

**Magyar Tudományos Akadémia  
Agrártudományi Kutatóközpont**

# **I. ATK Tudományos Nap**

**Felfedező Kutatások az Agrártudományi Kutatóközpontban**

A rendezvény célja: az MTA ATK-ban folyó alapkutatási eredmények bemutatása különös tekintettel az OTKA pályázatok keretében megvalósuló programokra.

## **Összefoglalók**

Szerkesztette

**JANDA TIBOR**

2012. november 14.  
Martonvásár

Kiadja Magyar Tudományos Akadémia Agrártudományi Kutatóközpont, Martonvásár  
Felelős kiadó: Bedő Zoltán

Nyomdai munkák: Corvinstyle Kft., Gyál  
Felelős vezető: Király István

ISBN: 978-963-8351-40-1

# TARTALOM

Részletes program .....	7
-------------------------	---

## PLENÁRIS ELŐADÁSOK

KISS LEVENTE - SZENTIVÁNYI ORSOLYA - KOVÁCS M. GÁBOR: Kalandozások a génbankban: egy mikoparazita gombacsoport molekuláris azonosításának útvesztői .....	10
HARRACH BALÁZS: Miről mesélnek az adenovírus genomok? .....	11
RAJKAI KÁLMÁN - ÁCS FEREC - BREUER HAJNALKA - HORVÁTH ÁKOS - FODOR NÁNDOR: A talaj szerepe az időjárási helyzet alakulásában .....	12
GALIBA GÁBOR: A gabonafélék fejlettségi állapottól függő fagyűrészének molekuláris háttere .....	13

## ELŐADÁSOK

MOLNÁR ISTVÁN - LÁNGNÉ MOLNÁR MÁRTA - JAROSLAV DOLE EL: Kecskebúza fajok kromoszómáinak azonosítása, izolálása és szekvenálása .....	16
BÁNYAI KRISZTIÁN: Rotavírusok összehasonlító genomvizsgálata .....	17
TÓTH TIBOR - SZABÓ ANDRÁS - BALOG KITTI - FODOR NÁNDOR - GRIBOVSZKI ZOLTÁN: Faültetvények alatti sófelhalmozódás sekély talajvízű területeken .....	18
GULLNER GÁBOR- KÜNSTLER ANDRÁS - JUHÁSZ CSILLA - BERND ZECHMANN - KIRÁLY LÓRÁNT: A kéntartalmú anyagokkal indukált rezisztencia molekuláris alapjainak vizsgálata dohány mozaik vírussal fertőzött dohánynövényekben .....	19
MAGYAR TIBOR: A fumonizin B1 toxin hatása <i>Bordetella bronchiseptica</i> és <i>Pasteurella multocida</i> baktériumokkal fertőzött sertésben .....	20
KIRÁLY LÓRÁNT- KÜNSTLER ANDRÁS - CARLOS ANGEL - JAMES SCHOELZ: .....	
Az N vírus rezisztencia gén fogékonysági faktorként működik dohány nekrosis vírussal (TNV) fertőzött <i>Nicotiana benthamiana</i> -ban .....	21
SZŐCS GÁBOR: A feromon felderítésétől a városi díszfák növényvédelméig - friss, alkalmazható eredmények egy gubacsszünnyog és egy aknázómoly előrejelzésére .....	22
FODOR NÁNDOR - RAJKAI KÁLMÁN - SÁNDOR RENÁTA: Módszer kidolgozása Magyarország főbb talajféleségei telített és telítés közeli vízvezetőképességének megadására .....	23
RAKSZEGI MARIANN- BÉKÉS FERENC - BALÁZS GÁBOR - KOVÁCS ANNAMÁRIA - WUJUN MA - LÁNG LÁSZLÓ - TÖMÖSKÖZI SÁNDOR - BEDŐ ZOLTÁN: A búza sütőipari minőségének összefüggése a sikér és pentozán összetétellel .....	24
MOLNÁR KÁLMÁN: Újabb eredményeink a halkórtani kutatásban .....	25
JANDA TIBOR: A fény szerepe a növények fagyállóságának kialakulásában .....	26

## POSZTEREK

BAKONYI JÓZSEF - NAGY ZOLTÁN ÁRPÁD - JÓZSA ANDRÁS - SZIGETHY ANDRÁS: Hazai fitoftóra növénybetegségek felmérése és a kórokozók azonosítása .....	28
BÁLINT Á. - HOFFMANN S. - †BERECZ K. - KRISTÓF K. - KAMPFL GY. - NÓTÁS E. - HORVÁTH M. - GYARMATI B. - MOLNAR E. - ANTON A. - SZILI-KOVÁCS T. - HELTAI GY.: Szerves és műtrágyázás hatása üvegház-gázok képződésére és a termésre .....	29
BALLA KRISZTINA - RAKSZEGI MARIANN - BENCZE SZILVIA - VEISZ OTTÓ: A magas hőmérséklet és a szárazság hatása a martonvásári búzafajták minőségére .....	30

BENCZE SZILVIA - BAMBERGER ZSUZSANNA - BALLA KRISZTINA - JANDA TIBOR - VEISZ OTTÓ: A vízviasszatartó képesség és a szárazságstresszre adott antioxidáns enzimválasz vizsgálata kalászos gabona fajokon .....	31
BIRÓ BORBÁLA - POLGÁRI MÁRTA:Az Úrkúti Mn-iszap eredetvizsgálata és mezőgazdasági, környezetvédelmi alkalmazásai .....	32
A. BITTSANSZKY - V. RAVISHANKAR RAI - G. OROS: Response of glutathion conjugation system to soil borne <i>Rhizoctonia</i> infection of okra .....	33
BOLDIZSÁR ÁKOS - GULYÁS ZSOLT - CARRERA DÁNIEL - SZALAI GABRIELLA - VASHEGYI ILDIKÓ - GALIBA GÁBOR - KOCSY GÁBOR: A búza 5A kromoszómájának hatása különböző antioxidánsok mennyiségére a vernalizáció során .....	34
BOZSÓ ZOLTÁN - BESENYI ESZTER - ZSÍROS LÁSZLÓ - POGÁNY MIKLÓS - OTT PÉTER - SZATMÁRI ÁGNES:Protein lebontó rendszerek és egyes jelátviteli folyamatok szerepe a növények baktériumok ellen kialakuló általános rezisztencia folyamatainak kialakulása során .....	35
DARKÓ ÉVA -FÖLDESINÉ FÜREDI PETRA KATALIN - Fábíán Attila - BARNABÁS BEÁTA: 2-aminoethanol hatása kukorica dh vonalak stressztűrésére .....	36
DÓRY MAGDOLNA - DÓCZI RÓBERT: Mitogén-aktivált protein kináz szubsztrátok azonosítása <i>Arabidopsis</i> protoplaszt tranzien expressziós rendszerben .....	37
ESZTERBAUER EDIT: Hazánkban gyakori halélősködő nyálkaspórák faj, a <i>Myxobolus pseudodispar</i> fejlődésének vizsgálata .....	38
FÁBIÁN ATTILA - JÄGER KATALIN - BARNABÁS BEÁTA: A szárazságstressz őszi búza ( <i>Triticum aestivum</i> L.) szemfejlődésére gyakorolt hatásának vizsgálata .....	39
FÖLDESINÉ FÜREDI PETRA KATALIN - AMBRUS HELGA - FÁBIÁN ATTILA - BARNABÁS BEÁTA: Biogén alkoholok (n-butanol és 2-aminoetanol) hatása a kukorica mikrospórák <i>in vitro</i> androgenezisére .....	40
GELLÉRT ÁKOS - SALÁNKI KATALIN - TOMBÁ CZ KATA - TUBOLY TAMÁS - BALÁZS ERVIN: Uborka mozaik vírus nanopartikulomokon alapuló állatorvosi vakcina fejlesztése sertés cirkovírus 2 ellen .....	41
GULYÁS ZSOLT - BOLDIZSÁR ÁKOS - CARRERA DÁNIEL - SZALAI GABRIELLA - GALIBA GÁBOR - KOCSY GÁBOR: A redox változások szerepe a búza vernalizációjában és fagyűrésében .....	42
IMREI ZOLTÁN - VUTS JÓZSEF - CHRISTINE M. WOODCOCK - MICHAEL A. BIRKETT - JOHN A. PICKETT - MIKLÓS TÓTH: Bizonyíték nőstény termelte feromon létezésére egy Cetoniinae alcsaládba tartozó kártevő cserebogárnál, a bundásbogárnál ( <i>Epicometis hirta</i> , Coleoptera, Scarabaeidae) .....	43
JÄGER K. - FÁBIÁN A. - TOMPA G., DEÁK C. - HÖHN M. - OLMEDILLA, A.- BARNABÁS B. - PAPP I.: Az abszcizinsav - túlérzékeny CBP20 lúdfű mutáns bőrszövetének jellemzése .....	44
JÄGER KATALIN - SZŰCS ATTILA. - JURCA ME. - FÁBIÁN ATTILA - BOTTKA S. - ZVARA Á. - FEHÉR A. - BARNABÁS BEÁTA: A vízhiány és hőstressz hatása a fejlődő búza szemtermések anatómiájára és génkifejeződésére .....	45
JANKOVICS TÜNDE - KISS LEVENTE - NENAD DOLOVAC - ALEKSANDRA BULAJIC- BRANKA KRSTIC- THIERRY PASCAL - MARC BARDIN - PHILIPPE C. NICOT: Az almalisztharmat okozza az őszibarack-gyümölcsök rozsdás foltosságát? .....	46
JÓSVAI JÚLIA KATALIN - KOCZOR SÁNDOR - TÓTH MIKLÓS: A körte-észtert tartalmazó csalétek a rügysodró tükrösmolyb(Hedya Nubiferana, Lepidoptera: Tortricidae) nőstényeit és hímjeit is csalogatja .....	47
JUHÁSZ ANGÉLA - SEBESTYÉNI ENDRE - MAKAI SZABOLCS- TAMÁS LÁSZLÓ - BALÁZS ERVIN: Tartalékfehérjék expressziójának transzkripció szintű szabályozása gabonafélékben .....	48
KISS BALÁZS - KOZÁR FERENC - NAGY BARNABÁS - SZITA ÉVA - KÁDÁR FERENC - FETYKÓ KINGA: Ízletlábú-diverzitás és inváziós fajok vizsgálata hazai autópályák mentén .....	49
KISS BALÁZS - THOLT GERGELY: Psammotettix fajok autökológiai vizsgálata .....	50
KISS TIBOR - BALLA KRISZTINA - VEISZ OTTÓ - LÁNG LÁSZLÓ - BEDŐ ZOLTÁN - KARSAI ILDIKÓ: A <i>VRN-B1</i> , <i>VRN-D1</i> és a <i>PPD-D1</i> gének alléljainak területi eloszlása és a kalászolásra kifejtett hatása búzában .....	51

LÁNGNÉ MOLNÁR MÁRTA - SZAKÁCS ÉVA - CSEH ANDRÁS - KRUPPA KLAUDIA - FARKAS ANDRÁS - RAKSZEGI MARIANN - LINC GABRIELLA: Búza/árpa introgressziós vonalak azonosítása és agronómiai tulajdonságaik értékelése . . . . .	52
LINC GABRIELLA - LÁNGNÉ MOLNÁR MÁRTA: A termesztett búza diploid őseinek molekuláris citogenetikai elemzése: pachytén- és fiber-FISH . . . . .	53
MAJLÁTH IMRE - SZALAI GABRIELLA - JANDA TIBOR: A hidegstresszhez kötődő aszkorbát- és szalicilsav-közvetítette jelátviteli folyamatok tanulmányozása <i>Arabidopsis</i> növényekben . . . . .	54
MÁTHÉNÉ GÁSPÁR GABRIELLA - FODOR NÁNDOR - CSATHÓ PÉTER - KOVÁCS GÉZA: Foszforforgalom jellemzése és modellezése különböző talajokon repce tesztnövényen . . . . .	55
MONOSTORI ISTVÁN - BÁLINT ANDRÁS FERENC - GALIBA GÁBOR - SZIRA FRUZSINA: Búza szemtermésének mikroelem-tartalmát befolyásoló lókuszek azonosítása asszociációs térképezés segítségével . . . . .	56
PÁL MAGDA - KOVÁCS VIKTÓRIA - SZALAI GABRIELLA - JANDA TIBOR: A szalicilsav függő védekezési mechanizmusok kapcsolata egyéb jelátviteli utakkal kalászos gabonafélékben . . . . .	57
POLGÁRI DÁVID - JÄGER KATALIN - CSEH ANDRÁS - MOLNÁR-LÁNG MÁRTA - BARNABÁS BEÁTA - SÁGI LÁSZLÓ: Genom átépítés távoli búzahibridekben . . . . .	58
SCHNEIDER ANNAMÁRIA - LÁNGNÉ MOLNÁR MÁRTA: Búza-aegilops biuncialis (kecskebúza) addíciós vonalak előállítás és azonosítása molekuláris citogenetikai módszerekkel . . . . .	59
SOLTÉSZ ALEXANDRA - MARK SMEDLEY - CAROLINE SPARKS - NOVÁK ALIZ - GALIBA GÁBOR - HUW D JONES - WENDY HARWOOD - VÁGÚJFALVI ATTILA: A <i>CBF14</i> és <i>CBF15</i> gének szerepének bizonyítása transzformációval . . . . .	60
SZABÓ JÓZSEF - PÁSZTOR LÁSZLÓ - BAKACSI ZSÓFIA - DOMBOS MIKLÓS - LABORCZI ANNAMÁRIA: A hazai talajvédelmet szolgáló korszerű felvételezési és talajinformációs rendszer alapjainak kidolgozása . . . . .	61
SZÉKELY CSABA - CECH GÁBOR - OSTOROS GYÖRGYI - HAFIZ BORKHANUDDIN - KELEMEN OLGA - MAJOROS GÁBOR - MOLNÁR KÁLMÁN: Balatoni halfajok és köztigazda szervezetek parazitológiai monitorozása . . . . .	62
SZILI-KOVÁCS TIBOR: Mikrobiális biomassza változása szénbánya meddőn képződő talaj szukcessziósoron . . . . .	63
TÓTH ISTVÁN: Ciklomodulinokat és AB5 citotoxinokat termelő <i>Escherichia coli</i> törzsek és fágjaik molekuláris jellemzése . . . . .	64
VASHEGYI ILDIKÓ - MAROZSÁNNÉ TÓTH ZSUZSA - GALIBA GÁBOR - PETRE DOBREV - RADOMIRA VANKOVA - TÓTH BALÁZS: Dedifferenciált árpa sejtek hidegválasza: vizsgálatok kallusz tenyészeteken . . . . .	65
RENÁTA TÓTH - ÁDÁM BÁLINT - TIBOR RAUCH - RAJMUND STEFANCSIK - ENIKŐ SZÉNÁSI - ZOLTÁN ZÁDORI: CpG Distribution and Methylation Pattern in Porcine Parvovirus . . . . .	66
VARGA BALÁZS - BENCZE SZILVIA - VEISZ OTTÓ: Az emelt légköri CO <sub>2</sub> hatása az őszi búza szárazságtűrésére . . . . .	67
VIDA GYULA - KARSAI ILDIKÓ: Az őszi durum búza sárgapigment-tartalmának vizsgálata hagyományos és molekuláris módszerekkel . . . . .	68
WEHMANN ENIKŐ - MAGYAR TIBOR - KHAYER BERNADETT: <i>Bordetella bronchiseptica</i> virulencia tényezői és gazdafaj adaptációja . . . . .	69
Titoktartási felhívás . . . . .	70



