillió példányban jelent meg: „A tudomány teraszos szerkezetű táj, ahol a konszolidált kutatások fennsíkjain végig kell menni ahhoz, hogy elérjünk a meredélyekig, melyeken föltörve újabb, immár magasabban fekvő fennsíkokra jutunk". Ezzel a hivatkozással azt szeretném hangsúlyozni, hogy egy tudományterület alapvető megértéséhez a holisztikus szemléletre és eredményei eléréséhez vezető út teljes megismerésére is szükség van. Ez az összefüggések megértésének a garanciája. Időszerű azt is hangsúlyozni, amit Pléh Csaba pszichológus, akadémikus, az MTA főtitkárhelyettese „A tudomány szabadsága a pénz világában" c. munkájában írt: „A tudós világában a legfőbb mozgató erő nem a társadalmi elismertség, nem a népszerűség, nem a kilépés a tömegközlés világába, hanem a szigorú, belső világ általi elismertség". Ennek hangsúlyozása ma, az anyagi és erkölcsi értékváltás idején, különösen időszerű.

Szólni szeretnék a tudóst motiváló „közlési vágyról", a „kevés–sok publikáció" vitájáról, a „ kis hal – nagy hal" esetéről, a „példaképekről", a „van tanítvány – nincs tanítvány" kérdéséről és a „vizsga" értékéről.

Közlési vágy (publikálás)

Az igazán nagy tudós legfontosabb motivációja az emberiség szolgálata és tudományos

eredményeinek közlése (a publikáció). Berényi Dénes fizikus, az MTA r. tagja „Munkakultúra és természettudományos fejlődés" c. munkájában a következőket írta: „Aki eredményeit a fiókba teszi vagy olyan folyóiratokban közli, és olyan nyelven, amit senki sem olvas vagy ért, az nem tudományos, hanem amatőr munkát végez". A fentiekkel kapcsolatban alapvetően egyetértek, de hangsúlyozni szeretném azt is, hogy magyar nyelven, magyar folyóiratokban is kötelesség publikálni, mert a magyar nyelvű kiemelkedő publikációk (könyvek), egyetemi jegyzetek nélkülözhetetlenek a fiatal, kezdő kutatók, oktatók számra; az anyanyelvünkön írt közlemények önbecsülésünk és értelmünk jelei is. Ha saját nyelvünk érdektelenné válna számunkra, ha elveszne az írásbeli kultúra és az érzelmi hagyomány, akkor nem csak a magyar, hanem az egyetemes tudomány is szegényebbé válna. Orbán Ottó (1936–2002) költő, esszéista, a Széchenyi Irodalmi és Művészeti Akadémia tagja „Ostromgyűrű" c. versében az élet és halál gondolatai között milyen csodálatosan ír a DNS-ről, amely a magyar és egyetemes tudomány, a kultúra és az irodalom integráns része: „Az élet a DNS álma a hallhatatlanságról, / melyet öregkorunkban verítékes ébredés követ". Kisfaludy Sándor (1772–1844) „A Himfy szerelmei" (1807) c. verses munkájának előszavában – amely ma is aktuális – a következőket írta: „A nyelv köti az embereket oly nemzeti nyalábbá, melynek a politika vészei nem árthatnak;… A nyelv lelke a nemzetnek". Tudományterületemen írt összefoglaló munkák (review-cikkek), különösen fiatal kutató koromban, jelentősen hozzájárultak egy-egy tudományos probléma jobb megértéséhez. De legnagyobb haszna abban volt, hogy tudományterületemen addig szerzett hiányos ismereteimet pótoljam.

Kevés–sok publikáció

A kevés–sok publikáció vitájával kapcsolatban az a véleményem, hogy egy kutatás akkor fejeződik be, ha eredményeit publikálják. Kevés kutatási eredmény kevés publikációt, több kutatási eredmény általában több publikációt jelenthet. Egy kutatói teljesítmény értéke azonban nem feltétlen a publikációk számával mérhető. Minden publikált eredmény azonban közkincs, és azért fontos, mert csak róla lehet véleményt mondani (jót vagy rosszat). A publikáció jelentős mértékben segíti a fiatal kutatók előrejutását, pályázatok elnyerését, és velük kapcsolatban megismerhetik munkájuk értékét, de bírálatát is. A szakszerű, objektív bírálat minden életkorban fontos, de különösen hasznos fiatal korban. Kezdő, fiatal kutatói éveimben a budapesti Növényvédelmi Kutató Intézetben kézről kézre adtuk megjelenés előtti dolgozatainkat, és a velük kapcsolatos észrevételek nagyon hasznosak voltak. Ez a „régi szokás" ma sajnos eltűnőben van. A publikálás nem utolsósorban kutatói kötelesség, fellépés a tudomány egyetemes színpadán, és elszámolás is a megelőlegezett anyagi támogatással (bizalommal).

Kis hal – nagy hal

A kis hal – nagy hal esetéről Oláh György a most 80 éves, magyar származású Nobeldíjas kémikus, a Magyar Tudományos Akadémia tiszteleti tagja 2003-ban interjút adott Egyed Lászlónak, és a következőt mondta: „A kis tóban felnövő ember nagynak érezheti magát. De ha a világ nagy óceánjába kerül, az hasznára válik. Aki egész életét kis tóban éli le, az nem ismerheti meg korlátait, de nem is válhat nagy hallá". Ez az interjú több szempontból is lényeges dolgokra mutat ár. Mindenekelőtt a kutató saját munkáját, tudását illetően legyen mértéktartó. Képességeit tegye próbára itthon és külföldön, mértékadó külföldi kutatóintézetekben, egyetemeken. Egy kutató igazi nagyságának felismerése kicsinységének beismerésében rejlik.

Példaképek

A példaképek az emberi életben nagyon fontosak. De azt tanácsolom, hogy példaképeket fiatal korban kell választani. Én is így tettem, és nem bántam meg. A példakép(ek) megválasztásakor az emberi, erkölcsi és szakmai szempontok a legfontosabbak.

Van tanítvány – nincs tanítvány

A van tanítvány – nincs tanítvány kérdését nem könnyű megválaszolni. Mindig is voltak, és mindig lesznek iskolateremtő tudósok, akik világhírű tanítványokat adtak, és feltehetően adnak is a világnak. Ilyen pl. a magyar származású amerikai, most 80 éves Lax Péter matematikus, akinek 55 tanítványa nyerte el a PhD fokozatot. A világhírű Francis Crick (1916–2004), aki James Watsonnal 1953-ban felfedezte a DNS molekuláris szerkezetét, a „kettős csavart", és aki ezért a felfedezésért J. Watsonnal és M.H.F. Wilkins-szel együtt 1962-ben orvosi-élettani Nobel-díjat kapott, egyetlen tanítványa sem volt, ennek ellenére a világ legkiválóbb tudósainak egyike. Felfedezésük jelentőségére utal Charles A. Jencks „kettős csavar" szobra a Cold Spring Harbor Laboratory (Cold Spring Harbor, New York, USA) területén *(Borító/3. oldal),* amely Hargittai István akadémikus szerint a tudományokon túlmenően megtalálta a helyét a művészeti alkotásokban is, és ezzel hozzájárult a hídveréshez a „két kultúra" között (cf. Magyar Tudomány, 5: 548–556, 2003). Matt Ridley: „Francis Crick. Discoverer of the Genetic Code" (Harper Press/Harper Collins Publisher, 2006) c. könyvében Cricket egy „hidegvérű lángész"-nek (a Nonchalant Mastermind) nevezte, aki – szerinte – sokkal jelentősebb volt a nagy felfedezésben, mint J. Watson. Mint ismert, Cricknek csupán egyetlen doktorandusza volt, de az is csak egy évig. Kerülte a tanítványokkal a foglalkozást. De mindig volt vele együtt dolgozó kutatótársa. Ilyen volt pl. Sydney Brenner, orvosi Nobel-díjas molekulárbiológus, akivel 20 évig egy szobában dolgozott.

A vizsga és a vizsgáztatás

A vizsga és a vizsgáztatás eredménye (ha jó, ha rossz) nem garantálja és nem zárja ki a sikeres kutatói pályát. Max Delbrück (1906–1981), mint ismert, doktori értekezésén dolgozott Göttingenben, ahol Robert Pohl német professzor, a fizikus és medikus egyetemi hallgatóknak, doktoranduszoknak – közöttük Delbrücknek is – kurzusokat tartott. Robert Pohl – mint ismert – a vizsgán a mérleg érzékenységéről kérdezte Max Delbrücköt, és megbuktatta. Delbrück pedig később, 1969-ben orvosi-élettani Nobel-díjat kapott. Ezzel a példával természetesen nem azt akarom hangsúlyozni, hogy egy sikeres tudományos életpálya „feltétele" a sikertelen vizsga.