---

## Részletes program

**10:00 Megnyitó előadások**

**Levezető elnök: Bedő Zoltán az MTA rendes tagja**

**Pálinkás József az MTA elnöke**

**Erdei Anna az OTKA Élettudományi Kollégiumának elnöke**

### Plenáris előadások

**Kiss Levente MTA ATK Növényvédelmi Intézet**

*„Kalandozások a GénBankban: egy mikoparazita gombacsoport molekuláris azonosításának útvesztői”*

**Harrach Balázs MTA ATK Állatorvos-tudományi Intézet**

*„Miről beszélnek az adenovírus genomok?”*

**Rajkai Kálmán MTA ATK Talajtani és Agrokémiai Intézet**

*„A talaj szerepe az időjárási helyzet alakulásában”*

**Galiba Gábor MTA ATK Mezőgazdasági Intézet**

*„A gabonafélék fejlettségi állapotától függő fagyűrészének molekuláris háttere”*

### 12:00 Ebédszünet, poszter bemutató

**13:30 - 15:30 Levezető elnök: Nagy Béla az MTA rendes tagja**

**Molnár István**

*„Kecskebúza fajok kromoszómáinak azonosítása, izolálása és szekvenálása”*

**Bányai Krisztián**

*„Rotavírusok összehasonlító genomvizsgálata”*

**Tóth Tibor**

*„Sekély talajvizű területeken telepített ültetvények által a talajban és altalajban okozott sófelhalmozódás statisztikai és hidrológiai modellezése”*

**Gullner Gábor**

*„A kéntartalmú anyagokkal indukált rezisztencia molekuláris alapjainak vizsgálata dohány mozaik vírussal fertőzött dohánynövényekben”*

**Magyar Tibor**

*„Sertések komplex légúti megbetegedéseinek korszerű képalkotó eljárásokra alapozott vizsgálata”*

**Király Lóránt**

*„Az N vírusrezisztencia gén fogékonysági faktorként működik dohány nekrózis vírussal (TNV) fertőzött Nicotiana benthamiana-ban”*

**15:30 - 16:00 Szünet**

**16:00 - 18:00 Levezető elnök: Balázs Ervin az MTA rendes tagja**

**Szócs Gábor**

*„A feromon felderítésétől a városi díszfák növényvédelméig - friss, alkalmazható eredmények egy gubacsszúnyog és egy aknázómoly ellen”*

**Fodor Nándor**

*„Módszer kidolgozása Magyarország főbb talajféleségei telített és telítés közeli vízvezető-képességének megadására”*

**Rakszegi Mariann**

*„A búza sütőipari minőségének összefüggése a sikér és a pentozán összetétellel”*

**Molnár Kálmán**

*„Újabb eredmények a halkórtani kutatásokban”*

**Janda Tibor**

*„A fény szerepe a növények fagyállóságának kialakulásában”*

**18:00 Zárszó**



# **PLENÁRIS ELŐADÁSOK**

# Kalandozások a génbankban: egy mikoparazita gombacsoport molekuláris azonosításának útvesztői

KISS LEVENTEI - SZENTIVÁNYI ORSOLYAI - KOVÁCS M. GÁBOR<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>MTA Agrártudományi Kutatóközpont Növényvédelmi Intézet, Növénykórtani Osztály,  
1022 Budapest, Herman Ottó út 15.  
<sup>2</sup>ELTE TTK Biológiai Intézet, Növény szervezettani Tanszék,  
1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/C.  
e-mail: kiss.levente@agrar.mta.hu

A GénBank a világ legnagyobb nukleotid- (DNS- és RNS-) valamint aminosav-szekvenciákat tartalmazó elektronikus adatbázisa, amely az NCBI (National Center for Biotechnology Information) része. A GénBankban bárki szabadon elhelyezhet genetikai információt hordozó (pl. DNS-) szekvenciákat, megjelölve ezek biológiai eredetét, és bárki szabadon felhasználhatja a GénBank nyilvánosan elérhető szekvencia- és egyéb adatait. A GénBankban található genetikai információ-tömeget rendszerint megkérdőjelezhetetlen adatokként kezelik a kutatók, jóllehet számos tanulmány (pl. 1-4) figyelmeztetett azokra a hibákra, amelyek részben éppen a nyilvános hozzáférés következményei: a DNS- és aminosav-szekvenciák eredete (pl. a vizsgált növény-, állat- vagy gombafaj) olykor tévesen szerepel a GénBankban, a lehívható szekvenciák a különböző laboratóriumokban vétett technikai hibák következtében nem mindig megbízhatók, stb.

A mikroszkopikus méretű (mezőgazdasági, élelmiszeripari és egyéb szempontból jelentős) gombatorzsek molekuláris meghatározása leggyakrabban ezek riboszomális DNS (rDNS) régiójában található ún. ITS (Internal Transcribed Spacer) szekvenciái alapján történik. Az ITS-szekvenciákat nemrég a gombák univerzális DNS-vonalkódjaként ismerték el (5), bár ezzel kapcsolatban több kérdés is felmerült (6). A különböző gombatorzsek GénBankban található ITS-szekvenciái, melyek a molekuláris azonosítási módszerek alapját képezik, sok szempontból nem mindig megbízhatóak (pl. 2-4). Ezt a tényt egy különösen kirívó esettanulmány keretében ismertetjük, amely az *Ampelomyces* nemzetségbe tartozó, intracelluláris mikoparazita gombák ITS-szekvenciái alapján történő azonosításával kapcsolatos. Az *Ampelomyces* mikoparaziták a jelentős növénykórokozókként ismert lisztharmatgombák belsejében élőködnek, egyes törzsek spóráit tartalmazó készítmények (ún. biofungicidek) felhasználhatók gazdaságilag jelentős lisztharmat-betegségek, pl. a szőlőlisztharmat elleni környezetbarát védekezés egyik elemeként (7). Annak ellenére, hogy az *Ampelomyces* és a lisztharmatgombák kapcsolata jól ismert, a GénBankban nagyszámú olyan *Ampelomyces*-ként azonosított gombatorzs ITS-szekvenciája található, amelyet a legváltozatosabb, lisztharmat-mentes helyekről izoláltak, az emberi orrvládéktól kezdve tengervízen át egészen növényi szövetekig. E törzsek számos szakcikkben (pl. 8-9) és nemzetközi szabadalmakban is '*Ampelomyces*' néven szerepelnek. Munkahipotézisünk alapján e törzseket olyan kozmopolita gombafajok törzseivel tévesztették össze, melyek a lisztharmatgombák micéliuma mellett számos más környezetben is előfordulnak. Feltételezésünket számos törzs összehasonlító fiziológiai és molekuláris vizsgálata igazolta. Ugyanakkor a félrehatározott törzsek adatainak megváltoztatását a GénBank csak nagyon korlátozott körülmények között teszi lehetővé (10), jóllehet az itt ismertetett esettanulmányhoz hasonló tévedések miatt több mint 250 kutató kérte a javítási lehetőségek kiszélesítését (3). Az előadás ismerteti az *Ampelomyces*-törzsekkel kapcsolatos hibák kiküszöbölésére irányuló eddigi konkrét lépések eredményét is.

*Kutatásainkat az OTKA NN 100415 sz. pályázat és a 2011-es OECD-ösztöndíj támogatta.*

## IRODALOM

- Harris DJ (2003) Can you bank on GenBank? *Trends Ecol & Evol* 18: 317-319.
- Bridge PD *et al.* (2003) On the unreliability of published DNA sequences. *New Phytologist* 160: 43-48.
- Bidartondo MI *et al.* (2008) Preserving accuracy in GenBank. *Science* 319: 1616.
- Kovács GM, Jankovics T, Kiss L (2011) Variation in the nrDNA ITS sequences of some powdery mildew species: Do routine molecular identification procedures hide valuable information? *Eur J Plant Pathol* 131: 135-141.
- Schoch CL *et al.* (2012) Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proc Natl Acad Sci USA* 109: 6241-6246.
- Kiss L (2012) Limits of nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacer (ITS) sequences as species barcodes for Fungi. *Proc Natl Acad Sci USA* 109(27): E1811.
- Kiss L *et al.* (2004) Biology and biocontrol potential of *Ampelomyces* mycoparasites, natural antagonists of powdery mildew fungi. *Biocontrol Sci Technol* 14: 635-651.
- Kwong TFN, Miao L, Li X, Qian PY (2006) Novel antifouling and antimicrobial compound from a marine-derived fungus *Ampelomyces* sp.. *Marine Biotechnology* 8: 634-640.
- Aly AH *et al.* (2008) Bioactive metabolites from the endophytic fungus *Ampelomyces* sp. isolated from the medicinal plant *Urospermum picroides*. *Phytochemistry* 69: 1716-1725.
- Pennisi E (2008) Proposal to 'wikify' GenBank meets stiff resistance. *Science* 319: 1598-1599.

## Miről mesélnek az adenovírus genomok?

HARRACH BALÁZS

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Állatorvos-tudományi Intézet, Összehasonlító Virologia Témacsoport, 1143 Budapest, Hungária krt. 21.

e-mail: harrach.balazs@agrar.mta.hu

A több évtizedes, folyamatos OTKA-támogatásnak köszönhetem, hogy Benkő Máriával, valamint a pályázatainkhoz csatlakozott hazai és külföldi diákokkal olyan témán dolgozhattunk alapkutatói szinten, melynek közvetlen gyakorlati használhatósága nem is látszott eleinte. Hiszen ki gondolta volna, hogy a nem túl jelentős kórokozónak tűnő állati adenovírusok kutatásából valami érdekes, vagy komolyabb, hasznosítható eredmény is kijöhetne? Ám ebben az esetben is az alapkutató végül kitermelte a hasznosíthatóságot is.

A téma előzményeként Bartha Adorján a '60-as években annyira különleges szarvasmarha-adenovírusokat fedezett fel vírusizolálással, hogy azoknak az összes más emlős-adenovírustól (a mastadenovírusoktól) való elkülönítését látta szükségesnek. A javaslatnak krisztusi kort, 33 évet kellett elérnie, mire kutatásaink és "erőszakosságunk" alapján a hivatalos taxonómia valóban elismerte ezeket a vírusokat új nemzetségnek 2002-ben. Ezt végül a molekuláris technikák hazai állatorvosi bevezetése tette lehetővé, mert csak ezek a technikák voltak alkalmasak mennyiségi választ adni arra a kérdésre, hogy mennyi is az az "annyira" különleges. Az egymást követő OTKA támogatásokkal találtunk új adenovírusokat a legkülönbözőbb gerincesekben, házi- és vadonélő állatokban, a halaktól kezdve a békákon, hüllőkön, madarakon át, az erszéyes és méhlepényes emlősökig szinte minden állatfajban. A pozitív mintákból vagy izoláltuk és elszaporítottuk a vírust, vagy - az esetek többségében - megfelelő, gazda-azonos sejtenyészet hiányában, PCR segítségével határoztuk meg közvetlenül a vizsgálati anyagban található vírus genomjának a teljes vagy részleges nukleotid-sorrendjét, majd különböző bioinformatikai módszerekkel elemeztük. A világ gazdasági helyzetének romlásával számos baráti (vagy konkurens, bár az adenovirologiában ez nem volt jellemző) csoport kihullott, mert mindenki csak az emberi adenovírusok tanulmányozására tudott pénzt szerezni. Mi élvezhettük az OTKA támogatását, és lassan egyre több, megszűnt laboratórium kutatását is átvettük. Mostanra szinte referencia labornak számítunk, ahová gyakran más laboratóriumok fordulnak, ha adenovírusok jelenlétét feltételezik (pl. elektronmikroszkóppal nyert kép alapján). Így kerültünk kapcsolatba a humán diagnosztika területén dolgozó kutatókkal is, akiknek szükségük volt a "collega bestialis" szaktudására is. Az Egyesült Államokban emberi hasmenést okozó adenovírusokhoz hasonlókat ugyanis mi korábban majmokból mutattunk ki. Szintén részt vettünk egy olyan humán adenovírus genom-jellemzésében is, melyet többször összefüggésbe hoztak az Észak-Amerikában szinte járványosnak tűnő elhízással.

Noha a "kövérség-gént" nem sikerült azonosítani, a sok, megismert, új adenovírus egyéb izgalmas dolgokról árulkodott. Bartha szarvasmarha-adenovírusai azért olyan különlegesek, mert nem is "igazi" szarvasmarha-adenovírusok, hanem kígyókból vagy gyíkokból kerültek át a kérődzőkbe. Hihetetlen? Feltételezésünk bizonyítására mára számos kígyóból, gyíkból mutattunk ki adenovírus, és megállapítottuk, hogy azok mind ebbe az új csoportba (nemzetségbe) sorolhatók. E kígyó/gyík-adenovírusok némelyike valamikor sikeresen megfertőzött madarakat, majd komoly gazdasági gondokat okozott tyúkokban a tojáshozam csökkentéssel. A ma már madarakban, kérődzőkben (sőt új-zélandi erszéyes rókában) előforduló vírusok pikkelyes hüllő eredetét egyedi gének törzsfajlódási (evolúciós) fái, valamint a teljes genomok génszerveződése bizonyítja. Kisebb léptékű gazdaváltásokat is feltételezünk. A főként gyermekekben hasmenést okozó adenovírusok majom-adenovírusoktól erednek. A denevér-adenovírusok pedig a kivételes kórokozó képességéről ismert kutya-adenovírus őseinek bizonyultak. A humán adenovírusokról tudott, hogy bonyolult módon manipulálják a fertőzött sejt működését az immunrendszer hatásának elkerülésére, és minél hatékonyabb vírus replikáció céljából. Az állati adenovírusok genom-szerveződése alapján számos eltérő mechanizmus megléte feltételezhető, amit folyamatosan vizsgálunk.

Az adenovírusokból, hatékony replikációjuk miatt, ideális génkifejező rendszerek fejleszthetők rekombináns vakcinák és génterápiás eljárások céljára (genetikai betegség és tumorok kezelésére). A humán adenovírusokkal szembeni ellenanyagok a populációban gyakoriak, ezért újabb állati adenovírusokat keresnek ilyen célú fejlesztésekhez. Ezek ellen nincs meglévő immunitás, és más receptorokat is használnak. OTKA pályázataink során összegyűjtött ismereteinknek és törzsgyűjtéményeinknek köszönhetően EU FP-7-es támogatással megvalósuló nemzetközi kutatásokba kapcsolódhattunk be.

*Kutatásainkat az OTKA K72484 sz. pályázat támogatja.*

## A talaj szerepe az időjárási helyzet alakulásában

RAJKAI KÁLMÁN - ÁCS FEREC - BREUER HAJNALKA - HORVÁTH ÁKOS - FODOR NÁNDOR

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Talajtani és Agrokémiai Intézet, Talajtani Osztály, 1022 Budapest, Herman O. u. 15.

e-mail: rajkai.kalman@agrar.mta.hu

Dokucsajev (1883) klíma-zonális elmélete óta a talaj és a légkör kapcsolata talajképződési tényezőként elfogadott, azaz az éghajlat talajfolyamatokra gyakorolt hosszú távú hatása egyértelműen felismert. A gyorsan változó légköri folyamatok szempontjából a talaj egyfajta "memóriaként" működik, a korábban lehullott csapadék, vagy a felmelegedett talajrétegek napokon keresztül visszahatnak a légkörre. A talajtakaró időjárást alakító, szerepének a tanulmányozása az ún. nem hidrosztatikus, mezoskálájú (2-20 km-es horizontális karakterisztikus méretű) folyamatokat leíró légköri modellek, pl. az MM5 modell (Dudhia, 1993) kidolgozásával vált lehetségessé. Ezekkel a modellekkel a 10-100 méteres karakterisztikus méretű légköri turbulens átkeveredés paraméterezés útján közelíthető, illetve a néhány 10 km-es karakterisztikus méretű konvekció (rendezett feláramlás) közvetlenül leírható, így a záporos és zivataros jellegű csapadékképződés is modellezhető. Horváth és mtsai (2007, 2009), Ács és mtsai (2008, 2010a,b) elemezték a konvektív csapadék, azaz a záporos jellegű eső kialakulásának és vonulásának a talajjellemzőkkel való kapcsolatát. A tanulmányok az ELTE, az OMSz és az MTA TAKI (Fodor és Rajkai, 2005, Várallyay, 1973) együttműködésével készültek. Ács és munkatársai (2008) rámutattak a meteorológiai modellekben világszerte alkalmazott amerikai talajadatbázis és a hazai talajadatbázis alapján generált talajparaméter értékek okozta különbségekre és eredményeik alapján a helyi talajadatbázis használatát megfelelőbbnek találták.

A jelen OTKA pályázatban (K81432) a magyarországi talajok hidraulikus tulajdonságainak a konvektív csapadék képződésére gyakorolt hatását a korábbi tanulmányoktól eltérően a talajok szabadföldi vízkapacitása, hervadásponjtja és a talajnedvesség területi eloszlására elemeztük (Breuer és mtsai., 2011). A szimulált napok számát kettőtől nyolcra növeltük, és a modell érzékenységet a vizsgált talajparaméterekre statisztikailag jellemeztük. A szimulációk alapján megállapítottuk, hogy a konvektív csapadék mennyisége erősen függ a talajparaméter értékektől, vagyis attól, hogy azokat a magyar vagy az amerikai adatbázisból becsültük. A talajparaméterek értéke tehát a meteorológiai folyamatok lezajlása szempontjából is jelentős. A konvektív csapadék képződésében a talajtulajdonságok a párolgáson, vagyis a látens hőáram alakulásán keresztül hatnak. A látens hőáram megváltozásával a felszín energiaegyenlege is módosul, amely megváltoztatja a felszín és a szabad légkör közötti planetáris határréteg (PHR) állapotát, melynek egyik jellemzője a magassága.

A planetáris határréteg és a talajtulajdonságok kapcsolatát szintén MM5 modell szimulációkkal elemeztük. A PHR magasságát mind felszíni, mind légköri tényezők alakítják, így a konvekció és az advekció (horizontális irányú, rendezett légmozgás) egyaránt. A konvekció hatása az advekció-mentes időjárási helyzetekben érvényesül a legerősebben. Derült napon a PHR magassága közvetlenül a Nap delelése után a legnagyobb. A talajnak a légköri konvekciót befolyásoló hatására az utóbbi évtizedekben derült fény (pl. Betts & Ball, 2001; Pielke, 2001). A szimulált planetáris határréteg magasságok talajadatbázisról függő talajparaméter-értékekre mutatott érzékenységét 6 advekció mentes időjárású napon vizsgáltuk a Kárpát-medencére. Eredményeink alapján a PHR magasságának mind térbeli, mind időbeli változása erősen függ a talajok szemcseösszetételből adódó talajfizikai jellemzőitől. A PHR magasság változása nagyobb a magyar, mint az USA talaj adatbázisból becsült talajparaméter értékek használatakor. A PHR alakulását meghatározó felszíni hatások mellett a szabad légköri hatások is erősebbek a magyar talajparaméterekkel. Az érzékenység statisztikai mértékét még nem publikáltuk, jól lehet az érzékenység nem elhanyagolható mértékű (Breuer et al., 2012).

A modell eredmények érvényességének vizsgálatára eddig csupán meteorológiai mérőállomások adatait használtuk. Az OTKA kutatás második évében, idén, 3 nyári hónapban, Szeged környéki mezőgazdasági területek 5 pontján, különböző mezőgazdasági kultúrákban folyamatosan mértük a talaj nedvességtartalmát a 10 cm-től 70 cm-ig terjedő talajmélységben. A talajnedvesség mérőhelyek talajfizikai paramétereinek mérésére talajmintákat gyűjtöttünk. Rendelkezésre állnak továbbá a Szegedi Meteorológiai Állomás radiometer és windprofiler mérőműszeres mérések alapján becsült PHR magasság értékek. A mért és a becsült talajparaméterek, a mért talajnedvesség és PHR magasság adatok, valamint az MM5 modellt felváltó, továbbfejlesztett WRF modell (Skamarock et al., 2006) szimulációk az eddiginél kritikusabb és részletesebb összehasonlítást tesznek majd lehetővé a kutatás további tervezett feladataként.

*Kutatásainkat az OTKA K81432 sz. pályázat támogatta.*

# A gabonafélék fejlettségi állapottól függő fagyűrésének molekuláris háttere

GALIBA GÁBOR

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Növényi Molekuláris Biológia Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: galiba.gabor@agr.ar.mta.hu

Két fő QTL-t azonosítottunk a búza és az árpa 5-ös kromoszómáin, amelyek befolyásolják a növények fagyállóságát. Az egyik domináns lókus, a *FAGYÁLLÓSÁG-1 (FROST RESISTANCE-1 (FR-1))* együtt szegregál a vernalizációs igényt meghatározó (*VRN-1*) génnel. A másik fő lókus, a *FAGYÁLLÓSÁG-2 (FROST RESISTANCE-2 (FR-2))*, körülbelül 30 cM távolságra található a *VRN-1* géntől, és ez a lókus legalább 11 *C-repeat Binding Factor (CBF)* gént tartalmaz. Az *FR-2* lókus finomterképezése során azonosítottunk néhány *CBF* gént, többek között a *CBF14* és *CBF15* géneket, amelyek szerepe kulcsfontosságú lehet a fagyállóság meghatározásában (Knox és mtsai. *Plant Mol Biol* 67, 257-270, 2008). A K75528 sz. OTKA pályázat tette lehetővé, hogy ezeknek a géneknek a növények fagyállóságára kifejtett hatását genetikai transzformációval direkt módon igazoljuk. Az OTKA keretében búza, árpa, lúdfű és rizs növények transzformációját végeztük el. Az árpa kísérletek vannak a legelőrehaladottabb állapotban, amelyek az előadás során ismertetésre kerülnek. (Soltész és mtsai. *J. Exp. Bot.* 2012, bírálás alatt).

A növények fagyállósága genetikailag determinált, azonban a fagyállóság tényleges mértékét környezeti tényezők, így például a hőmérséklet, a nappal hossza és a megvilágítás erőssége befolyásolja. A növények vegetatív szövetei képesek a hidegadaptációra, melynek során nő a fagyűrésük, míg a reproduktív szervek, így a virág szövetei nem. Emiatt, a növények fejlődési állapota is fontos faktor a fagyűrés kialakulása során. Bizonyított tény, hogy a vegetatív fázisból a reproduktív fázisba való átmenet után a növények fagyállósága szignifikánsan csökken. Az őszi gabonafélék esetében ez az átmenet a vernalizációs igény kielégítésével következik be, amely folyamatot a *VRN-1* gén szabályozza. Kiderítettük, hogy bár a *VRN-1* gén expressziója nélkülözhetetlen a hideg által szabályozott gének (*COR* gének) gátlásához, de nem elegendő. Egy hosszúnappalos megvilágítás által szabályozott faktor szükséges a fagyállóságot befolyásoló gének gátlásához (K68894 és K75528 OTKA; Dhillon és mtsai. *Plant Physiol.* 153, 1846-1858, 2010).

Hideg hatására a szövetek redoxpotenciálja megváltozik. A redox homeosztázis egyensúlyban tartása érdekében különböző enzimikus és nem enzimikus folyamatok indukálódnak a redox jelátviteli rendszer aktivizálásának hatására. Búza kromoszóma szuszbsztitúciós vonalak analízise segítségével kiderítettük, hogy a hideg indukálta redoxváltozások a fagyűréssel korrelálnak, és függetlenek a *VRN-1* gén által szabályozott vegetatív/reproduktív fejlődési átmenettől. Feltehetően ezek a redoxváltozások gátolják a fagyállóság gyors csökkenését kora tavasszal a virágkezdemények kialakulása után (NKTH-OTKA K67906, CNK80781, OTKA K75584; Soltész és mtsai. 13: 757-766. 2011).

Annak érdekében, hogy felderítsük a fény spektrális összetétele és a fagyállóság közötti esetleges összefüggést, megvizsgáltuk a vörös, a távoli vörös és a kék monokromatikus fény hatását búza és árpa növények *CBF*-génjeinek expressziójára. Ezek a kísérletek igazolták, hogy a gabonafélék *CBF* génjeinek expressziója függ a fény hullámhosszától. Jelenleg a növénynevelő kamrákban használt fehér fény spektrumának módosításával vizsgáljuk azt, hogy a gabonafélék fagyállósága függ-e a megvilágítás milyenségétől. Az előadás során ezeknek a folyamatban lévő kísérleteknek az eredményeit ismerhetik meg (NKTH-OTKA CNK80781).

A fentiekből is kitűnik, hogy a fagyűrés a genom és a környezeti tényezők integrált kölcsönhatásának az eredménye. Azért, hogy a hideg hatását a fény hatásától függetlenül tanulmányozhassuk, kidolgoztunk egy árpa szövettenyésztési modell-rendszert (OTKA K84190 és OTKANNF78866). Az intakt növények fagyasztás utáni túlélése a bokrosodási csomóban lévő osztódó merisztémák állapotától függ, mivel ezekből fejlődnek a levelek és a gyökerek. A kalluszokban lévő totipotens osztódó merisztémák a bokrosodási csomókban lévők megfelelői. Összehasonlítva a fényben növekvő növények bokrosodási csomójában a *CBF*-regulon expresszióját a sötétben növekvő kalluszokéval, elkülöníthetővé vált a hideg és a fény hatása. Az eredmények alapján megállapítható, hogy bár a fényreguláció fontos, de nem egyedüli szabályozó tényezője a *CBF*-regulonnak (Vashegyi et al. *Mol. Biotechnology* <http://rd.springer.com/article/10.1007/s12033-012-9569-9>, 2012).



# **ELŐADÁSOK**

# Kecskebúza fajok kromoszómáinak azonosítása, izolálása és szekvenálása

MOLNÁR ISTVÁNI - LÁNGNÉ MOLNÁR MÁRTAI - JAROSLAV DOLE EL2

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

1Mezőgazdasági Intézet, Növényi Molekuláris Biológia Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: molnar.istvan@agrar.mta.hu

2Centre of the Region Haná for Biotechnological and Agricultural Research, Institute of Experimental Botany, Sokolovská 6, Olomouc, CZ-77200, Czech Republic

A búza rokonsági körébe tartozó kecskebúza (*Aegilops*) fajok egyes vonalai hatékony rezisztenciát mutatnak számos rozsda és vírus betegséggel szemben, de jól tolerálják az extrém klimatikus hatásokat is. Az U és M genommal rendelkező *Aegilops* fajok közül az allotetraploid *Ae. biuncialis* és *Ae. geniculata*, a diploid *Ae. umbellulata* és *Ae. comosa* természetes hibridizációjával jöttek létre. E fajok hasznos tulajdonságokért felelős génei hagyományos keresztezésekkel beépíthetők a termesztett búza genomjába. A jó agronómiai tulajdonságokat hordozó búza-*Aegilops* transzlokációk kiválogatása azonban a molekuláris citogenetikai módszerekkel időigényes folyamat, melynek hatékonysága jelentősen növelhető *Aegilops* kromoszóma specifikus markerek segítségével. A markerfejlesztést, és ezen keresztül a fontos tulajdonságok QTL analízisét és gének izolálását jelentősen nehezíti az U és M genomokban fellelhető repetitív szekvenciák nagy aránya, valamint a két genom közti szekvencia homológia.

Az egyedi kromoszómák nagy mennyiségben és tisztaságban történő izolálásával az áramlásos citometria képes a minta komplexitását csökkenteni, hatékony alternatívát kínálva ezzel a nagy és komplex genomokkal rendelkező fajok genomikai vizsgálatára. A kromoszóma alapú genomikai megközelítés az elmúlt években a búza és egyéb gabonafélék esetében kromoszómakar szinten is lehetővé tette specifikus BAC könyvtárak és fizikai térképek létrehozását, valamint az egyes karok shot-gun szekvenálását és az adott régióra specifikus markerek fejlesztését ..

A nemzetközi együttműködésben megvalósuló PD83444 sz. OTKA pályázat lehetőséget adott arra, hogy a kromoszóma alapú megközelítést a vad *Aegilops* fajokra is alkalmazzuk a markerfejlesztés és egyéb összehasonlító genomikai vizsgálatok céljával. Első lépésként molekuláris citogenetikai módszerekkel (FISH, GISH) ellenőriztük az alkalmazni kívánt kecskebúza genotípusok kariotípusát, kizárva az esetleges intergenomikus átrendeződéseket és biztosítva a módszertani feltételeket az izolált kromoszóma frakciók azonosításához (Molnár et al. *Annals of Botany*, 2011, 107: 65-76.).