A Kutató Diák (KutDiák) Mozgalom és a Tudományos Diákkör (TD) kapcsolata

Az 1996-ban létrejött, KutDiák Mozgalom a középiskolai kutató diákok képességeinek kibontakoztatását és az elkallódás megakadályozását segíti elő. A Mozgalom a diákok, a középiskolai tanárok, egyetemi mentorok, konzulensek együttműködő kapcsolatára épül. A Mozgalom különös jelentősége abban van, hogy a „tizenéves" kort kísérő jelenségek (unalom, káros energiák, az alkohol, a kábítószer stb.) levezetésére, ill. az egyéniség kifejlődésére, a jellem megszilárdulására, kutatási tapasztalatok és örömök megszerzésére, a publikációs társszerzőség élményének és hajtóerejének megismerésére egyaránt alkalmas. Én a KutDiák Mozgalmat a TD bölcsőjének tekintem.

A KutDiák Mozgalom alapítója Csermely Péter biokémikus, a SOTE Vegytani Intézet (Budapest) professzora. Jelenleg mintegy 4000 magyar és 1000 határainkon túli magyar diák és 800 magyar és külföldi egyetemi tanár, akadémikus mentora van a Mozgalomnak. Venetianer Pál biokémikus, az MTA r. tagja, a Mozgalom egyik mentora a káptalanfüredi KutDiák táborban, mint előadó, 2003-ban a következőket mondta: „Adyt, aki ifjú szívekben él – követve én is megifjodtam itt, nagyon örülök, hogy alkalmam volt beszélni, remélem a diákok nem öregedtek hozzám". Ezt én is – aki mentorként Takács András doktoranduszommal és azóta Ph.D. fokozatot szerzett habilitált egyetemi adjunktus munkatársammal együtt részt vettem a keszthelyi Vajda János Gimnázium egyik KutDiák-jának a Pannon Egyetem, Georgikon Mezőgazdaságtudományi Kar Növénykórtani és Növényvirológiai Tanszékén végzett kutatómunkájának irányításában –, meg tudom erősíteni; fiatal, tehetséges

tanítványok, doktoranduszok között élni és dolgozni, a legjobb ellenszer az öregedés ellen. Büszkék vagyunk arra, hogy egykori KutDiák tanítványunk ma a budapesti SOTE V. éves orvostanhallgatója, és eredményes kutatómunkát végez az ELTE Genetikai Tanszékén, Budapesten. A hazai KutDiák, TD és Országos Tudományos Diákkör (OTD) Mozgalom azért példaértékű, mert olyan misszió, amely 15 millió magyar között találja meg azokat a fiatalokat, akik az Európai Unióban (EU) az egész magyar nemzetért fognak dolgozni (reményeim szerint). A KutDiák Mozgalom eredménye a tehetséges középiskolai diákoktól, a tudomány iránt elkötelezett, lelkes középiskolai tanároktól, az egyetemi oktató-kutató tanároktól és ezek együttes munkájától függ.

Az oktatásról és a kutatásról elmondottak összegezéseként az a véleményem, hogy az oktatói-kutatói pálya belső kényszerek mentén alakul, olyan kényszerek mentén, amelyekbe bele lehet fáradni, sőt bele is lehet halni. De vannak olyan pozitív példák, amelyek azt igazolják, hogy a körülmények nem feltétlenül változtatják „áldozattá" az elhivatott oktatót, kutatót. Most 72. évemben, egy ötven éves kutatói-oktatói életpálya végén, úgy érzem, hogy a Gondviselés négy alapvető dologgal ajándékozott meg: ez a szerencse, az inspiráció, az eltökéltség és az alázat. Ezekről szeretnék röviden beszélni.

Szerencse

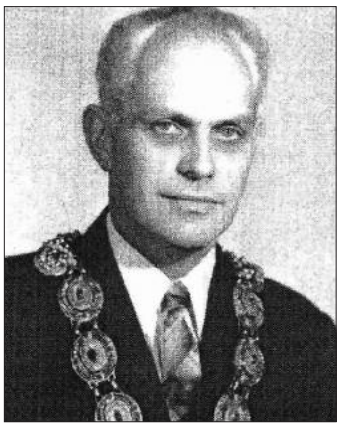
A szerencse engem akkor ért, amikor a Keszthelyi Gimnázium kitűnő tanárai (közöttük a korábbi Premontrei Gimnázium tanárai is), Torma Iván (egyetemünk későbbi tanára), Bojt Lajos, Németh Dezső, Szántó Imre, Jakabos Dénes és mások jó példát mutattak, tanítottak és neveltek. Nem kis jelentősége volt annak sem, hogy gimnáziumi, majd főiskolai, egyetemi éveim alatt atletizáltam. Neipor Iván keszthelyi és Papp Pál tapolcai atlétaedzőknek köszönhetem, hogy az 1952-es helsinki olimpián a világcsúccsal (60,34 m) nyert Csermák József (1932–2001) kalapácsvetővel együtt edzhettem, és több városi és megyei versenyen (sőt Budapesten a Mester utcai pályán is) 100 m-es síkfutásban és a 4×100-as váltófutásban első helyet szereztem (szereztünk). A sportnak köszönhetem, hogy megtanított a kitartásra, a fegyelemre, a kudarcok, de a sikerek elviselésére is.

A szerencse folytatódott. Olyan nagy formátumú professzoraim voltak a keszthelyi Mezőgazdasági Akadémián (Főiskolán, majd Egyetemen), mint Bagotai István (1904–1972), Belák Sándor, Berke Péter (1899–1986), Dőry Lajos (1904–1977), Homoródi Álmos Tibor (1897–1956), Jeszenszky Árpád (1896–1988), Kemenesy Ernő (1891–1985), Kulin Sándor (1904–1994), Láng Géza (1916–1980), Rainiss Lajos, Szigeti István (1917–1995), Végh György (1926–2001), Vladár Endre (1888–1967) és mások *(1. ábra).* Különös köszönettel és hálával gondolok Láng Géza professzoromra, a Keszthelyi Agrártudományi Főiskola rektorára, az MTA Agrártudományok Osztálya későbbi elnökére, aki kezdő kutatói éveimben lelkes támogatásáról biztosított, és aki ösztönzött egy növényvirológiai könyv megírására. Ennek eredményeképpen született meg a „Növényvírusok, vektorok, vírusátvitel" c. könyv, amely 1972-ben az Akadémiai Kiadónál (Budapest) jelent meg, és amely 515 oldalas terjedelmével, számos külföldi pozitív recenzióval 1974-ben elnyerte az Akadémiai Kiadó „Nívódíját".

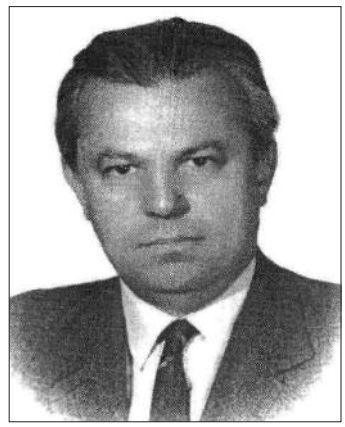
Az igazi szerencse vagy isteni kegyelem engem akkor ért, amikor az 1956-os forradalom és szabadságharcot, mint szerencsésen túlélő, végzős egyetemi hallgatót Belák Sándor igazgató, a Magyar Tudományos Akadémia későbbi tagja, a keszthelyi Délnyugat-Dunántúli Mezőgazdasági Kísérleti Intézetbe fogadott fiatal kutatóként Rainiss Lajossal a keszthelyi Mezőgazdasági Akadémiáról 1956-ban eltávolított kiváló tanárommal együtt. Vele dolgozhattam, aki nemcsak kitűnő természetrajz-földrajz szakos tanár, biológus, zoológus, hanem rajongó természetszerető ember is volt. Az élet nagyszerűsége, hogy 18 évvel később abban a keszthelyi, egyetemi Növényvédelmi Intézetben, amelyet 1972-ben ő alapított, intézetigazgató és tanszékvezető lehettem. Az intézetben emléktáblával őrizzük felejthetetlen emlékét.

Tudományos pályám alakulásában döntő jelentőségű volt, hogy 1960-ban a budapesti

Belák Sándor *(1919–1978)*



Láng Géza *(1916–1980)*

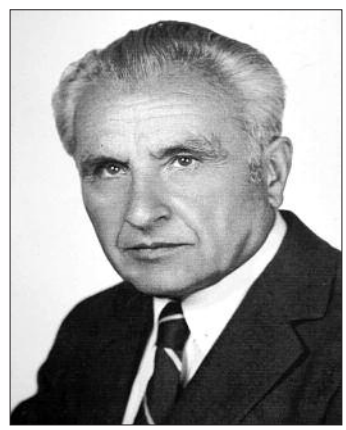


Rainiss Lajos *(1916–1974)*

1. ábra. Professzoraim a keszthelyi Mezőgazdasági Akadémián

Ubrizsy Gábor *(1919–1973)*

Szirmai János *(1909–2001)*



Klement Zoltán *(1926–2005)*

2. ábra. Ubrizsy Gábor a budapesti Növényvédelmi Kutató Intézet igazgatója, Szirmai János a Növényvirológiai Iskola, és Klement Zoltán a Bakteriológiai Iskola magyarországi megteremtője

Növényvédelmi Kutató Intézetbe kerültem, és munkatársa lehettem olyan kitűnő, nemzetközileg elismert tudósoknak, mint Dohy János (1905–1990), Farkas Gábor (1925–1986), Jermy Tibor, Király Zoltán, Klement Zoltán (1926–2005), Pozsár Béla (1922–1981), Sáringer Gyula, Solymosy Ferenc, Szirmai János (1909–2001), Ubrizsy Gábor (1919–1973) és sokan mások *(2. ábra).* Ebbe az intézetbe később került, de korán elhunyt Beczner László (1938–1988) virológussal, és egykori aspiránsommal, Waheeb Hanna Besada (1935–1995) egyiptomi-magyar kutatóval, mint kiváló tudósokkal és barátokkal, valamint a velem sok éven át együtt dolgozó, hűséges és pótolhatatlan Molnár Katalin asszisztensemmel ajándékozott meg a Sors *(3. ábra).*

Kutatói pályafutásomban meghatározó jelentőségű volt a Budapesti Növényvédelmi Kutató Intézet Laboratóriuma Keszthelyen, ahol több mint másfél évtizeden át kitünő munkafeltételek és nagyszerű emberek társaságában „akadálymentesen" dolgozhattam *(4. ábra).* A Laboratórium szakmai és emberi légköre vonzotta mindazokat a tudósokat akik a munka iránti alázatot, hitet és humánumot elsőrendűnek tartották. A külföldi világszerte ismert több száz

Beczner László *(1938–1988)*

Waheeb Hanna Besada *(1935–1995)*

Molnár Katalin *(1948–2007)*

3. ábra. Egykori munkatársaim a Növényvédelmi Kutató Intézetben Beczner László, Waheeb Hanna Besada és asszisztensem Molnár Katalin

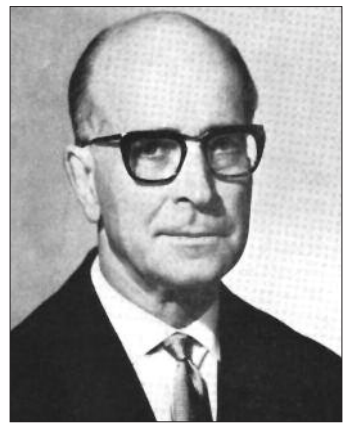
tudós közül C. Blattny, J. Chod, J. Svobodova (cseh), F.C. Bawden (angol), L. Bos (holland), J.C. Devergne, (francia), R.N. Goodmann (amerikai), D. Milicic, N. Juretic, D. Mamula (horvát), B.B. Nagaich (indiai), F. Nienhaus, K. Schmelzer, R. Fritzsche, H.L. Weidemann, H.E. Schmidt (német), M. Dziewonska, B.G. Tadeus (lengyel), W.H. Zshuravljev (orosz) virológusok és még sokan mások megtisztelték látogatásukkal a laboratóriumot. Mohamed Ali és Waheeb Hanna Besada egyiptomi aspiránsok tudományos munkájukat a laboratóriumban végezték. A laboratórium a hazai növényvédelmi tudománynak (víruskutatás, kísérletes rovarökológia és -etológia) egy olyan békés szigete, szellemi égboltja volt, amely felszámolását követő harminc év távlatából is mély emberi érzéseket és szeretetet sugároz felénk.

Talán érdeklődésre tarthat számot az, hogy mi jellemezte pályakezdésemet? Ezzel kapcsolatban Arthur Kornberg (1918–2007) orvos-élettani Nobel-díjas amerikai biokémikust idézhetem, aki két évvel halála (2007. október 27.) előtt „Gondolatok a régi tudományról" címmel dolgozatot közölt (*in*: Science 269: 1799, 1995): „Nem voltak akkor grantok, a laborfelszerelés gyatra volt … De a tudomány akár gazdag, akár szerény, nagyszerű. Egy kérdést megfogalmazni, melyet ha sikerül megválaszolni, újabb kérdést nyit meg, s mindezt olyan hasonlóan gondolkodó emberek társaságában, akikkel megoszthatod a váratlan és kitáruló lehetőségek izgalmát – ez az, amiről a tudomány szól". Ennél nem lehet találóbban jellemezni a II. világháború utáni éveket és pályakezdő éveimet.

4. ábra. A Növényvédelmi Kutató Intézet Laboratóriumának munkatársai és vendégei balról jobbra: Nagy Barnabás, Deseő Katalin, Horváth József, Jermy Tibor, Sáringer Gyula és Jenser Gábor (1974)

Erik Köhler *(1897–1985)*

Maximilian Klinkowski *(1904–1971)*



Klaus Schmelzer *(1928–1976)*

5. ábra. A német növényvirológia megalapítói

Szerencsémnek, a sors különös ajándékának tekintem, hogy pályafutásom utolsó 10–15 évében egy olyan egyetemi intézetet (Pannon Egyetem, Növényvédelmi Intézet, Keszthely), tanszéket (Növénykórtani és Növényvirológiai Tanszék), akadémiai kutatócsoportot (MTA-VE Növényvirológiai Kutatócsoport) és Doktori Iskolát (Kertészeti Tudományok Doktori Iskola, Keszthely) vezethettem, amely boldoggá és széppé tette életemet. Sajnos ez a lehetőség a rendszerváltás előtt nem volt elérhető számomra. Sajnálatosnak tartom azt is, hogy először csak 54 éves koromban (túlságosan későn), ért az a lehetőség, hogy fiatal, egyetemi hallgatókkal kapcsolatba kerültem. Az okok rajtam kívül állóak voltak, de erről nem szeretnék beszélni. Talán kárpótlás életemben, hogy most 72. évemben a Pannon Egyetemen (Keszthely), a Kaposvári Egyetemen (Kaposvár) és a Nyugat-Magyarországi Egyetemen (Mosonmagyaróvár) is taníthatok, kutathatok és a fiatalok között lehetek.

Inspiráció

Inspirációt azoktól a kiváló, nemzetközileg is elismert virológusoktól, tudósoktól kaptam, akiknek pályafutása és emberi magatartása is példamutató volt. A hazai virológusok és növénypatológusok közül nagy hatással volt rám Dohy János, Hinfner Kálmán, Király Zoltán, Klement Zoltán, Lehoczky János, Lovrekovich László, Solymosy Ferenc, Szepessy István, Szirmai János és V. Németh Mária. Közülük többen sajnos már nincsenek közöttünk. Amikor a keszthelyi Növényvédelmi Intézetben kezdeményeztem és megvalósítottam elhunyt elődeink arcképcsarnokát, akkor azzal az volt a célom, hogy mi és egyetemi hallgatóink naponta elmenve előttük, tekintsünk fel rájuk. Amikor Isaak Newton (1643–1727) azt mondta, hogy „óriások vállára állt", akkor a nagy elődökre gondolt. Nekünk sem árt hangsúlyozni, hogy mi is nagy elődeinknek köszönhetjük mai tudásunkat.