A sejtciklus szinkronizálását és a kromoszóma szuszpenziók előállítását követően meghatároztuk az *Ae. biuncialis* és *Ae. geniculata*, valamint diploid őseinek, az *Ae. umbellulata* és az *Ae. comosa* flow-kariotípusát. A csúcsok kromoszóma tartalmát FISH segítségével azonosítottuk Martonvásáron, mellyel kimutattuk, hogy az *Ae. umbellulata* I., II. és III. csúcsából nagy tisztaságban (96.9%, 95.3%, 97.8%) izolálható az 1U, 6U és 3U kromoszóma, valamint az *Ae. biuncialis* I. csúcsából szintén izolálható (94.7%) az 1Ub kromoszóma (Molnár et al. *PLoS ONE*, 2011, 6(11): e27708.).

Az egyes csúcsok kromoszómáinak DNS tartalmát felszaporítva jól definiált subgenomi mintákat hoztunk létre, melyek segítségével 10db SSR és 100 db génspecifikus COS marker kromoszómális elhelyezkedését határoztuk meg.

Az *Ae. umbellulata* 1U, 6U, 3U, valamint az *Ae. biuncialis* 1Ub kromoszómáinak szekvenálásával (Illumina, HiSeq2000) kromoszóma specifikus adatbázisokat állítottunk elő. A repetitív szekvenciák szűrése után összehasonlítottuk az egyes *Aegilops* kromoszómák adatait az árpa virtuális géntérképével, illetve a *Brachypodium*, rizs és cirok összeállított genomi adatbázisaival. Megállapítottuk, hogy az egyes *Aegilops* kromoszómák jelentős genomátrendeződéseken mentek keresztül a vizsgált fajokhoz képest. Így például az 1U kromoszómák hosszú karján kimutatható egy *Triticum/Hordeum* 2-es homeológ csoportra jellemző fragment, valamint a 6U kromoszómán jelen vannak az 1-es, 2-es, 4-es, 6-os és 7-es homeológ csoportra jellemző fragmentek. A fenti *Aegilops* kromoszómák virtuális génsorrendjének összeállítása megfelelő bioinformatikai háttérrel nyújt kromoszóma specifikus génalapú markerek fejlesztéséhez. Búza-*Ae. umbellulata* és búza-*Ae. geniculata* diteloszómás addíciós vonalak felhasználásával a jövőben további U és M kromoszóma karok izolálását és szekvenálását tervezzük. A projekt fő célkitűzései, eredményei és az anyagi támogatást nyújtó pályázatok a Nemzetközi Búzagenom Szekvenálási Konzorcium (IWGSC) honlapján is megtalálhatók (<http://www.wheatgenome.org/Projects/Complimentary-Projects/Wild-Relatives>).

Kutatásainkat az OTKA PD 83444 sz. pályázat támogatja.



## Rotavírusok összehasonlító genomvizsgálata

BÁNYAI KRISZTIÁN

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

ÁOTI, Új Kórokozók Felderítése Témacsoport, 1143 Budapest, Hungária krt. 21.

e-mail: banyai@vmri.hu

A rotavírusok általában enyhe lefolyású, enterális tünetekkel járó fertőzést okoznak madarak és emlősök fiatal példányai-ban. Egyes gazdafajokban azonban gyakoriak lehetnek a rotavírus fertőzéssel kapcsolatba hozható elhullások. A rotavírus fertőzések okozta gazdasági károk vakcinázással enyhíthetőek. Oltóanyagokat ma elsősorban lovak, sertések és szarvas-marhák rotavírus fertőzéseinek kivédésére állítanak elő. Emberben az 5 évesnél fiatalabb gyermekek a legfogékonyabbak a rotavírus fertőzésre; ezek a vírusok minden évben >500,000 gyermek halálát okozzák, elsősorban a fejlődő országokban. Az emberi rotavírus fertőzések okozta megbetegedések megelőzésére ma két vakcina érhető el világszerte.

A rotavírusok közepes méretű, ikozaéderez szimmetriájú vírusok; genomjuk 11 duplafonalú RNS szegmensből áll, melyek 11 vagy 12 (6 szerkezeti és 5 vagy 6 nem-strukturális) fehérjét kódolnak. A Nemzetközi Vírustaxonomiai Bizottság a rotavírusokat a *Reoviridae* családon belül önálló genusba (*Rotavirus*) sorolja. Ezen belül legalább 7 vírushajt különítenek el, ezeket nagybetűvel jelölik (*Rotavirus A - Rotavirus G*). A vírushajton belül a neutralizációs fehérjék antigénszerkezete alapján szerotípusokat különítünk el. Újabban géneként külön-külön alkalmazott genotipizáló séma került elfogadásra, amelyben nukleinsav szekvencia hasonlósági határértékek alapján történik a vírusok genotípusba sorolása. Az egyes génekhez tartozó genotípusok a gének egyes sajátságait jelölik, és számokat kapnak. Így például a VP4 gén proteáz-érzékeny fehérjét kódol, ezért a VP4 gén genotípusait P (Protease-sensitive) betűvel jelölik. Megfelelő szekvenciadatok birtokában bármely rotavírus törzs genotípusa leírható a következő formulával: G<sub>x</sub>-P[<sub>x</sub>]-I<sub>x</sub>-R<sub>x</sub>-C<sub>x</sub>-M<sub>x</sub>-A<sub>x</sub>-N<sub>x</sub>-T<sub>x</sub>-E<sub>x</sub>-H<sub>x</sub>, ahol a gének sorrendje VP7-VP4-VP6-VP1-VP2-VP3-NSP1-NSP2-NSP3-NSP4-NSP5/6, az 'x' pedig a megfelelő genotípusszámot jelöli.

Rotavírusok összehasonlító genomvizsgálatával húsznál kevesebb kutatólaboratórium foglalkozik világszerte. Magyarországon az MTA ATK ÁOTI-ban folynak ilyen kutatások, melyeket az OTKA is támogatott az elmúlt időszakban. A 2009-2012. évi időszakban támogatott, '*Állati rotavírusok összehasonlító genomvizsgálata*' c. pályázatban a hazai és nemzetközi gyűjteményekben található állati rotavírus törzsek és zoonózis eredetű humán törzsek genomszekvencia vizsgálatát vállaltuk akkor, amikor az állati rotavírus genomok száma a GenBankban alig érte el az egy tucatot és ezek mindössze öt fajtól származtak. Az idén induló, 2012-2015. évi időszakra támogatást nyert '*Teljes genom alapú rotavírus surveillance: a molekuláris epidemiológiai vizsgálatok új megközelítése*' c. pályázatban az egyre szélesebb körben alkalmazott humán rotavírus oltóanyagok használatát kísérő lehetséges törzsgyakorisági változások nyomon követése az elsődleges cél.

Az előadásban ismertetjük az általunk vizsgált állati és humán törzsek genotípus konfigurációit és az újonnan azonosított genotípusokat, bemutatva a rotavírusok fontosabb evolúciós mechanizmusait, valamint szó esik majd a genomszekvenálás módszertani kihívásairól és a hagyományosról az újgenerációs szekvenálásra való áttérés előnyeiről és csapdáiról.

## Faültetvények alatti sófelhalmozódás sekély talajvízű területeken

TÓTH TIBOR<sup>1</sup> - SZABÓ ANDRÁS<sup>1</sup> - BALOG KITTI<sup>1</sup> - FODOR NÁNDOR<sup>1</sup> - GRIBOVSZKI ZOLTÁN<sup>2</sup>

<sup>1</sup>MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Talajtani és Agrokémiai Intézet, Talajtani Osztály,  
1022 Budapest, Herman Ottó út 15.

<sup>2</sup>Nyugat-Magyarországi Egyetem, Erdőmérnöki Kar, Geomatikai, Erdőfeltárési és Vízgazdálkodási Intézet,  
9400 Sopron, Bajcsy-Zsilinszky u. 4.

e-mail: toth.tibor@agrar.mta.hu, szabo.andras@agrar.mta.hu, balog.kitti@agrar.mta.hu, fodor.nandor@agrar.mta.hu, zgribo@emk.nyme.hu

A mezőgazdasági szempontból kevésbé jövedelmező legelő/szántó területeken a múlt században megnövekedett az újraerdősítés aránya (Az erdők területi arány 1.1 millió hektárról mintegy 2 millió hektárra növekedett). Ez a tendencia - részben Európai Unió nyomására - napjainkban is folytatódik: évente átlagosan 15.000 hektár erdőt telepítenek, javarészt az Alföld területén. Az erdőállományok és a lágyszárú (szántóföldi növények illetve gyepek) hidrológiai hatása eltér, mivel az eltérő gyökerezési mélység miatt a két növényzettípus eltérő mélységből veszi fel a számára szükséges vizet. Bizonyított, hogy a fák negatív vízmérleggel rendelkező területen talajvízszint süllyedést, illetve felszín alatti sófelhalmozódást okoznak. Ezért új erdő telepítése során a sekély és sós talajvízű, negatív vízmérleggel rendelkező területeken a megváltozott terület-használat miatt fokozott a sófelhalmozódás kockázata.

Részletes vizsgálatot folytatunk az Alföld területén telepített erdők hatásainak felderítésére, mely során az összes főbb befolyásoló tényezőt - mint: klimatikus vízmérleg, talajvízszint és sótartalom, a faállományt alkotó faj és annak kora, a talajtextúra rétegzettség - figyelembe vesszük.

Ennek során talaj és talajvíz mintavétel, valamint talajvízszint észlelő kutak és meteorológiai állomások telepítése segítségével vizsgáljuk, hogy az erdők - gyeppel kontrollálva összehasonlítva - milyen hatást fejtenek ki a talajvíz mozgására, szintjére, dinamikájára, kémiai összetételére és az altalaj sótartalmára.

A vizsgálatok két szinten folynak:

Regionális térléptékben összesen 108 alföldi erdőtagot vizsgálunk meg, ahol erdősített és nem erdősített területen is a talajvíz mélységre, sótartalomra, talaj és altalaj sótartalomra és növényzetre vonatkozó paramétereket határozzuk meg. Ezek alapján statisztikai modellt szerkesztünk, amivel az erdősítés által a talaj, altalaj és talajvíz sótartalmára gyakorolt hatást jelezzük előre.

Az állomány térléptékében végzett vizsgálatokat a fenti 108-ból kiválasztott 18 reprezentatív erdőtagban és nem erdősített területen végezzük a talajvízszint időbeli monitorozásával annak érdekében, hogy meghatározzuk a fák különböző körülmények között megvalósuló vízfelvételt a talajvízből. A kutatás újdonsága abban rejlik, hogy egyazon időben mindegyik, a sófelhalmozódásra ható tényezőt figyelembe veszi transzkontinentális körülmények (argentin Pampa kontra magyar Alföld) között.

Ezen sajátosságok bemutatására egy jászfelsőszentgyörgyi középkori tölgyerdőt és kontroll gyepterületét választottuk ki. A katonai térképek szerint a mintaterületen 1780-1914-ig összefüggő erdő nem volt, a IV. katonai felmérés térképén már fellelhetőek szabályosan ültetett fasorok. 1914 után jelent meg az erdő a területen, a jelenlegi gyeppel kontroll pontban viszont eddig még nem volt erdő. Morfológiai szempontból a vizsgált terület sík, maximum 1 m-re kiemelkedő ÉNy-DK irányú hátság és mélyedések jellemzik.

A kiválasztott erdőtag talajában és talajvizében egyaránt kimutatható gyenge sófelhalmozódás. A feltalajban szerves anyag és vas akkumuláció figyelhető meg; a képződő avarból származó savas komponensek hatására csökken a pH, ezzel egyidejűleg a CaCO<sub>3</sub> oldódása fokozódik. Megfigyeléseink szerint a faültetvény nagyobb mértékben használja a talajvíz készletet, ezáltal az erdőtag alatt talajvízszint csökkenést idéz elő. 2012 júliusában a tölgy ültetvény alatt a talajvíz 0,44 méterrel alacsonyabban helyezkedett el, és napi ingadozásának mértéke kétszerese volt a kontroll területen tapasztalhatóknak.

*Kutatásainkat az OTKA NN 79835 sz. pályázat támogatta.*

# A kén-tartalmú anyagokkal indukált rezisztencia molekuláris alapjainak vizsgálata dohány mozaik vírussal fertőzött dohánynövényekben

GULLNER GÁBOR<sup>1</sup> - KÜNSTLER ANDRÁS<sup>1</sup> - JUHÁSZ CSILLA<sup>1</sup> - BERND ZECHMANN<sup>2</sup> - KIRÁLY LÓRÁNT<sup>1</sup>

<sup>1</sup>MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, Kóréletani Osztály, Biotechnológiai Osztály  
1012 Budapest, Herman Ottó út 15.  
e-mail: gullner.gabor@agrar.mta.hu

<sup>2</sup>Institute of Plant Sciences, Karl-Franzens-University, A-8010 Graz, Schubertstraße 51, Ausztria  
e-mail: bernd.zechmann@uni-graz.at

A múlt század vége óta a légkörből a talajokba jutó kén mennyisége jelentősen lecsökkent Európában, és ezzel párhuzamosan egyes növények gombafertőzésekkel szembeni ellenállóképessége is jelentősen romlott. Kimutatták, hogy a növények megfelelő kén-ellátottsága szükséges az ezekkel a gomba-kórokozókval szembeni rezisztenciához. Ezt a jelenséget egyes kutatók kén-indukált rezisztenciának (sulfur induced resistance, SIR), mások kén által megnövelt védelemnek (sulfur enhanced defence, SED) nevezték. A jelenség pontos biokémiai mechanizmusa egyelőre kevésbé ismert. Későbbi vizsgálatok megállapították, hogy a növények kén-ellátottsága jelentősen befolyásolja a betegség-ellenállóságukat egyes kórokozó baktériumokkal szemben is. Ezzel szemben igen kevés információ áll a rendelkezésünkre a kén-ellátottság hatásáról a növények vírus-ellenállóképességére. A kén egy esszenciális makroelem a növények számára. A növényekben számos, változatos szerkezetű kén-tartalmú vegyület található, amelyek a növényi anyagcsere számos pontján fontos szerepet játszanak, így a növények kórokozókval szembeni védekezésében is. A növények elsősorban a talajban található szervesen szulfát sók felvételével fedezik kén-szükségletüket. A növényi szövetekben a szervesen szulfátokból először cisztein képződik, amelynek egy része továbbalakul tripeptid glutationná. A glutation a reaktív szulfhidril csoportja révén számos méregtelenítési, illetve antioxidatív reakcióban is résztvesz. Ezenkívül jelző-vegyületként indukálja számos védekező vegyület (pl. fitoalexinek) bioszintézisét, illetve egyes védekező gének expresszióját.