A külföldi tudósok – akikkel rövidebb-hosszabb ideig külföldön dolgozhattam – közül ki kell emelnem a német E. Köhler (1897–1985), K. Schmelzer (1928-1976), M. Klinkowski (1904–1971) *(5. ábra),* H.E. Schmidt, H.L. Weidemann, F. Nienhaus, D. Lesemann, R. Schick (1905–1969) és D. Rothacker, a holland J.A. de Bokx, L. Bos, R. Hoekstra, A.T.B. Rast (1930–2005), az angol M. Hollings, a horvát D. Miličić (1915–1993), N. Juretić, D. Mamula, Z. Stefanac professzorok nevét. Itt említem meg azok nevét is, akikkel igen szoros szakmai kapcsolatban voltam: O. Bode (1913–1981), H. Ross, R. Bartels (1915–2003) német, K. Maramorosch, F. Harris, C. Yarwood, J. Bamberg amerikai, S. Fuentes, W.M Roca, L. Salazar, M. Hinostroza, C.M. Ochoa perui,

D. van Slogteren, H. Huttinga, H.A. van Hoof, T.Ie, D. Peters, D.Z. Maat holland, Y. Roberts, C. Kerlan francia, M. Kus szlovén, G. Loebenstein izraeli, A.A. Brunt angol, H. Wenzl (1906–1990) osztrák, B. Nagaich, P. Khurana indiai és R.E.F. Matthews (1921–1995) újzélandi professzorokat. Ők a korábban említett magyar tudósokkal együtt tudományos elmélyülésem szempontjából meghatározóak voltak.

Kapcsolatomat a kutatáshoz a dependencia határozta meg, nem volt más, ami jobb lett volna. A hosszabb ideig tartó külföldi ösztöndíjas, vagy vendégkutatói meghívások közül kiemelem a német (Leipzig, Dresden, Rostock, Aschersleben, Halle, Bonn), a holland (Wageningen, Lisse), a horvát (Zagreb) és a szlovén (Ljubljana) egyetemeket és kutatóintézeteket, amelyek nagy hatással voltak rám. Ezeknek a tudományos együttműködéseknek köszönhetően, az elmúlt 50 évben 23 külföldi (angol, egyiptomi, holland, horvát, német, olasz, orosz) társszerzővel írtam hazai és külföldi tudományos folyóiratokban közleményeket *(1. táblázat)*.

A 25 magyar és külföldi asszisztensem közül kiemelem a német Karola Möller és a néhai Molnár Katalin (1948–2007) nevét, akiknek hosszú éveken át tartó kiemelkedő munkája, segítsége, felejthetetlen marad számomra, és soha el nem múló köszönet és hála illeti őket. De köszönettel tartozom azoknak az asszisztenseknek, segítőimnek is, akik a legutóbbi években intézeti, tanszéki és tudományos tevékenységemben mellettem voltak: Czimondor Imréné, Hun Lajosné, Ihász Zoltánné és Marton Ágnes *(2. táblázat)*.

1. táblázat

Külföldi társszerzőim (1958–2007)

R.J. Barton (angol)	✞ W.H. Besada (egyiptomi)
J.A. De Bokx (holland)	R. Hoekstra (holland)
M. Hollings (angol)	N. Juretic (horvát)
R. Koenig (német)	M. Krajacic (horvát)
D.E. Lesemann (német)	M. Libric (horvát)
W. Ljubesic (horvát)	D. Mamula (horvát)
VD. Milicic (horvát)	F. Nienhaus (német)
A. Onofri (olasz)	D. Reichenbächer (német)
VK. Schmelzer (német)	H.E. Schmidt (német)
Z. Stefanac (horvát)	D. Verderevskaja (orosz)
J. Vetten (német)	H.L. Weidemann (német)
H.G. Zschüttig (német)	

2. táblázat

Asszisztenseim (1958–2007)

Magyar		Külföldi
Balogh Éva	✞ Molnár Katalin	Sabine Bonse
Bollán Mária	Rothmanner Magdolna	Helga Knop
Bosnyákovics Katalin	Soós Erzsébet	Christa Maack
Bősze Ernőné	Szigeti Erika	Karola Möller
Czimondor Imréné	Szőke Alice	Muriel A. Schoor
Hun Lajosné	Tarcsi Éva	✞ Anna Skof
Ihász Zoltánné	Tőkés Andrea	Christa Storbeck
Marton Ágnes	Vágusz Magdolna	✞ H.A.J.I. Waterreus
Mizser Gyuláné		

Eltökéltség

Az eltökéltséghez kezdetben az az értelmes cél vezetett, amelynek kijelölésében az intézeti vezetőim és munkatársaim segítettek. És főképpen az, hogy a nehéz napokban (ilyenek is voltak) mellettük biztonságban érezhettem magamat.

Minden ember életében azonban vannak nehéz napok is; ilyen volt számomra az a sorsdöntő év 1960-ban, amikor két évi segédkutatói munka után a Délnyugat-Dunántúli Mezőgazdasági Kísérleti Intézet (Keszthely) – amely szoros kapcsolatban állt a Mezőgazdasági Akadémiával, mint oktatási intézménnyel – nem tartott igényt további munkámra, pedig doktori értekezésem befejezése előtt voltam. Távozásom nem szakmai okokra volt visszavezethető, hanem feltehetően arra a tevékenységemre, amelyet az 1956-os forradalom és szabadságharc napjaiban, III. évfolyamos agrármérnök hallgatóként Keszthelyen kifejtettem. A keszthelyi intézetből a budapesti Növényvédelmi Kutató Intézetbe – az akkori idők „gyűjtőintézetébe" – kerültem, ahol Ubrizsy Gábor akadémikus, igazgató bátor jóvoltából nem csak én, hanem az 1956-os forradalom és szabadságharc politikailag megvádolt tanárai (Dohy János, Rainiss Lajos és mások), tudományos életünk kiválóságai kerültek. Ennek az intézetnek a tülekedésmentes légköre, tudományos szelleme és politikamentessége jelentősen hozzájárult annak az eltökéltségnek a megerősítésében, amiről Pierre Curie

(1859–1906) a következőket mondta: „… ha a tudományt műveljük, nyugodtan állíthatjuk, hogy teszünk valamit: a talaj itt biztos, s minden felfedezés, még a legkisebb is, megmarad”.

Egy másik sorsdöntő évet is kiemelek életemből. Németországi aspirantúrámról hazatérve 1964-ben, hosszú súlyos betegségemből dr. Gevicser Pál pulmonológusnak, a mellettem állóknak és a Gondviselésnek köszönhetően meggyógyultam, és befejezhettem kandidátusi értekezésemet (A burgonyát fertőző vírusok differenciálásának módszerei és a burgonya Y-vírustörzsek, *Marmor upsilon* Holmes tulajdonságai. Rostock–Budapest, 1966). A nehéz napokban megtanultam – egy életre szólóan –, hogy letérdelni és az Égre nézni milyen jó emberi tulajdonság.

Eltökéltségemben a növények és a természet szépsége iránti kifogyhatatlan vágy – amit paraszt őseimtől örökölt géneknek köszönhetek – is szerepet játszott. Mint első generációs értelmiségi arra nem tudok válaszolni, hogy a kutatói pálya iránti elkötelezettségemben tanulatlan őseimnek milyen genetikai szerepük volt. De hiszek abban, hogy a tudomány iránti tisztelet és szeretet egy tőről fakad, és ennek génjei azonos kromoszómákon vannak kódolva. A természet szeretete és szépsége keltette fel figyelmemet akkor, amikor a növényvilág ismeretlen betegségeinek megismerése felé fordultam. Az ismeretlenség megismerése volt az a hajtóerő – az a hit –, amely a beteg növényekben és a beteg növények válaszreakcióiban, a tünetek kifejeződésében (a szimptómákban) és a növények kórokozókkal szembeni ellenállóságában kereste kutatásának értelmét és tárgyát, a láthatatlan, de csodálatos vírusokat, amelyek évszázadokon át nem csak a kutatók ezreit, hanem a költőket, írókat és képzőművészeket is rabul ejtették.

A tudományba vetett hitnek és eltökéltségnek köszönhetem, hogy 50 éves pályafutásom alatt gyönyörködhettem a növények csodálatos színvilágában, és közel férkőzhettem betegségeik és ellenálló képességük megismeréséhez is. Klaus Schmelzer a korán, tragikus körülmények között elhunyt, egyik legjelentősebb német virológus – akivel hosszú éveken át, szoros szakmai és baráti kapcsolatban voltam – egyik könyvét (Wirtspflanzen der Viren und Virosen Europas. Johann Ambrosius Barth, Leipzig 1971) megküldve a következő ajánlást írta: „Für denjenigen, dem die Pflanze in der Virologie das wichtigste ist, kann die Kenntnis des Wirtspflanzenkreises eines Virus durch nichts ersetzt werden”. Klaus Schmelzer emlékének szentelve írtam meg Akadémiai Doktori Értekezésemet (Vírus-gazdanövénykörök és vírusdifferenciálás. Budapest–Keszthely 1976. 607. pp.), amely alapját képezte az Amerikai Egyesült Államokban élő A. Misra professzor felkérésére írt, Indiában megjelenő könyvemnek (Hosts and Non-hosts of Plant Viruses. Today and Tomorrow’s Printers and Publishers, New Delhi, 1982), a magyar Medicina Könyvkiadó (Budapest) „A biológia aktuális problémái” c. könyv könyvfejezetének (Burgonyagéncentrumok: a rezisztenciagének és a víruspatogének forrásai, 30: 153–185. 1984), és annak a könyvfejezetnek (Host Plants in Diagnosis), amely az amerikai CRC Press kiadásában jelent meg (*in*: Matthews, R.E.F., Diagnosis of Plant Virus Diseases. CRC Press, Boca Raton, Florida 1993). A növényvilág alacsony fejlettségű és legmagasabb fejlettségű növényeinek gazda–vírus kapcsolatait tárgyalta és ismertette Akadémiai „levelező tagi” Székfoglaló előadásom (Növényvírusok *in vivo*. Magyar Tudományos Akadémia, Budapest 1996), amelyben összefoglaltam 40 év kutatási eredményeit: 15 víruscsoportba tartozó 24 vírus 456 új gazdanövényét, 246 új rezisztens növényét, 1312 új gazda–vírus kapcsolatot, 664 új inkompatibilis kapcsolatot és 9958 új gazda–vírus kombinációt. Ezeknek a kiterjedt, igen széles körű kutatásoknak eredményei lehetővé tették a különböző víruscsoportokba tartozó vírusok gazdaspektrumának megállapítását és a differenciált csoportdiagnózist.

A Magyar Tudományos Akadémia rendes tagjává történt megválasztásomat követően került sor Akadémiai „rendes tagi” Székfoglaló előadásomra (A *Solanum* géncentrumok gazda–vírus kapcsolatai: rezisztenciavizsgálatok *ex situ*. Magyar Tudományos Akadémia, Budapest 2001), amely a burgonya *(Solanum tuberosum)* géncentrumában [Dél-Peru (Andok-hegység), Bolívia és Peru határán lévő Titicaca-tó környéke, valamint Észak-Bolívia és Mexikó] gyűjtött

68 vad *Solanum* faj és származék 10 vírusnemzetségébe tartozó 14 burgonyapatogén vírussal szemben fogékonyságának és ellenálló képességének vizsgálatával foglalkozott *(6. ábra).*

Egyetemi tanári, tanszékvezetői, Doktori Iskola vezetői és MTA-VE Kutatócsoport-vezetői időszakomra (1990–2005) esik több egyetemi tankönyv szerkesztése és egyes fejezeteinek írása (A szántóföldi növények betegségei. Mezőgazda Kiadó, Budapest 1995; Növényvédelem. Mezőgazda Kiadó, Budapest 1997; Potato virus Y (PVY) (genus Potyvirus, family Potyviridae. *in*: Jeffries, C.J. (ed.), Potato. FAO/IPGRI Techn. Guidelines, Rome 1998; Növényvírusok és vírusvizsgálati módszerek. Mezőgazda Kiadó, Budapest 1999; Mikrobiális ökológiai kutatások. Magyar Tudományos Akadémia, Budapest 2001; Környezetvédelmi Lexikon – Vírus címszavak. Akadémiai Kiadó, Budapest 2002), valamint egyetemi jegyzetek (1993., 1998., 2001., 2003., 2004. években) szerkesztése és egyes fejezeteinek írása.

3. táblázat

Magyar társszerzőim (1958–2007)

Almási Asztéria	Fekete Tibor	Kiss Ferencné	Romhányi István
† Aponyiné G. Ilona	Fekécs Ibolya	Kobza Sándor	Salamon Pál
Bajtek Marianna	Fischl Géza	Kovács Attila	Sáringer Gyula
Bakonyi József	Föglein Ferenc	Kovács János	Sárvári Éva
Balázs Ervin	† Förster Herbert	Kölber Mária	Solymosy Ferenc
Balogh József	Francsics Ilona	Kraczmajer Rita	Szabó G.K.
Baracsi Éva	Gáborjányi Richard	Kuroli Géza	Szabó László
Baranyi Tibor	Gál Tibor	Ladányi Erzsébet	Szeglet Péter
Basky Zsuzsa	Gáspár László	Lehoczky Éva	Szécsi Árpád
† Beczner László	Glits Márton	Lönhard Miklós	Szénási Ágnes
Bese Gábor	Grasselli Miklós	Lukács Domonkos	Szilassy Dénes
Béres Imre	Hadzsi Mária	Magyar László	† Szirmai János
Bicsák Bertalan	Hajmási Mónika	Merkel Krisztina	Takács András P.
Bíró Krisztina	Hajnal Tibor	Mikulás József	Tóbiás István
Borbély Ferenc	Harsányi Valéria	Nádasy Erzsébet	Torma Mária
Bősze Zoltán	Havasréti Béla	Nádasy Miklós	Tóth Endre
Bujdos László	† Hinfner Kálmán	Nagy György	Tyihák Ernő
Bukai Andrej	Hodonyi Jenő	Nyerges Klára	Uzsoki Béláné
Csikai Miklós	Horváth Anna	Nyitrai Péter	Varga Mária
Csikászné Krizics A.	Horváth Sándor	Palkovics László	Varga Péter
Cziklin Margit	† Hunyadi Károly	Petróczi István	Vida Andrea
Czompoly József	Jancsó Tamás	Pintér Csaba	Virág János
Dezséry Máté	Jenser Gábor	Pocsai Emil	Wirth Miklós
Dudits Dénes	Kadlicskó Sándor	Pogány Miklós	Wolf István
Eke István	Kajati István	Polgár Zsolt	Zsoár Kálmán
Ekés Mihály	Kazinczi Gabriella	Preisner Johanna	
† Farkas József	† Kárpáti István	Pribék Dalma	
Farkas Katalin	Király Zoltán	Proksza Péter	
Fehér Attila	† Kiss Ernő	† Rainiss Lajos	

Pályafutásom 50. évében köszönettel tartozom a 112 magyar és a 23 külföldi társszerzőnek, akik a 780 magyar és idegen nyelvű publikációban társszerzőim voltak. Közöttük középiskolai diákok, egyetemi hallgatók, doktoranduszok, asszisztensek, kutatók és egyetemi tanárok voltak *(3. táblázat).*

Alázat

Utoljára a negyedik ajándékról szeretnék szólni. Az alázat egy kutató-oktató életében azért fontos, hogy a tudomány törvényszerűségeit vizsgálva fel tudja ismerni saját személyének valódi jelentőségét és jelentéktelenségét, tudását és tudatlanságát. Ezek mértéktartásra intenek önmagunk képességeinek megítélésében. Tudni kell azt is, hogy Isten teremtésének titkát a tudomány nem képes teljes mélységben megfejteni. Az igazi nagyság lényege kicsinységük felismerésében rejlik. Ami a megismerés határán túl van az örök időktől fogva a hit kérdése. Eötvös József (1813–1871) fiához, Lorándhoz küldött levelében a következőket írta: „Minden, mivel az emberi ész foglalkozik tárgya a tudománynak is, s ide tartozik azon viszonyok vizsgálata, mely az ember és világ és az istenség között léteznek”.