A vizsgálataink célja az volt, hogy megállapítsuk a dohánynövények kén-ellátottsága és a dohány mozaik vírussal (TMV) szembeni rezisztenciájuknak az összefüggését. A dohánynövényeket homok-perlit keverékben neveltük, és két eltérő szulfát-tartalmú tápoldattal tápláltuk. A növények egy csoportja (-S csoport) minimális szulfát-ellátottságban részesült, míg egy másik csoport (+S csoport) optimális mennyiségű szulfátot kapott. A két csoportban található növények külső megjelenése nem tért el egymástól. Mindkét csoport növényeit fertőztük TMV-vel, majd vizsgáltuk a tüneteket, illetve a levelekben található vírusrészek mennyiségét. Egy fogékony dohányvonal (cv. Samsun nn) esetében a minimális kén-ellátottságú növényekben (-S csoport) korábban jelentkeztek a szisztemikus mozaikos tünetek, és a TMV vírus mennyisége is nagyobb volt, mint a +S csoportban. Egy rezisztens dohányvonal (cv. Samsun NN) esetében a szulfát ellátottság növelése hasonló módon befolyásolta a vírus rezisztenciát: az optimális kén-ellátottság jelentősen lecsökkentette a nekrotikus léziók számát, illetve a vírus-akkumulációt.

A szulfát-ellátottság jelentősen befolyásolta egyes ismert, kórfolyamathoz-kapcsolt (PR) fehérjéket kódoló gének expresszióját is. A TMV-fertőzött Samsun NN levelekben a PR-1a, PR-1b és PR-1c fehérjéket kódoló gének expressziója jelentősen magasabb volt a +S, mint a -S csoportban. Hasonló hatás volt megfigyelhető a PR-1a gén vizsgálata során a fogékony Samsun nn növények esetében is. A kén-ellátottság, illetve a TMV fertőzés is igen jelentősen befolyásolta a dohány levélsejtek különböző sejtszervecskéiben található glutation szinteket. A fogékony Samsun nn növények esetében a szulfát-ellátottság jelentősen befolyásolta a cisztein és glutation bioszintézisében fontos szerepet játszó enzimeket kódoló gének aktivitását is. Így az adenzin-5'-foszfoszulfát redukáz, és a gamma-glutamil-cisztein szintetáz enzimeket kódoló gének expressziója lényegesen nagyobb volt az optimális szulfát-ellátottságú levelekben a TMV fertőzés után, mint a minimális szulfát ellátottságú levelekben. A rezisztens Samsun NN növényekben az antioxidáns szalicilsav-kötő kataláz, valamint egy méregtelenítő, Tau osztályú glutation-S-transzferázt (GST-Tau1) kódoló gének expressziója jelentősen nagyobb volt a +S növények leveleiben, mint a -S csoport növényeiben.

Vizsgálatainkkal elsőként igazoltuk, hogy a kén-indukált rezisztencia a vírussal fertőzésekkel szemben is megfigyelhető a dohánynövények esetében. A szulfát ellátottság feltehetően a glutation jelátvitel révén, illetve a kórfolyamattal kapcsolatos (PR) fehérjék aktiválásával befolyásolja a vírus-ellenállóságot.

*Kutatásainkat az OTKA K 77641 és K 84002 sz. pályázatok támogatták.*

## A fumonizin B1 toxin hatása *Bordetella bronchiseptica* és *Pasteurella multocida* baktériumokkal fertőzött sertésben

MAGYAR TIBOR

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Állatorvos-tudományi Intézet, Légzőszervi Bakteriológia Témacsoport, 1143 Budapest, Hungária krt. 21.

e-mail: magyar.tibor@agrar.mta.hu

A légzőszervi megbetegedések a modern sertéstartás legnagyobb veszteségeit okozó problémák közé tartoznak. Különböző kórokozók és tartástechnológia hibák együttes előfordulása és egymásra hatása a sertések úgynevezett komplex légzőszervi megbetegedésének kialakulásához (PRDC: porcine respiratory disease complex) vezethetnek.

A környezeti hajlamosító tényező közül a PRDC szempontjából kevésbé tanulmányozott csoportot képeznek a mikotoxinok. Jelen vizsgálatainkban a jellemzően tüdőödémát okozó fumonizin B1 (FB1) hatását vizsgáltuk *Bordetella bronchiseptica* (Bb) és *Pasteurella multocida* (Pm) kórokozókkal fertőzött állatok tüdejében. A kórfolyamatok időbeni lefolyását komputertomográfias (CT) képfeldolgozás alkalmazásával követtük nyomon.

Kísérletünkbe 28 db 3 napos, nőivarú malacot állítottunk be. A korai választás után a malacokat mesterséges módon neveltük fel. A 16. napig tejpor-keverő automata berendezés segítségével adagolt tejpótló tápszerrel, a 17. naptól a kísérlet végéig szilárd takarmánnyal tápláltuk őket.

Két külön teremben, négy csoportot alakítottunk ki, mindegyikben 7-7 db véletlenszerűen kiválasztott malaccal, a következők szerint:

1. csoport: nem fertőzött,
2. csoport: nem fertőzött, FB1 toxinnal kezelt
3. csoport: Bb és Pm fertőzött, FB1 toxinnal nem kezelt
4. csoport: Bb és Pm fertőzött, FB1 toxinnal kezelt.

A 3. és 4. csoportokat a kísérlet 4. napján Bb-val (KM22), a kísérlet 16. napján pedig Pm-val (LFB3) fertőztük. A 2. és 4. csoport a 16. naptól a kísérlet végéig 10 ppm FB1-toxint tartalmazó takarmányt fogyasztott. A CT vizsgálatokat a kísérlet 4., 16., 25. és 39. napján végeztük el. A kísérlet végén (40. nap), eutanáziát követően, a tüdőelváltozásokat kórbonctanilag is vizsgáltunk.

Tüdőelváltozást nem láttunk a negatív kontroll malacoknál, valamint az FB1-el kezelt csoportnál sem, ami arra utal, hogy az alkalmazott dózisban a fumonizin FB1 toxin nem eredményez szemmel is látható tüdőkárosodást. Ugyanakkor a fertőzött állatok esetében krónikus broncho-pneumoniát tapasztaltunk, akut elhalásos területekkel.

A CT felvételek elemzésekor a Bb fertőzés után, már a kísérlet 16. napján a 3. csoportból 3, a 4. csoportból pedig 5 állatnál találtunk elváltozásokat a tüdőben, ami még kifejezettebben jelentkezett a Pm fertőzés, illetve FB1 toxin fogyasztása utáni időszakban. A 3. és 4. csoport 1-1 malacánál csak a Pm fertőzést követően tapasztaltunk tüdőelváltozást. További 2 malacnál (3. és 4. csoportból 1-1 db) enyhe, inkább átmeneti jellegű (a boncolás során már nem látható) elváltozást mutatunk ki a Bb fertőzés után.

A Bb fertőzés eredményeként a CT-felvételeken diffúz, az egész lebenyre vagy lebenyekre kiterjedő elváltozást láttunk, míg a Pm fertőzés esetében kisebb, jól körülhatárolható helyi elváltozásokat tapasztaltunk.

A Bb fertőzés önmagában képes volt tüdőelváltozást előidézni a fiatal malacokban. A Pm fertőzés és az FB1 toxin fogyasztása súlyosbította ezen elváltozásokat. A mortalitás, az észlelt tüdőelváltozások, valamint ezek kiterjedése is egyaránt a 4. csoportban volt a legmagasabb, ami arra utal, hogy az FB1 toxin súlyosbította a két baktérium által létrehozott pneumóniát. Ez a megfigyelésünk összhangban van azzal az elképzeléssel, miszerint a tüdőt károsító különböző (fertőző és nem fertőző) faktorok együttes hatására PRDC alakul ki.

Eredményeink szerint a CT jól alkalmazható a sertések alsó légúti vizsgálatára, a tüdőelváltozások időbeli előrehaladásáról, és a tüdőszövetben lezajló változások jellegéről is átfogó képet kaphatunk segítségével.

# Az N vírus rezisztencia gén fogékonysági faktorként működik dohány nekrozis vírussal (TNV) fertőzött *Nicotiana benthamiana*-ban

KIRÁLY LÓRÁNT<sup>1</sup>- KÜNSTLER ANDRÁS<sup>1</sup> - CARLOS ANGEL<sup>2</sup>- JAMES SCHOELZ<sup>2</sup>

<sup>1</sup>MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, Biotechnológiai Osztály  
1022 Budapest, Herman Ottó út 15.  
e-mail: kiraly.lorant@agrar.mta.hu

<sup>2</sup>Division of Plant Sciences, University of Missouri, USA  
108 Waters Hall, 65211 Columbia MO, USA,  
e-mail: schoelzj@missouri.edu

A növénykórtanban az egyik legjobban jellemzett rezisztencia forma az ún. gén-génnel szembeni (*gene for gene*) rezisztencia. Ennek lényege, hogy egy növényi rezisztencia (*R*) gén fehérjeterméke felismeri egy adott kórokozó ún. avirulencia (*Avr*) génjének termékét (Flor, 1971). Ez a felismerési reakció különféle növényi védekezési folyamatokat (pl. védekezési gének indukálása) indít be, amelynek végső eredménye a legtöbb esetben az ún. hiperszenzitív rezisztencia (HR), azaz a kórokozó (pl. vírus) a behatolás helyén kialakuló nekrotikus lézióban, illetve annak környékén lokalizálódik. A növényekben idáig azonosított több, mint 200 vírus rezisztencia gén nagy része HR típusú rezisztenciát okoz. Az N gén az egyik legismertebb vírus rezisztencia gén, amelynek fehérjeterméke a dohány mozaik vírus (*Tobacco mosaic virus*, TMV) valamennyi ismert törzse ellen HR-t vált ki. A *Nicotiana glutinosa*-ból származó N gén volt az első vírus rezisztencia gén, amelyet molekulárisan izoláltak és jellemeztek (Whitham et al., 1994).

Kutatásaink kiinduló célja volt annak feltárása, hogy a TMV-vel szemben rezisztenciát meghatározó N gén csendesítése milyen "mellékhatásokkal" jár? Kíváncsiak voltunk arra, hogy az N gén csendesítése hogyan befolyásolja a rezisztenciát egy TMV-vel nem rokon vírussal (dohány nekrozis vírus, *Tobacco necrosis virus*, TNV) szemben, ahol a rezisztencia gén(ek) ismeretlen? A vizsgálatokhoz használt *Nicotiana edwardsonii* növényekben az N gén csendesítése egy hajtű (hairpin) transzgen konstrukció beépítésével történt (Balaji et al., 2007). A vírus koncentrációt, illetve a növényi génexpressziót a megfelelő génszakaszokra tervezett indítószekvenciák felhasználásával, valós idejű, kvantitatív RT-PCR módszerrel mértük. Eredményeink szerint az N gén csendesítésének hatására *N. edwardsonii*-ban a TMV-vel szembeni rezisztencia a korábbi eredményeknek (Balaji et al., 2007) megfelelően gyengült (később megjelenő, kisebb és kevesebb lokális nekrotikus/HR/ lézió, fokozott vírusterjedés). A TMV-vel nem rokon TNV-vel fertőzött N gén-csendesített *N. edwardsonii* növényekben viszont a vad típusúhoz képest redukált lézióképzés mellett a vírus koncentráció is jelentősen csökkent. Ezek szerint a TMV ellen ható N rezisztencia gén csendesítésének hatására egy másik vírussal, a TNV-vel szembeni rezisztencia fokozódott. Feltételezhető tehát, hogy *N. edwardsonii*-ban az N gén vagy egy hasonló szekvenciájú gén terméke TNV fertőzéskor fogékonysági faktorként működik.

Annak igazolására, hogy az N gén terméke TNV fertőzéskor valóban fogékonysági faktorként működik, vad típusú és az N génre transzgenikus (BN3) *Nicotiana benthamiana* növényeket fertőztünk TNV-vel. Mindkét gazdanövény inokulált levelein a vírusfertőzés után 2-3 nappal kialakultak a lokális nekrotikus tünetek (HR). A fertőzés után 12-14 nap múlva mind a vad típusú, mind a BN3 növényeken szisztemikus nekrozis jelent meg, amely a BN3 növényeken jóval erőteljesebb volt és gyakran súlyos szár- és csúcshajtás-nekrozisban kulminált. Az N génre transzgenikus BN3 növények inokulált- és szisztemikusan fertőzött leveleiben a TNV koncentráció többszöröse volt annak, mint amit a vad típusú *N. benthamiana*-ban detektáltunk (valós idejű, kvantitatív RT-PCR-rel mérve). A BN3 növények TNV-vel szembeni fokozott fogékonysága együtt járt egy védekezéssel kapcsolatos gén (szalicilsav glükózil transzferáz, SGT) expressziójának erős visszaesésével, ami a szalicilsavval kapcsolatos védekezési reakciók gyengülését jelezheti. Ugyanakkor egyes patogenezissel kapcsolatos gének (*PR1*, *PR5* és két glutation-S-transzferáz gén *IGSTPhi* és *GSTTau1*) fokozott mértékben indukálódtak a BN3 növények TNV-vel szisztemikusan fertőzött leveleiben, ami feltehetően a fokozott sejt- és szövetelhalás valamint TNV replikáció markere lehet.

Eredményeink szerint tehát a TMV ellen ható N rezisztencia gén egy TMV-vel nem rokon vírussal (TNV) szemben valóban fogékonysági faktorként működik. Tudomásunk szerint ez az első példa arra, hogy ugyanaz a növényi gén különböző vírusokkal szemben rezisztenciát és fogékonyságot is meghatározhat.