Freund Tamás agykutató, az MTA r. tagja „Az agy a Teremtő műve” (Kairosz Kiadó, Budapest 2005) c. könyvében a következőket írta: „… a tudomány minden fejlettségi szintjén, ha tetszik, ha nem, beleütközöm a megismerés

határaiba, amit a technológiai fejlettség vagy egyéb ismereteink limitált szintje szab meg. Ami ezen a határon túl van, az a hit kérdése…"

A kutató-oktató számára nagyon fontos, hogy a hitet és a munka iránti alázatot, az emberszeretetet közvetítse a társadalom felé. Azt gondolom, hogy a tudomány legeredményesebb korszaka még a jövőben van, talán a 21. században! Oriani Fallaci olasz írónő „Ha meghal a Nap" c. nagy sikerű könyvében – amelyet a Holdra utazó űrhajósokról írt, de a Földön maradó, Holdra néző embereknek szánt – megdöbbentően írja le azt a fejlődést, amelynek során, kezdetben az ember évezredeken át óránként 2–3 mérföldes sebességgel mozgott, majd évszázadokon át 10 mérföldes sebességgel (egy szekér sebességével) közlekedett. Most – írja a szerző – óránként képesek vagyunk a Saturnus rakétával 25 ezer mérföldet is megtenni. Az írónő tovább folytatva gondolatait, leírja, hogy a fénykép kifejlesztéséhez 112 évre, a telefonhoz 56 évre, a rádióhoz 35 évre, a radar tökéletesítéséhez 15 évre, a televízió kifejlesztéséhez 12 évre, és az atombomba megépítéséhez 6 évre volt szükség. Megjegyezem, hogy 500 évre volt szükség ahhoz, hogy a legkisebb kórokozókat, a vírusokat láthatóvá tegyük elektronmikroszkóppal. Nem tudni, hogy mennyi időre van szükségünk ahhoz, hogy le is győzzük a vírusokat, nem csak a növény-, de az ember- és állatpatogén vírusokat is. Addig is az ember örök kíváncsisága legyen olyan hajtómű, amelyet Áprily Lajos „Természet I" c. versében olyan szépen leírt: „Csodáltalak ezer szemmel,/ezerszemű szerelemmel./De Te mind az ezer szemnek/megmaradtál rejtelemnek".

Szép növények, csodálatos vírusok

Az irodalmi és képzőművészeti alkotásokban találhatók meg azok az első utalások, amelyek évszázadokkal később egy új tudományág létrejöttéhez vezettek. Mai ismereteink szerint Koken japán császárnő volt az első, aki *Eupatorium lindleyanum* nevű növény tüneteit 752-ben versbe foglalva írta le, és amelyet japán nyelvből T. Inouye fordított angolra: „In this village/It looks as if frosting continuously/For, the plant I saw/In the field of summer/The color of the leaves were yellowing". 1985-ben T. Osaki, M. Yamada és T. Inouye japán kutatók igazolták először, hogy a fenti növény versbe foglalt sárgaság tüneteit a *Geminiviridae* család, *Begomovírus* nemzetségébe tartozó, üvegházi molytetvekkel terjedő egyszálú, DNS vírus idézte elő.

Carolus Clusius (Charles de l'Écluse, 1526–1609) francia származású, holland orvos-botanikus a leideni (Hollandia) egyetem professzora és a bécsi császári kertek felügyelője – aki a tudomány, de főleg a magyar botanika pártfogásában igen jelentős szerepet játszó Batthyány Boldizsár (1537–1590) szalónaki várában is tevékenykedett, és virághagymákkal (pl. tulipán) díszített kertek kialakításában vezető szerepet játszott – figyelt fel először a tulipánon olyan virágszín-elváltozásokat (színtöréseket, „lángnyelv" szerű tarkaságokat), amelyek nem csak a flamand, holland, francia és német festőket ihlették meg, hanem a barokk kor virágos kertjeinek színes tulipándivatját, majd a tőzsdei konjunktúrát követve évszázadokkal később egy olyan vegetatív úton terjedő betegség kórokozójának a felfedezéséhez vezetett, amely a mai ismereteink szerinti potyvírusok tulajdonságaival jellemezhető.

A növények vírusos betegségeinek felfedezéséhez vezető út harmadik állomása volt Mayer (1843–1942) német botanikus, M.W. Beijerinck (1851–1931) holland kutató és D. Ivanovszkij (1864–1920) orosz botanikus által felfedezett dohány mozaik betegség kórokozója, amely mai ismereteink szerint a tobamovírusok típustagja.

A gemini-, poty- és tobamovírusok felfedezése teremtette meg egy új – az alig több mint 100 éves – tudomány, a növényvirológia alapjait. Mindhárom vírus, úm. *Eupatorium* érkivilágosodás vírus *(Eupatorium vein clearing virus),* tulipán színtörés vírus *(Tulip breaking virus)* és dohány mozaik vírus *(Tobacco mosaic virus)* hazai izolálásában és meghatározásában örömteli élményeink voltak *(7. ábra).*

A fekete bodza *(Sambucus nigra)* fonálférgekkel terjedő cseresznye levélsodródás vírus *(Cherry leafroll virus)* betegség előfordulását először írtuk le Magyarországon. A vírusnak fontos szerepe van a fás növények pollennel történő megfertőződésében *(8. ábra).*

A paprika *(Capsicum annuum)* levéltetvekkel terjedő lucerna mozaik vírusos betegsége *(Alfalfa mosaic virus) (9. ábra),* uborka mozaik vírusos betegsége *(Cucumber mosaic virus)* és paradicsom bronzfoltosság vírusos betegsége *(Tomato spotted wilt virus)* gazdaságilag igen jelentős és az elmúlt években fokozódó veszélyt jelent.

A burgonya *(Solanum tuberosum)* gumó nekrotikus gyűrűsfoltosság betegség új kórokozó vírusát, a burgonya Y-vírus *(Potato virus Y)* NTN-törzsét a korán elhunyt Beczner László munkatársammal mutattuk ki először a világon. A vírusrezisztenciát áttörő törzs ma már több mint 30 burgonyatermesztő országban előfordul *(Borító/4. oldal)*. Feltehetően a klímaváltozás következménye az, hogy a mediterrán országokban igen elterjedt, rovarvektorokkal (*Thrips tabaci, Frankliniella* sp.) terjedő paradicsom bronzfoltosság vírus *(Tomato spotted wilt virus)* nemcsak a dísznövényeken, a paprikán, a paradicsomon és a dohányon fordul elő, hanem előfordulását burgonyában (*Solanum tuberosum* cvs.) is kimutattuk *(10. ábra).*

A burgonya *(Solanum tuberosum)* ökoszisztémában, a csattanó maszlagon *(Datura stramonium)* és a pokolvar libatopon *(Chenopodium hybridum)* hazánkban természetes körülmények között előforduló, levéltetvekkel terjedő új beléndek mozaik vírus *(Henbane mosaic virus)* és a maggal, valamint pollennel terjedő új Chenopodium mozaik vírus *(Sowbane mosaic virus)* előfordulása jelentős. Tekintettel arra, hogy mindkét vírus patogén a burgonyára, ezért a rezisztenciára nemesítés fontos feladat.

Igen jelentős az invaziv közönséges selyemkóró *(Asclepias syriaca)* és a süntök *(Echinocystis lobata)* hazai elterjedése, és a kozmopolita, levéltetvekkel és maggal terjedő uborka mozaik vírus *(cucumber mosaic virus)* fertőzöttsége. Nevezett növények fontos szerepet játszanak a vírus geográfiájában és epidemiológiájában.

A vadon, széles körben elterjedt maszlagos nadragulya *(Atropa belladonna)* belladonna foltosság vírus *(Belladonna mottle virus)* fertőzöttségének első kimutatása prognosztikai szempontból fontos veszélyt jelent az azonos növénycsaládba (Solanaceae) tartozó burgonyára.

Figyelemre méltó a DNS-tartalmú karfiol mozaik vírus *(Cauliflower mosaic virus)* dísznövényen (*Brassica* sp.) történő első előfordulásának igazolása, és annak bizonyítása, hogy fás szárú tátorjánnövényekre (pl. *Crambe* spp.) is patogén.

A mediterrán régióban meghonosodott kínai enyvesmag *(Pittosporum tobira)* növény – amely a hazai botanikus kertek üvegházaiban is előfordul – érkivilágosodás betegségének vizsgálata során a világon elsőként állapítottuk meg egy új vírusnak, a Pittosporum érkivilágosodás vírusnak *(Pittosporum vein clearing virus)* az előfordulását, amely ikerpartikulumú vírusrészecskéivel (geminivirus) a növényvirológiában új rendszertani egységet képvisel *(11. ábra).* Hasonlóan egy, a tudományra nézve új vírust [Melandrium sárga foltosság vírus *(Melandrium yellow fleck virus)*] izoláltunk és írtunk le a fehér mécsvirágról (*Melandrium album*; syn.: *Silene latifolia* subsp. alba) és feldolgoztuk a vírus részletes gazdanövénykörét.

A vízi és mocsári növényekkel kapcsolatos úttörő kutatásaink során először állapítottuk meg a Balatonban előforduló gyűrűs süllőhínár *(Myriophyllum verticillatum)* és a csemege sulyom *(Trapa natans)* uborka mozaik vírus *(Cucumber mosaic virus),* valamint a kozmopolita vízi hídőr *(Alisma plantago-aquatica)* potyvirus-fertőzöttségét.

Új természetes gazda–vírus kapcsolatokat mutattunk ki a takarmány mályva *(Malva verticillata)* és a mályva érkivilágosodás vírus *(Malva vein clearing virus)* és a nagy kerti sarkantyúka *(Tropaeolum majus)* és a lóbab hervadás vírus *(Broad bean wilt virus)* között.

A repce növényeken (*Brassica rapa* var. rapa) a retek mozaik vírus *(Radish mosaic virus),* a tarlórépa sárga mozaik vírus *(Turnip yellow mosaic virus)* és az uborka mozaik vírus *(Cucumber mosaic virus)* első előfordulásának hazai megállapításával igazoltuk mindhárom vírus áttelelését, amely vírusepidemiológiai szempontból igen jelentős.

A halványító zeller *(Apium graveolens)* zeller mozaik vírus *(Celery mosaic virus)* fertőzöttség első kimutatásával egy időben állapítottuk meg, hogy a porcos murok *(Ammi majus)* a vírus kitűnő indikátornövénye *(12. ábra).*

Az utóbbi években igen elterjedt a csillagtök (*Cucurbita pepo* convar. patissonina) görögdinnye mozaik vírus *(Watermelon mosaic virus)* és uborka mozaik vírus *(Cucumber mosaic virus)* fertőzöttségét hazánkban először állapítottuk meg *(13. ábra).*

Az illatos császárfa (*Paulownia imperialis*, syn.: *P. tomentosa*) – mint évelő, fás szárú növény – uborka mozaik vírus fertőzöttségének első megállapítását követően igazoltuk, hogy nevezett növény jelentős szerepet játszik a vírus fennmaradásában és cirkulációjában.

Az illatos bazsarózsa (*Paeonia albiflora*, syn.: *P. lactiflora*) növény levelein megfigyelhető gyűrűs klorotikus-nekrotikus tünetek vizsgálata során elsőként izoláltuk a Pelargonium gyűrűsfoltosság vírust *(Pelargonium ring spot virus).*

Figyelemre méltó a kolbásztök (*Lagenaria siceraria* var. turbinata) szőlő páfránylevelűség vírussal *(Grapevine fanleaf virus)* történt fertőzöttségének megállapítása. Vizsgálataink során vált először ismertté, hogy a nevezett növény a vírus egyetlen lágy szárú indikátornövénye.

Röviden szeretnék szólni azokról a rezisztenciakutatási eredményeinkről, amelyeket az elmúlt 50 évben 68 vad *Solanum* faj 147 származékának vizsgálatával kapcsolatban értünk el.

Hiperszenzitív, *N*-génen alapuló rezisztenciát 17 vad *Solanum* faj 24 származékában mutattunk ki 13 vírussal szemben. Különösen figyelemre méltó a *Solanum albicans* perui, botanikailag új faj, amely 6 vírussal szemben is rezisztenciát mutatott: andoki burgonya foltosság vírus *(Andean potato mottle virus),* beléndek mozaik vírus *(Henbane mosaic virus),* burgonya X-vírus (*Potato virus X*), burgonya Y-vírus (*Potato virus Y*), burgonya T-vírus *(Potato virus T)* és dohány rattle vírus *(Tobacco rattle virus).* A *Solanum demissum* és a *S. stoloniferum* újabb származékaiban *N*-génen alapuló rezisztenciát állapítottunk meg néhány vírussal szemben: lucerna mozaik vírus *(Alfalfa mosaic virus),* uborka mozaik vírus *(Cucumber mosaic virus)* és burgonya Y-vírus *(Potato virus Y).*

Extrém, *R*-génen alapuló rezisztenciát, ill. immunitást mutattunk ki a *Solanum stoloniferum* újabb származékaiban eddig még nem vizsgált több vírussal szemben: lucerna mozaik vírus *(Alfalfa mosaic virus),* uborka mozaik vírus *(Cucumber mosaic virus),* beléndek mozaik vírus *(Henbane mosaic virus).* Figyelemre méltó a *Solanum violaceimarmoratum* botanikailag új faj, amely a lucerna mozaik vírussal *(Alfalfa mosaic virus),* az uborka mozaik vírussal *(Cucumber mosaic virus)* és a burgonya X-vírussal *(Potato virus X)* szemben rezisztens. Jelentős a rezisztenciára nemesítésben a *Solanum brevidens* gumó nélküli vad faj – annak ellenére, hogy ivaros úton a burgonyával *(Solanum tuberosum)* nem keresztezhető – tekintettel arra, hogy egyes származékaiban extrém rezisztenciát állapítottunk meg a burgonya levélsodródás vírussal *(Potato leafroll virus)* és a burgonya Y-vírussal *(Potato virus Y)* szemben. Szomatikus sejtfúzióval sikerült a rezisztenciát kultúrburgonya-hibridekbe átvinni.

Epilógus

Kutatói-oktatói pályafutásom 50. évében és életem 72. évében boldog vagyok, mert a nagy sorscsapások elkerültek, és munkámban örömöt leltem. Boldog vagyok azért is, mert örömteli szolgálatnak tekintem az életemet a képzés, az egyetem, az oktatás, a kutatás és a tudományos közösség szolgálatának. Ezt az érzést kívánom Önöknek is!

Amikor 53 évvel ezelőtt, 1954 szeptemberében régen elhunyt Édesapám kívánságára átléptem a Keszthelyi Mezőgazdasági Akadémia kapuját, akkor azzal bocsátott utamra, hogy hasonlítsak majd én is a nagy Georgikoni elődökhöz, a Georgikon nagyhírű tanáraihoz, akiket mint postás jól ismert és nagyon tisztelt. Nem tudok neki arra válaszolni, hogy ezt sikerült-e elérnem, és azt sem tudom, hogy a mai fiataloknak és egyetemi hallgatóimnak jelentek-e annyit, mint nekem egykori professzoraim, tanítómestereim és példaképeim jelentettek? Majd talán egyszer a hittel érzékelhető léten túli világ ezt elmondja nekem. Addig is, „Ha kérdezik, ki vagy, ezt mondd" c. Weöres Sándor versével köszönöm meg megtisztelő figyelmüket: „Még nem vagyok egész / és mire az lehetnék, / már több leszek annál, / hogysem magamban lehessek egész. / Még nem is élek, / nem is fogok élni: / életnél teljesebb / leszek a holtom után. / Ezt mondd, ha kérdezik, ki vagy."

EU HÍREK

AZ EURÓPAI UNIÓ MEGHATÁROZTA A METILBROMID 2008-BAN FELHASZNÁLHATÓ MENNYISÉGÉT

EU sets methyl bromide uses for 2008

AGROW, 2008. április

Az Európai Bizottság 2008-ban (a kért 258 t helyett) 212,7 tonnában szabályozta Spanyolország és Lengyelország számára a metilbormid kertészeti kultúrákban való felhasználását. Az ózonrétegre káros gázosító szer alkalmazását a világon szinte mindenütt betiltották, és csak ott engedélyezik, ahol nem tudják más hatóanyaggal kiváltani. A készítmény zárlati körülmények között és szállítmányok feladása előtt is használható.

A metilbromid engedélyezett felhasználási mennyiségei:

Spanyolországban: 200 tonna szamócában és 176 kg kutatási célra vágott virágra, szamócában és paprikában. A meglévő készletekből 6,3 t használható fel.

Lengyelországban: 12 t szamócában és 500 kg kávéban. A meglévő készletekből 8,6 t használható fel.

Az engedélyezett mennyiségek az EU 1991-es metilbromid-felhasználásának 1,1%-át teszik ki. 2007-ben az EU öt tagállamban 521,8 t metilbromid felhasználását engedélyezte.

Böszörményi Ede
MgSzH Központ
Növény-, Talaj- és Agrárkörnyezet-védelmi Igazgatóság

EURÓPA ÉS A GENETIKAILAG MÓDOSÍTOT SZERVEZETEK

The Biotech Advantage, 2008. január

– Európa rendelkezik géntechnológiával, de …

A The Times angol napilap vezércikke szerint a biotechnológiát alkalmazó vállalatok sikeresek, mert a transzgenikus növények új generációját nemesítik ki, melyek repellens hatást fejtenek ki, kevesebb gyomirtó szert kell felhasználni bennük, és olcsóbban nagyobb terméshozamot adnak. Míg az európaiak fanyalognak a transzgenikus (genetikailag módosított) növények miatt, e vállalatok Ázsiában és Latin-Amerikában belopják magukat az emberek szívébe és tudatába, és „meghódítják őket a hasukon keresztül". 2006-ban 22 országban több mint 100 millió hektáron termesztettek transzgenikus növényeket. Kína, Brazília és India mezőgazdasága pl. egyre több szaporítóanyagot, vetőmagot követel.