*Kutatásainkat az OTKA K 61498 és K 84002 sz. pályázat támogatta.*

# A feromon felderítésétől a városi díszfák növényvédelméig - friss, alkalmazható eredmények egy gubacsszúnyog és egy aknázómoly előrejelzésére

SZŐCS GÁBOR

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Növényvédelmi Intézet, Állattani Osztály, 1022 Budapest, Herman Ottó u. 15.

e-mail: h7192szo@ella.hu

Napjainkban a világ népességének mintegy 60%-a városlakó, és ez az arány a fejlett régiókban, pl. az Európai Unióban, így hazánkban is, még ennél is nagyobb (UN Population Division, 2004; Németh, 2008). A városiak életminősége szempontjából a városi zöld területek növényegészségügyi helyzete, a városi ökoszisztémák (urban ecosystems) fenntarthatóságának biztosítása, a díszfák, fasorok növényvédelme, az újonnan fellépő, invazív, kártevő rovarok járványszerű terjedése elleni új, hatékony módszerek kidolgozása egyaránt szakmai és társadalmi kérdés (WHO Technical Report Series, 1988). Hazánk a rovarvándorlások keresztútjában fekszik, a városi zöldterületek pedig különösen veszélyeztetettek. A K 72767 OTKA pályázat célkitűzésekor (2008) az akkortájt fontossá váló, invazív kártevők közül azokra összpontosítottunk, amelyek a városképet is fenyegették, és amelyek kémiai kommunikációjának feltárásához a megelőző időszak fejlesztései nyomán a műszerparkunk reményt adott. Támazkodtunk továbbá a megelőző időszak sikerére, a vadgesztenyelevél-aknázómoly elleni védekezés kidolgozására és budapesti alkalmazására.

Mindezek alapján kíséreltük meg a lepényfa-gubacsszúnyog (*Dasineura gleditchiae*) (Diptera: Cecidomyiidae), valamint egy tölgyaknázó moly, a *Tischeria ekebladella* (Lepidoptera: Tischeriidae) szexferomonjának kivonását és azonosítását. Célunk az volt, hogy mind a gubacsszúnyog, mind pedig az aknázómoly rajzásának nyomkövetéséhez fajspecifikus feromoncsapda kifejlesztésére nyíljon lehetőség.

A feromont a megfelelő napszakban, csalogató viselkedést mutató nőtényekből vontuk ki. A gubacsszúnyognál a kibocsátott feromont zárt légtérből gyűjtöttük vissza (closed-loop stripping apparatus - CLSA, Brechbühler AG, Schlieren, Svájc) mintegy 2300 nőtényből, míg az aknázómoly esetében közvetlenül a mirigyből extraháltuk n-hexán segítségével, egy-egy kivonathoz 10-100 nőtényt használva. A kivonatok biológiai aktivitását elektroantennográffal (EAG, Syntech) illetve laboratóriumi viselkedési teszttel ellenőriztük. A kivonatokban a csápválaszt adó (feromon) komponenseket bioszenzoros gázkromatográffal (GC-EAD) szűrtük ki (6890 N GC, Agilent Technologies Inc., Santa Clara, DB-wax kapilláris oszlop, J&W Sci.). A kémiai szerkezetmeghatározás külföldi együttműködésben, GC-MS segítségével történt, és a vegyületek izomér-, illetve enantiomér-specifikus szintézisét is ezek a csoportok dolgozták ki (gubacsszúnyog: David Hall., NRI, Univ. Greenwich, Chatham Maritime, UK; aknázómoly: Wittko Francke, Inst. Org. Chem., Univ. Hamburg, Hamburg, D). Az aknázómoly faj-meghatározásának ellenőrzését E. J. van Nieuwerkerken (Naturalis Biodiversity Center, Leiden, NL) végezte. A szabadföldi csapdázáshoz Csalomon® RAG csapdákat használtunk. Statisztika: ANOVA-t követő Games-Howell *post-hoc* teszt, SuperAnova®, Abacus Concept Inc.

Mindkét kártevőnél az áttörést a feromonkomponens retenciós idejének meghatározása jelentette. A gubacsszúnyognál a feromon (2R,8Z)-2-acetoxi-8-heptadekánnak bizonyult. Ez a vegyület új szerkezetet képvisel az eddig feltárt feromonok körében, és meglepő, hogy az R-enantiomer aktív (J. Chem. Ecol., 2009, 35: 706-714). Már az első szabadföldi kísérlet (Budapest, Lágymányosi-híd) látványos sikert hozott: egy kísérleti csapda átlagos napi fogása a több százat is elérte. A hatóanyag alapján általunk kifejlesztett feromoncsapda máris hasznosul: a Csalomon® feromoncsalád új tagja 2010-től. A csapdák segítségével sikerült az Európában terjedőben lévő kártevőt Svédországtól déli részéről kimutatnunk (Entomol. Tidsskrift 130: 113-120, 2009). Eredményeinkről a hazai szakembereket (Növényvédelem 46: 101-108, 2010), illetve a felhasználókat is tájékoztattuk (Kertészet és Szőlészet 60: 22-23, 2011).

Az aknázómoly feromonjáról kiderült, hogy szintén új szerkezetet képvisel, mégpedig nemcsak a rovarferomonok, hanem a természetes anyagok (natural products) körében is: (3Z,6Z,9Z,19Z)-tricosan-3,6,9,-19-tetraén (J. Chem. Ecol. Online First DOI 10.1007/s10886-012-0184-9). A szabadföldi csapdázás bebizonyította, hogy a vegyület kiválóan alkalmas arra, hogy az előrejelzésre szolgáló csapda hatóanyaga legyen. Eredményünk egyben az első feromonmeghatározást jelenti az ősi Tischeriidae családban. A lepkék korai evolúciója szempontjából igen érdekes az általunk leírt kémiai szerkezet, mivel valószínűleg egy új törzsfajlódási ágra utal.

Összegezve, mindkét kártevő szexferomonját azonosítottuk. A feltárt vegyületek új feromon-szerkezetet képviselnek, és evolúciós, kemotaxonómiai vonatkozásban is figyelemreméltóak. Mindezek alapján mindkét kártevő rajzása feromoncsapdával monitorozható.

*Kutatásainkat az OTKA K 72767 sz. pályázat támogatta.*

# Módszer kidolgozása Magyarország főbb talajféleségei telített és telítés közeli vízvezetőképességének megadására

FODOR NÁNDOR - RAJKAI KÁLMÁN - SÁNDOR RENÁTA

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Talajtani és Agrokémiai Intézet, Talajtani Osztály, 1022 Budapest Herman Ottó u. 15.

e-mail: fodor.nandor@agrar.mta.hu

A talajtani adatbázisok komoly hiányossága, hogy a talaj vízgazdálkodása szempontjából igen fontos telítési vízvezető-képessége (KS) vagy hiányzik, vagy gyakran csak becsléssel származtatták az adatbázis egyéb elemeiből, vagy ha megmérték is, a mérések során vagy többféle módszert alkalmaztak, vagy igen kicsi méretű mintát használtak. A jelenleg szabványos módszer néhány cm-es mintaméretéből következik, hogy a mért KS értékek talajszelvény szintű (pedonméretű) reprezentativitása nem egyértelmű. Annak érdekében, hogy Magyarország talajaira, a talajok telítési vízvezető-képességére módszertanilag egységes adatbázis legyen összeállítható, amelyben a mért értékek megfelelően reprezentálják a mintavételi hely talajszelvényvel jellemzett talaját, olyan módszer kidolgozását hajtottuk végre (OTKA K-67672), amellyel bolygatatlan mintákon történő méréssel, tetszőleges talaj pedonléptékű telített és telítésközeli vízvezető-képesség értékei határozhatók meg laboratóriumi körülmények között. Az új eljárás eredményeit több, már régebben kidolgozott módszerrel/eszközzel meghatározott KS értékkel is összevetettük.

Négy terepi ('Mini Disk Infiltrometer', 'Guelph Infiltrometer', 'Tension Disc Infiltrometer' és 'Double Ring Infiltrometer'), két labor és tíz becslő eljárást vizsgáltunk meg és hasonlítottunk össze három igen különböző talajféleségen (homok/Órbottyán, vályog/Nagyhörcsök, agyag/Szurdokpüspöki). Minden terepi mérést 5 ismétlésben végeztünk el. A labormérésekhez 5 db 100 cm<sup>3</sup>-es és 5 db 5600 cm<sup>3</sup>-es mintát vettünk. További 5 darab kispatronos mintán víztartó képességet, illetve térfogattömeget, valamint 5 db bolygatott mintából mechanikai összetételt és humusztartalmat határoztunk meg. A terepi mérésekhez és a mintavételezésre kb. 16 m<sup>2</sup>-es parlag-területeket használtunk, amelyek legalább 5 éve kikerültek a művelésből. A kispatronos mintákon a szabványos, csökkenő vízoszlop módszerrel határoztuk meg a telítési vízvezető képességet. A nagypatronos mintákon egy saját fejlesztésű berendezéssel hajtottuk végre a méréseket. Ezen új módszer nagy előnye, hogy segítségével ugyanazon a mintán lehet megmérni a talaj mátrix (makro-pórusok kizárásával,  $K_{S, \text{mátrix}}$ ) és a talaj tényleges vezetőképességét ( $K_{S, \text{makro}}$ ), sőt, segítségével a talajok  $K(\Phi)$  függvényének 0-30 cm-es szívóerő-tartományba eső része is meghatározható. Ezen felül a módszer több okból is etalonnak tekinthető, sokkal inkább, mint a gyakorlatban elterjedt 100 cm<sup>3</sup>-es mintákkal 'dolgozó' állandó/csökkenő vízoszlop módszerek: (1) A minta mérete az új módszer esetében 5600 cm<sup>3</sup>, amely sokkal jobban reprezentálja a talajszelvényt, mint a másfél nagyságrenddel kisebb ún. kispatronos minták. (2) A mérés során a minta tökéletes vízzel való telítése ellenőrzött és garantált a mintába helyezett tenziométerek segítségével. (3) A mintázó henger belső falára vékony réteg szilikonzsír kerül a mintavétel előtt, amely megakadályozza, hogy az ún. 'falhatás' eltorzítsa a mérési eredményt. (4) A mérés során, a minta határán beállított peremfeltételek (nyomás, illetve szívóerő) jól definiáltak.

A becslőeljárások egyikét sem találtuk mindhárom talajféleségre megbízhatóan alkalmazhatónak. A terepi eszközök esetében megállapítottuk, hogy a velük mért nyers beszivárgási adatok kiértékelése során alkalmazott közelítések/elhanyagolások komoly hiba-, illetve bizonytalansági-forrást jelenthetnek a KS értékek meghatározásában. A terepi mérőeszközök közül egyértelműen az ún. Mini Disc Infiltrometer-t (kiskorongos beszivárgás-mérő) találtuk legalkalmasabbnak. Olcsó, könnyen kezelhető és a segítségével mért nyers adatok kiértékelése, azaz a KS értékének számítása is egyszerű.

Az eltérő módszerekkel meghatározott vezetőképesség értékek felhasználásával talajnedvesség-forgalmi szimulációkat végeztünk a HYDRUS-1D modell segítségével. Megállapítottuk, hogy a különböző módszerekkel nyert vezetőképesség értékek eltérése a modell eredményeiben nagy bizonytalanságot eredményez. Becslőmódszerek alkalmazása a modell bemenő adatainak előállítására ezért ellenjavallt.

Az új módszer valódi alternatívája lehet a jelenleg szabványos kispatronos (100 cm<sup>3</sup>) állandó/csökkenő vízoszlop módszernek, mivel a valóságos talajállapotot jobban reprezentáló mintákon történik a mérés kifinomultabb technikával. Az új módszerre építve, kis befektetéssel, kialakítható olyan infrastruktúra, amivel rutinszerű mérési folyamat valósítható meg. A megbízhatóbb mérések megbízhatóbb értékekkel szolgálhatják ki a kapcsolódó gyakorlati (mezőgazdasági, mérnöki, stb.) alkalmazásokat.

# A búza sütőipari minőségének összefüggése a sikér és pentozán összetétellel

RAKSZEGI MARIANN<sup>1</sup> - BÉKÉS FERENC<sup>2</sup> - BALÁZS GÁBOR<sup>3</sup> - KOVÁCS ANNAMÁRIA<sup>1</sup> - WUJUN MA<sup>4</sup> -  
LÁNG LÁSZLÓ<sup>1</sup> - TÖMÖSKÖZI SÁNDOR<sup>3</sup> - BEDŐ ZOLTÁN<sup>1</sup>

<sup>1</sup>MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Mezőgazdasági Intézet, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

<sup>2</sup>FBFD, Pty Ltd, Beecroft, NSW, Australia

<sup>3</sup>Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem, Alkalmazott Biotechnológia  
és Élelmiszertudományi Tanszék, 1111 Budapest, Szent Gellért tér 4.

<sup>4</sup>State Agricultural Biotechnology Center, Murdoch University WA, Australia  
e-mail: rakszegi.mariann@agrar.mta.hu

Az elmúlt évtizedben a búzafajták sütőipari minőségével kapcsolatos elvárások sokat változtak. A minőségnek számos új aspektusa vált fontossá, amelyek egyben a genetikai és összetételi adottságok mélyebb megismerését is szükségessé tették. Azok a tulajdonságok, melyek a gazdaságos termelést teszik lehetővé, mint például a lisztkihozatal, a vízfelvétel vagy a dagasztáshoz szükséges energia, ma nagyobb jelentőséget kapnak, mint korábban, ugyanakkor a minőségi elvárások egy másik dimenzióját a termékek táplálkozási értéke képviseli. A jó minőség definíciójának ezen alternatívái a búzaminőség értékelésének egy sokkal komplexebb módját teszik szükségessé, mely a sikérfehérje alapú jellemzésen túl, a keményítőhöz kapcsolt tulajdonságokkal is számol, valamint a vízdoldható komponenseket is figyelembe veszi és értékeli. Ezek a komponensek lehetnek például vízdoldható fehérjék vagy nem-keményítő alapú szénhidrátok. A búza ezen összetételi adatainak felhasználásával megbecsülhetők egyes termékek szerkezeti, összetételi és funkcionális tulajdonságai statisztikai megközelítéssel, modellek létrehozásával. Az eddig létező modellek elsősorban a búza tartalékfehérje összetételére alapoztak, egyéb tényezőket figyelmen kívül hagyva.

A kutatás célja, hogy genetikai és biokémiai módszerekkel vizsgálja a búza sütőipari minőségét meghatározó tényezőket, és hogy vizsgálja a genotípus és a környezet hatását (GxE) a búzafajták három különböző csoportjára: a.) 37 régi magyar tájfajta, b.) 28 martonvásári búzafajta, c.) néhány (20) jól ismert, nemzetközi búzafajta a világ különböző tájairól. A projekt a sütőipari minőséget meghatározó tulajdonságok közül, a sikér és az oldható fehérjék, valamint a nem-keményítő jellegű szénhidrátok minőségi és mennyiségi elemzésére fókuszál. A vizsgált genetikai és biokémiai adatok felhasználásával egy matematikai modell készül, melynek segítségével, reményeink szerint reológiai vizsgálatok nélkül is megbecsülhetők lesznek a búza és a liszt sütőipari tulajdonságai.