Mindennek gazdasági, demográfiai és egyszerűen kereskedelmi mozgatói is vannak. Az élelmiszerárak magasra szöktek, az urbanizáció eredményeként a termőterület egyre kisebb, a gazdák viszont olcsón akarnak jó hozamokat elérni. Újabb 3 milliárd ember táplálásával kell számolni 2050-ben! Bár a búza ára ingadozik, a rizs és kukorica ára pedig csökken(het), az élelmiszer-termelés költséges lett, helyzete hosszú távon függ az inflációtól. A klímaváltozás és a nagy energiaköltségek kedvezőtlenül befolyásolják a mezőgazdasági eredményeket.

A cikk végül megjegyzi, hogy az USA-ban egy évtizedes felhasználás után sem bizonyított, hogy a transzgenikus növények károsak, a félelem azonban „farkast kiált". Európában pedig rendelkezünk a megfelelő technológiával, költségekkel és a tudással, szívünk azonban a múltban rekedt.

– A szükség szemléletváltásra készteti Európát

Az Oxfordban 2008 elején tartott Mezőgazdasági Konferencián Neil Parish az Európai Parlament mezőgazdasági bizottságának elnöke kiemelte, hogy az élelmiszerárak megkétszereződé-

se és az új „széntakarékos” (energiatakarékosabb lebontási ciklusú) növényfajták rákényszerítik Európát, hogy rövid időn belül bírálja felül a transzgenikus növényekkel szembeni ellenállását Az állattenyésztésre óriási nyomás nehezedik, és az egész mezőgazdaság versenyképtelenné válhat!

Európa azonnal „görcsbe rándul”, amikor a transzgenikus növények kerülnek szóba. A fenti tényezők hatására az Európai Bizottság és a Miniszterek Tanácsa kénytelen lesz felgyorsítani engedélyezési rendszerét.

Köztudomású, hogy a mezőgazdaság a szén-dioxid-kibocsátás legjelentősebb forrása az energiaszektor mellett, így az ágazat felelőssége is nagyon nagy. A biotechnológiát alkalmazó vállalatok az időjárási viszonyokhoz alkalmazkodó növényeket állítanak elő, vagyis képesek a környezeti kihívásoknak megfelelni, pl. a növények nitrogénműtrágya-igénye és klímaviszonyokkal (szikesedéssel és szárazsággal) szembeni ellenálló képessége terén.

Böszörményi Ede
MgSzH Központ
Növény-, Talaj- és Agrárkörnyezet-védelmi Igazgatóság

TISZTÚJÍTÁS A MAGYAR AGRÁRTUDOMÁNYI EGYESÜLETBEN

A Magyar Agrártudományi Egyesület (MAE) 2008. szeptember 23-án tartotta XIV. Tisztújító Küldöttközgyűlését, Budapesten, a civil szervezet központjában, a Kossuth Lajos téren. A küldöttek a Jelölő Bizottság elnökének előterjesztése alapján a következő ciklusra (2008–2012) titkos szavazással az alábbi, 8 tagból álló elnökséget választották meg:

Elnök:
DR. HAJÓS LÁSZLÓ

Főtitkár:
V. FARKAS JÓZSEF

Alelnökök:
DR. PAPP TIBOR
DR. SEPRŐS IMRE

Ellenőrző Bizottság Elnöke:
DR. SZABÓ ZOLTÁN

Etikai Bizottság Elnöke:
DR. STIGLER KÁROLY

Alapszabály és Ügyrendszerkesztő Bizottság Elnöke:
DR. GERGELY ISTVÁN

Kitüntetést Előkészítő Bizottság elnöke:
DR. HAJÓS LÁSZLÓNÉ

Az új tisztségviselőknek a munkájukhoz jó egészséget és sok sikert kívánunk!

Szerkesztőbizottság

TARTALOM

Horváth József: In memoriam dr. Beczner László (1938–1988) 533
Cseh Eszter, Lázár János, Takács András, Kazinczi Gabriella és *Gáborjányi Richard:* A szőlő Magyarországon előforduló és várhatóan megjelenő vírusbetegségeinek és kórokozóinak áttekintése 535
Tóbiás István, Kiss Balázs, Pájtli Éva, Tholt Gergely és *Salánki Katalin:* A búza törpülés vírus (*Wheat dwarf virus*) árpatörzsének jellemzése és átviteli kísérletek 545
Szathmáry Erzsébet, Salamon Pál és *Palkovics László:* Egy hazai tarlórépa mozaik vírus (*Turnip mosaic virus*, TuMV) izolátum molekuláris jellemzése 553
Almási Asztéria, Tóbiás István, Basky Zsuzsanna és *Palkovics László:* Eltérő levéltetű-átviteli képességű burgonya Y vírusizolátumok molekuláris vizsgálata 559
Gell Gyöngyvér, Petrik Kathrin, Divéki Zoltán és *Balázs Ervin:* Kukorica csíkos mozaik vírus (MDMV) populációk molekuláris analízise 567
Kiss László, Balázs Ervin és *Salánki Katalin:* Magyarországi, fehér akácról (*Robinia pseudoacacia* L.) származó földimogyoró satnyulás virus- (*Peanut stunt virus*, PSV) izolátumok jellemzése 573

Krónika

Horváth József: Jó emberek, szép növények, csodálatos vírusok: egy ötven éves kutatói-oktatói életpálya ajándékai 579

EU Hírek

Böszörményi Ede: Európa és a genetikailag módosított szervezetek 595
Böszörményi Ede: Az Európai Unió meghatározta a metilbromid 2008-ban felhasználható mennyiségét 595

TABLE OF CONTENTS

Horváth, J.: In memoriam dr. László Beczner (1938–1988) 533
Cseh, Eszter, J. Lázár, A. Takács, Gabriella Kazinczi and *R. Gáborjányi:* Review of grapevine viruses and virus diseases in Hungary 535
Tóbiás, I., B. Kiss, Éva Pájtli, G. Tholt and *Katalin Salánki:* Molecular characterization and transmission experiments with barley strain of *Wheat dwarf virus* 545
Szathmáry, Erzsébet, P. Salamon and *L. Palkovics:* First data for the molecular characterization of the Hungarian populations of *Turnip mosaic* virus (TuMV). 553
Almási, Asztéria, I. Tóbiás, Zsuzsanna Basky and *L. Palkovics:* Molecular analysis of potato virus Y isolates with different aphid transmissibility 559
Gell, Gyöngyvér, Kathrin Petrik, Z. Divéki and *E. Balázs:* Molecular characterization of maize dwarf mosaic virus (MDMV) populations 567
Kiss, L., E. Balázs and *Katalin Salánki:* Characterization of Hungarian, black locust (*Robinia pseudoacacia* L.) isolates of *Peanut stunt virus* (PSV) 573

Cronicle

Horváth, J.: Nice people, beautiful plants and wonderful viruses: gifts received during a fifty-year long research work 579

EU News

Böszörményi, E: The biotech advantage 595
Böszörményi, E: EU sets methyl bromide uses for 2008 595

A NÖVÉNYVÉDELMI KLUB

2008. december 1-én 17 órakor várja az érdeklődőket a Földművelésügyi és Vidékfejlesztési Minisztérium (Budapest V. ker., Kossuth Lajos tér 11.) színháztermében.

A klubdélutánon **DR. MILINKÓ ISTVÁN**
nyugalmazott professzor
Keszthely

47 ÉV A NÖVÉNYVÉDELEM SZOLGÁLATÁBAN

címen tart előadást.

Minden érdeklődőt szeretettel várunk.

Dr. Tarjányi József és **Zsigó György**
a Klub elnöke a Klub titkára

Az 1953-ban 55 évvel ezelőtt felfedezett DNS „kettős csavar” szobra
Charles A. Jencks alkotása (Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York)
Prof. Dr. Hargittai Magdolna szívessége folytán

A burgonya Y-vírus NTN törzsének tünetei burgonyagumókon.
Az NTN törzset *Beczner László* és *Horváth József* mutatta ki a világon elsőként
Fotó: Pintér Csaba