Eredményeink szerint, mind a HMW mind az LMW glutenin allélek jelenléte, mind ezen fehérjék kölcsönhatása befolyásolta a liszt sütőipari minőségét. A vízfelvétel nem adott összefüggést a glutenin fehérje allél összetétellel, de a vízdoldható fehérje és rostanyag komponensekkel (arabinoxilán) igen. A liszt vízfelvétele tehát javítható a vízdoldható komponensek arányának növelésével. Matematikai modell segítségével megbecsültük a tézta nyújthatóságot és erősséget (Békés et al 2006) a fehérje allél összetétel, a vízfelvétel, a vízdoldható fehérjék és pentozánok mennyiségének, valamint a keményítő sérülésének ismeretében, és a mintáinkat elhelyeztük az eddig becsült teljes mintaseregben. Megállapítottuk, hogy megfelelő összetételű szülői genotípusok megválasztásával bármely tézta tulajdonságot létrehozhatunk a becsült tartományon belül.

*Kutatásainkat az OTKA 80292 sz. pályázat támogatta.*



## Újabb eredményeink a halkórtani kutatásban

MOLNÁR KÁLMÁN

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Állatorvos-tudományi Intézet, Halkórtan és Parazitológia Témacsoport, 1143 Budapest, Hungária krt. 21.

e-mail: molnar@vmri.hu

Intézetünk Halkórtan és parazitológia és Hal-parazitológia kutatócsoportjaiban a halakat károsító paraziták fejlődésének, kórtanának és gazdasági jelentőségének kutatása folyik.

A Balatonnal kapcsolatos kutatások anyagi fedezetét a K 71837 sz. OTKA (2008-2012): Balatoni halfajok és köztigazda szervezetek parazitológiai monitorozása c. téma biztosította. Új kutatási eredményeink főképpen a nyálkaspórák (*Myxosporea*) élősködők fejlődésének, gazdákkal való kapcsolatának, kórtanának és molekuláris biológiai szerkezetének vizsgálatából adódtak. Sikeresen reprodukáltuk a dévérkeszeg illetve a busa kopolyúján elváltozásokat okozó *Myxobolus rotundus*, és *M. pavlovskii* fajok, valamint a keszegfélék izomzatában fejlődő *M. pseudodispar* teljes fejlődési ciklusát. Új fajokat írtunk le balatoni halakból, pl. a *M. shaharomae* és *M. erythrophthalmi* fajokat küsz és vörösszárnyú keszeg belső szerveiből, s ezeknek a fajoknak az oligochaetákban fejlődő actinospora stádiumait is sikeresen kimutattuk. Morfológiai és molekuláris biológiai módszerekkel a domolykóból és bodorkából 8-8 *Myxobolus* fajt, köztük új fajokat ismertettünk közleményeinkben, elhelyezve azokat 18S rDNS szerkezetük alapján a genetikai fán. Portugál kooperációban összehasonlítottuk s dunai márna és az ibériai márna myxosporea faunáját. Megállapítottuk, hogy a két közel-rokon halfajon morfológiailag azonos, de DNS szerkezetében kissé eltérő *Myxobolus* fajok élősködnek, ami az élősködőknek a gazdákhöz hasonló divergálására utal. Hasonló eredményekre jutottunk néhány dunai halfaj (domolykó, jász, balin ezüstkárász) parazitáit illetően. A különböző gazdáról izolált morfológiailag hasonló spórák genetikai szerkezetükben eltértek, csak az egy tribusba tartozó halakon bizonyultak azonosnak, s ezért indokolt volt 3 új *Myxobolus* faj leírása. A myxosporeák tanulmányozása területén elért eredményeink lehetővé tették, hogy néhány egyéb biotópokról származó halfaj élősködőit tanulmányozzuk és leírjuk. Ennek keretében új kórokozó élősködőket írtunk le malajziai, thaiföldi, portugáliai és tunéziai halfajokról (például a ma már tömegesen tenyésztett pangasiusról).

A nyálkaspórák esetében a gazda-felismerésnek és a gazdában való megtelepedésnek különleges jelentősége van, hiszen ez fejlődésük legkritikusabb szakasza. Az OTKA által támogatott K75873 számú pályázat kísérletes része a nyálkaspórák gazdában való megtelepedésének és kevésertéjű férgekben zajló fejlődésének eddig nem vizsgált részleteire koncentrált. A laboratóriumban *in vivo* körülmények között fenntartott modellfajokon vizsgáltuk a parazita bejutását és fejlődését a féreg gazdában, illetve a különféle féregpopulációk faji összetételének hatását a parazita terjedésének hatékonyságára. A természetes vízi és halgazdasági halakból gyűjtött nyálkaspórák vizsgálata során az eddig nem tanulmányozott fajok gazdakörének tisztázásával újabb adatokat gyűjtöttünk e gazdaságilag is fontos parazita csoport hazai elterjedéséről és élőhelypreferenciájáról. A kutatás során eddig kapott eredmények fontos ismereteket szolgáltatnak a nyálkaspórák paraziták elleni védekezési stratégia kifejlesztését célzó alkalmazott kutatásokhoz.

A Balatonban május-június hónapokban évente lezajlik egy korlátozott létszámú keszegelhullás. Ezt mi a *Tracheliastes maculatus* bőrelősködő rák kártételének és az általa közvetített baktériumos szövődménynek tulajdonítjuk.

A 2009-ben lezárt K 62136 sz. OTKA "posztumusz" eredménye az a közlemény, amelyben bizonyítottuk, hogy a törzsfejlődés során az első koccidiumok halakban jelentek meg. Eredményeink arra utalnak, hogy a halakat fertőző *Goussia* fajok egy része az emlősökben és madarakban közönséges bélélősködő *Eimeria*-fajokkal, más részük a cisztaformáló, *Toxoplasma-Sarcocystis* típusú apicomplexákkal mutat genetikai hasonlóságot.

Nem érezzük magunkat autentikusnak a víruskutatásban, de kísérleti márna-állományunkban virológus kollégáink segítségével először diagnosztizáltunk egy cirkovírust, majd rendszeres monitoring vizsgálataink során kapcsolatba kerültünk a 2011-ben lezajlott balatoni harcsaelhullással, amelynek során ezekből a halakból is egy eddig ismeretlen cirkovírust sikerült virológus kollégáinknak kimutatniuk.

# A fény szerepe a növények fagyállóságának kialakulásában

JANDA TIBOR

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Növényélettani Osztály, 2462 Martonvásár, Brunsvik u. 2.

e-mail: janda.tibor@agrar.mta.hu

A megfelelő mértékű fagyállóság kialakításához még a kiváló télállósággal rendelkező őszi gabonafajták esetében is fontos, hogy mielőtt jóval fagyponthoz alatti hőmérsékletre kerülnek, meghatározott idejű alacsony, de még fagyponthoz feletti hőmérsékleten történő edzési perióduson essenek át. A fagyűrő képesség komplex biokémiai és biofizikai folyamatok eredménye, kialakításában több folyamat is szerepet játszik. Annak ellenére, hogy már számos gén hideghatásra történő indukcióját leírták, ezen folyamatok pontos mechanizmusa még csak kevéssé ismert. A genetikai háttér mellett a környezeti tényezők is meghatározó szerepet játszanak a stressztolerancia kialakításában. Már évtizedek óta ismert, hogy fény hiányában az alacsony hőmérséklet önmagában nem képes megfelelő mértékű edzettséget kiváltani az őszi gabonafélékben. Ennek ellenére a pontos mechanizmusa a fénynek az edzetség kialakulásában még ma sem ismert. Munkánk fő célja, hogy jobban megértsük a fény szerepét a gabonafélék fagyállóságának kialakulásában.

Kísérleteinkben kimutattuk, hogy a búzánövények fagyállóságát tekintve alacsony fényintenzitás mellett a hidegedzés hatékonysága jelentősen gyengébb, illetve, hogy a fagyállóság nemcsak alacsony hőmérsékleti edzéssel, hanem normál hőmérsékleten viszonylag magas fényintenzitáción történő neveléssel is fokozható. Érdekes dolog, hogy a hidegedzés nélküli, csupán emelt fényintenzitással elért fagyállóság szintén jobban érvényesül az őszi, mint a tavaszi fajtákban, vagyis a hidegedzhető fajták fényvel is jobban edzhetőek. Ez arra utal, hogy a hideg-, illetve fényfüggő jelátviteli folyamatok részben átfedő, közös utakon járnak. A vizsgálatok folytatásaként arra kerestünk választ, hogy a fény milyen élettani, biokémiai folyamatokon keresztül járul hozzá a megnövekedett fagyállóság kialakulásához.

A témával kapcsolatos korábbi vizsgálatainkban őszi búzában bemutattuk a ciklikus elektrontranszportlánc, egyes antioxidánsok, a szalicilsav-metabolizmus, a poliaminok, valamint a membránlipidek alakulását eltérő fényviszonyok mellett alacsony hőmérsékleti edzés során. A fénynek a búza fagyállóságának kialakulásában betöltött szerepének jobb megismeréséhez microarray módszerrel összehasonlító génexpressziós vizsgálatot végeztünk *Mv Emese* őszi és *Nadro tavaszi búzafajtákon*. A két fajtában 484, ill. 349 gént mutattuk ki, melyek kifejeződése fényfüggést mutatott. Ezek nagy része a fotoszintetikus apparátus működését érintette, de ezek mellett több jelátviteli, hormonális folyamatokhoz kapcsolható, valamint stressztűrésben szerepet játszó gént is találtunk.

A prolin egyéb élettani szerepe mellett fontos ozmoprotektáns, amely több, a szövetek dehidratációjával járó stresszhatás során is védő hatást fejt ki. Kísérletünkben a prolinszint hidegedzés alatti változásait is vizsgáltuk a két eltérő erősségű megvilágítás függvényében. A prolin mennyiségében a hidegedzés 3. napján, normál fényintenzitáción mindkét fajta esetében egy átmeneti csúcs volt megfigyelhető, de később is a kontroll szinthez képest ezek az értékek is szignifikánsan magasabbak voltak. Az alacsony fényintenzitáción egyik fajta esetén sem volt kimutatható szignifikáns változás az edzés során a prolinszint változásaiban.

Mindezek mellett több növényi hormon (auxin, citokininek, NO, valamint az etilén prekursor ACC) edzés során létrejövő mennyiségi változását is nyomon követtük, és megállapítottuk, hogy ezek közül több szintén fényfüggést mutatott, mely közvetve vagy közvetlenül szintén kapcsolatba hozható a fénynek az edzés során gyakorolt hatásaival.

További főbb kutatási irányok a témában: 1) Egyes gének fényfüggésének jellemzése a hidegtűrés kialakulásában. 2) Annak tisztázása, hogy mennyire fontos a fény minősége a hidegedzés során? 3) A fény szerepének vizsgálata a különböző egyéb stresszorokhoz való alkalmazkodásban gabonafélékben. 4) A fény szerepe az alacsony hőmérsékleti akklimatizáció során a hidegérzékeny kukoricánövényekben.

*Kutatásainkat az OTKA K 75584 sz. pályázat támogatta.*

# **POSZTEREK**

## Hazai fitoftórák növénybetegségek felmérése és a kórokozók azonosítása

BAKONYI JÓZSEF<sup>1</sup> - NAGY ZOLTÁN ÁRPÁD<sup>1</sup> - JÓZSA ANDRÁS<sup>2</sup> - SZIGETHY ANDRÁS<sup>1</sup>

<sup>1</sup>MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Növényvédelmi Intézet, Növénykórtani Osztály, 1022 Budapest, Herman Ottó út 15.

<sup>2</sup>Pannon Egyetem, Georgikon Kar

Növényvédelmi Intézet, 8360 Keszthely, Deák Ferenc u. 57.

e-mail: bakonyi.jozsef@agrar.mta.hu

A gombaszerű, de az algákkal rokon *Phytophthora*-fajok világszerte súlyos károkat okoznak mezőgazdasági, kertészeti és erdészeti kultúrákban. Egyaránt károsítják a talajszint alatti és feletti növényi részek belső szöveteit. A talajlakó fajok diagnosztizálása részben rejtett életmódjukból adódóan nehezebb. Lezárult OTKA-pályázatunk (K61107) kezdetekor feltételeztük, hogy az addig jelzett néhány fitoftórák közül a nemzetség számos képviselője előfordul és fontos növénykórtani szereppel bír hazánkban. Mivel a kórokok tisztázása az eredményes védekezés egyik feltétele, pályázatunk egyik részfeladata a Magyarországon előforduló *Phytophthora*-fajok és az általuk kiváltott betegségek felmérése volt.

Közel 300 izolátumot gyűjtöttünk elsősorban fás szárú dísznövényekről, melyek intenzív termesztése és kereskedelme különösen kedvez a talajlakó fitoftórák terjedésének. Emellett gyűjtöttünk korábban kevésbé mintázott gyümölcsültetvényekből, erdőkből és természetes élőhelyekről (patakpart, mocsár). Tenyészetek jellemzését, fajszintű azonosítását, illetve a filogenetikai kapcsolatok feltárását morfológiai és fiziológiai vizsgálatok, valamint DNS-szekvenciák (rDNS ITS,  $\beta$ -tubulin, EF-1 $\alpha$ , COX1, NADH1) elemzése alapján végeztük.

Tizennyolc fitoftórárt (hetet hazai viszonylatban első alkalommal) azonosítottunk 19 növényfajról, erdők és gyümölcsösök talajából. Összesen 32, hazánkban korábban le nem írt fitoftóra-gazdanövény kapcsolatot jegyeztünk fel. Leggyakoribb betegségi tünet a gyökér- és szártőrothadás volt, melynek kuratív kezelése rendkívül nehéz, a gyakorlatban szinte lehetetlen. Hajtásokon és leveleken ritkábban fordultak elő a patogének. A beteg növények közel felét mindössze néhány különösen gyakori faj (*P. cinnamomi*, *P. citricola*, *P. citrophthora*) károsította. Gyümölcsösök talajában a *P. cactorum*ot találtuk. Jellemeztünk, illetve azonosítottunk a tudományra nézve új fajokat is. A *P. niederhauserii* sp. nov. egy széles gazdanövénykörű és földrajzi elterjedésű, természetes élőhelyeken és termesztői környezetben egyaránt előforduló fitoftóra, melynek első izolátumait 2001-ben gyűjtötték az USA-ban. A kórokozót hamisciprusról, kaukázusi jegenyefenyőről és puszpángról izoláltunk. Vele szemben a "*P. taxon hungarica*" informális elnevezésű taxon vizes, nedves élőhelyeken fordult elő s vizsgálataink szerint gyengén patogén és kevésbé gyakori.

Adataink jelentősen bővítették ismereteinket a Magyarországon előforduló fitoftórákról, különös tekintettel az utóbbi évtizedekben folyamatosan bővülő dísznövénytermesztésben károsító fajokra, s alátámasztják e sok esetben nehezen diagnosztizálható kórokozócsoport fontosságát, valamint a növények kereskedelmével kapcsolatos növényegészségügyi óvintézkedések betartásának fokozott szükségességét.

## Szerves és műtrágyázás hatása üvegház-gázok képződésére és a termésre

BÁLINT Á.<sup>1</sup> - HOFFMANN S.<sup>2</sup> - †BERECZ K.<sup>2</sup> - KRISTÓF K.<sup>1</sup> - KAMPFL GY.<sup>1</sup> - NÓTÁS E.<sup>1</sup> - HORVÁTH M.<sup>1</sup> - GYARMATI B.<sup>1</sup> - MOLNAR E.<sup>1</sup> - ANTON A.<sup>3</sup> - SZILI-KOVÁCS T.<sup>3</sup> - HELTAI GY.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Szent István Egyetem, Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar, Kémia és Biokémia Tanszék, 2103 Gödöllő, Páter Károly u. 1.

<sup>2</sup>Pannon Egyetem, Georgikon Kar, Növénytermesztéstani és Talajtani Tanszék, 8360 Keszthely, Festetics u. 7.

<sup>3</sup>MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Talajtani és Agrokémiai Intézet, Talajbiológiai és Talajbiokémiai Osztály, 1022 Budapest, Herman Ottó út 15.  
e-mail: anton.attila@agrar.mta.hu

A mezőgazdasági eredetű üvegházhatású gázok (CO<sub>2</sub>, N<sub>2</sub>O és CH<sub>4</sub>) jelentősen hozzájárulnak a globális klímaváltozáshoz, ezért ezek tanulmányozása különösen fontos. A talaj forrása és elnyelője is lehet ezeknek a gázoknak, az egyenleg nagymértékben függ a talaj használatától és a művelési módtól. A négyéves kutatási programban eltérő ásványi- és istállótrágyázás hatását vizsgáltuk a talaj CO<sub>2</sub> és N<sub>2</sub>O képződésére kukorica (*Zea mays*) növény mellett négy szintű megközelítésben: 1. mikrokozmosz, 2. mezokozmosz, 3. bolygatatlan talajoszlop, 4. szabadföldi kísérlet. A kísérlet korábbi, mintegy tízéves kísérletsorozatra, továbbá a keszthelyi 1963-ban elindított szerves és ásványi trágyázási tartamkísérletre épült.

A szabadföldi szerves- és műtrágyázási tartamkísérlet két növényforgóval, 35 tonna/hektár istállótrágyával, és ennek dupla és 3-szoros adagjával, az istállótrágyával ekvivalens műtrágya-kezeléssel és a műtrágya-kezelés szalma alászántással kombinálva szerepeltek véletlen blokk elrendezésben. A szabadföldi kísérlet 30 kezelése közül 10 kezelés kiválasztásával mezokozmosz, vagy makro-tenyészedény kísérlet beállítása történt üvegházban, ahol kukoricát neveltünk a teljes érettségig. A makro-tenyészedényekbe a képződött gázok összegyűjtésére alkalmas gázcsapda telepítése történt, ahonnan a növény fejlődésével párhuzamosan kéthetente történt gázmintavétel. A mikrokozmosz kísérletben kontrollált körülmények között eltérő talajnedvesség és hőmérséklet mellett a CO<sub>2</sub>, NO és N<sub>2</sub>O gázok képződését vizsgáltuk. A bolygatatlan talajoszlopokkal végzett kísérletben a szabadföldi kísérletek 6 különböző kezelését kiválasztva a CO<sub>2</sub> és N<sub>2</sub>O koncentráció változását vizsgáltuk eltérő talajmélységben, továbbá a gázok talajfelszíni fluxusát mértük a vegetációs időszak alatt, valamint a talajfelszín mikrobiális aktivitását és a mikrobiális biomassza változását is nyomon követtük.

A bolygatatlan talajoszlopban és a tenyészedényekben észlelt CO<sub>2</sub> gázprodukciónak a tenyészidő folyamán egyaránt kezdeti stagnálás után egy, vagy több maximum elérése után a kezdeti szintre csökkent. Ezek a változások mindkét esetben jó korrelációt mutattak a napi középhőmérséklet változásával. Az N<sub>2</sub>O produkció időbeli változásának iránya a talajoszlopokban nem mutatott egyértelmű tendenciát, míg a tenyészedényekben jól mérhető növekedést csak a vetést követő 6. napig tapasztaltunk a CO<sub>2</sub> koncentráció stagnálási periódusában. Ezt az időbeli eltolódást a két gáz képződésének dinamikájában mikrokozmosz kísérleteink is megerősítették.

A bolygatatlan talajoszlopokban a felszíntől 40 cm mélységig a CO<sub>2</sub> koncentráció erősen nőtt, s 40-60 cm között már nem változott számottevően. Ugyanez a tendencia mutatkozott az N<sub>2</sub>O koncentrációnál is, de a nagyobb mérési bizonytalanság miatt kevésbé egyértelműen. A tenyészedényekben a felszínen és a 20 cm mélyen elhelyezett csapdák között ugyancsak növekedett a CO<sub>2</sub> koncentráció, és az itt mért értékek nagyságrendileg megegyeztek a talajoszlopban 20 cm mélyen mért értékekkel. Az N<sub>2</sub>O mélységi változása a tenyészedényekben nem volt igazolható. A talajoszlopból a felszínen kilépő emisszió mérése és a mélységi eloszlási profil összekapcsolása lehetőséget nyújt a CO<sub>2</sub>-diffúzió modellezésére. A CO<sub>2</sub> fluxus és a talaj felső rétegéből származó mintából mért mikrobiális biomassza és aktivitás közötti korreláció egyértelműen kimutatható, de ennek szorossága szezonálisan változik. A trágyázatlan kezeléseknél a növények jelenléte mind a talajoszlopban, mind a tenyészedényekben növelte a CO<sub>2</sub> és az N<sub>2</sub>O produkciót. A trágyázási kezelésekre a talajoszlopokban csökkent mind a két gáz produkciója. Szerves trágya alkalmazása és növény jelenlétében ez a csökkenés kisebb mértékű volt, mint ásványi trágya esetében. Ezzel ellentétben a trágyázási kezelésekre a tenyészedényekben növények jelenlétében egyértelműen növekedett a CO<sub>2</sub> produkció, és kevésbé egyértelműen az N<sub>2</sub>O produkció is. A növekedés a trágyakezelések termésmenvelő hatása sorrendjében (istállótrágya < ásványi trágya < istállótrágya+ásványi trágya) fokozódott. Összegezve megállapítható, hogy a CO<sub>2</sub> és N<sub>2</sub>O gázképződés és a talajból történő kilépés feltételei a bolygatatlan és a művelt talajban eltérnek, s e folyamatra jelentős hatással van a növények jelenléte és anyagcseréje. Kísérleteink eredményeként létrehozott adatbázis alapján megfelelő matematikai modellek alkalmazásával reálisan becsülhető a vizsgált mezőgazdasági talaj CO<sub>2</sub> és N<sub>2</sub>O emissziója különböző tápanyagellátási és művelési módok esetén.

*Kutatásainkat az OTKA K 72926, K 73326, K 73768 sz. pályázatok támogatták.*

## A magas hőmérséklet és a szárazság hatása a martonvásári búzafajták minőségére

BALLA KRISZTINA - RAKSZEGI MARIANN - BENCZE SZILVIA - VEISZ OTTÓ

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Kalászos Gabona Rezisztencia Nemesítési Osztály,

2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: balla.krisztina@agrar.mta.hu

A magas hőmérséklet és a szárazság azon elsődleges stressztényezők közé tartoznak, amelyek jelentős hatással vannak a búzaszemek beltartalmi összetételére, így az összes glutenin-, gliadin és albumin-globulin tartalomra. A glutenin és a gliadin sikérfehérjék sorban a tészta rugalmasság és nyújthatóság kialakításáért felelősek. Az albumin-globulinok a tészta minőségnek nem alapvető fontosságú meghatározói, bár néhány kutatás szerint csekélyebb jelentőségük mégis lehet a jó minőség kialakításában. Fontosak továbbá táplálkozási szempontból is a nagy mennyiségű esszenciális aminosav tartalmuknak köszönhetően. Az érés folyamán a keményítő endospermiumba való beépülésekor is számottevő változás megy végbe a keményítőszemcsék méretében és alakjában. Míg a sikérfehérjék a sütőipari minőség kialakításában, addig a keményítőszemcsék más egyéb ipari élelmiszerek és nem élelmiszéripari termékek előállításában játszhatnak lényeges szerepet.

Kutatásaink célja, hogy fitotroni körülmények között meghatározzuk a különböző búzafajták termésének minőségbeli változását extrém magas hőmérsékleten és szárazság idején. A kiválasztott fajták a hő- és szárazság stresszt (35°C) kalászosítás után 12 nappal kapták 15 napon keresztül (Zadoks-75). A talajnedvességet a természetes vízkapacitáshoz (NWC) viszonyítva állítottuk be. A kontroll növényeknél ez az érték 60-70%, a szárazság stressz kezelésnél pedig 40-45% volt. Az öntözés súlyra történt. Extrém magas hőmérsékletnek és szárazságnak kitett növényeken vizsgáltuk a búzaszemek fehérjetartalmának és fehérje-összetevők % arányának változását, a keményítő szemcseméretének módosulását, a termés mennyiségének és ezerszemtömegének alakulását.

A hőstressz és - szárazság, valamint a két stressz együttes alkalmazásának hatására jelentős különbségeket kaptunk a vizsgált paraméterekben. Az alkalmazott 35°C-os kezelés a fajták átlagában 22,4%-kal, és a vízmegvonás 53,5%-kal, már önmagában is terméscsökkenő tényezőnek bizonyult. A növények ezerszemtömegét is szignifikáns (fajták átlagában 20,7% és 46,9%) visszaesések jellemezték. Mindemellett a legdrasztikusabbnak a kombinált (szárazság + hő) stresszkezelés mutatkozott, fajták átlagában a termés 73,2%-os, az ezerszemtömeg 66,22%-os csökkenésével. A kezelések hatására bekövetkezett fehérje tartalom emelkedésére a jelentős mértékben zsugorodott szemek is adhattak magyarázatot. A fehérje-összetevők % arányát vizsgálva, megállapítható volt, hogy a kezelt növények szemtermésében tapasztalható fehérjetartalom emelkedés nem minden esetben utalt jobb minőségre, mivel az oldhatatlan polimer frakció (UPP%) és/vagy a glutenin/gliadin arányának (Glu/Gli) a csökkenése legtöbbször minőség romlására utalnak a fehérjetartalom növekedése ellenére is. A stressz hatására a keményítő szemcseméretében (7 µm alatti granulomok) szintén számottevő módosulás ment végbe. Míg a hőstressz jelentősen nem, addig a szárazság és a kombinált stressz nagymértékben csökkentették a szemcseméretet.

Az általunk kapott eredmények is bizonyítják, hogy szoros kapcsolat van az egyre szélsőségesebbé váló időjárási körülmények és a gabonafélék termésmennyisége, illetve minősége között. A jelen kísérletben vizsgált minőségi jellemzők környezeti reakcióinak ismerete ugyanakkor segítséget nyújthat a megváltozott környezeti feltételekhez adaptált új fajták előállításában.

*Kutatásainkat az OTKA K 63369, az OTKA 68099 és az AGRISAFE 203288 sz. EU-FP7-REGPOT 2007-1 pályázatok támogatták.*

# A vízvisszatartó képesség és a szárazságstresszre adott antioxidáns enzimválasz vizsgálata kalászos gabona fajokon

BENCZE SZILVIA - BAMBERGER ZSUZSANNA - BALLA KRISZTINA - JANDA TIBOR - VEISZ OTTÓ

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Kalászos Gabona Nemesítési Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: bencze.szilvia@agr.ar.mta.hu

Őszi búza (Mv Mambó, Mv Regiment), tavaszi búza (Lona), őszi durumbúza (Mv Makaróni) és őszi árpa (Petra) fajták szárazságstressz tűrését vizsgáltuk Conviron PGM-36 klímakamrában. A 3 l-es cserepekbe, négyesével ültetett növényeken 7 napos vízmegvonást alkalmaztunk a kalászosodást követő 10. naptól kezdődően, melynek során a talaj nedvességtartalma a kontroll szintről (20-30 térfogat %) 6 % körüli értékre csökkent le, amely erős szárazságstressznek tekinthető. A növények reakciói alapján ugyanakkor a talajnedvesség tartalom 15, illetve 10% körüli szintje enyhe, illetve közepes stressznek felelt meg. A szárazságstressz kezelés során az eltérő talajnedvességi szinteknél gyűjtött levélmintákból meghatároztuk az abszolút víztartalmat, a glutation-reduktáz (GR), glutation-S-transzferáz (GST), guajakol-peroxidáz (POD), kataláz (CAT) és az aszkorbát-peroxidáz (APX) aktivitást, hogy vizsgáljuk a szárazságtűrő képesség és az antioxidáns enzimrendszer működésének változásai közötti kapcsolatot, és meghatározzuk ennek minőségét, szerepét.

Az egyes fajták szárazságtűrése markáns, vizuálisan is értékelhető különbségeket mutatott. A leggyorsabban vizet veszítő fajták (sorrendben: Petra, Lona, majd Mv Makaróni) már 3-4 nap elteltével jelentősebb turgorvesztésen mentek keresztül. Az őszi búzafajták tűrték legjobban a vízmegvonást, az Mv Regiment a talajnedvesség tartalom csökkenésével lineáris, de igen csekély mértékű vízvesztést mutatott, levelei csak az 5-6. napon kezdtek furulyázni. Kiváló szárazságtűrőnek bizonyult az Mv Mambó, amely csak erős stressznél veszített kisebb mennyiségű vizet, hervadási tüneteket csak a 6. naptól kezdve lehetett megfigyelni rajta.

Általánosságban elmondható, hogy szárazság hatására a leggyorsabb és legáltalánosabb aktivitásnövekedés a GR, CAT és APX enzimeknél volt megfigyelhető, míg a POD esetében minimális összefüggést tapasztaltunk a szárazságstressz erőssége és az enzimválasz között. A GST aktivitása erősen fajtafüggő módon nyilvánult meg. A kiváló szárazságtűrű Mv Mambó antioxidáns enzimaktivitása szárazságstressz nélkül is magas volt valamennyi genotípushoz képest. Normál vízellátottságnál a GR és GST aktivitás kiugróan a legnagyobb volt, és az APX és CAT aktivitás is a legmagasabbak között volt. Vízmegvonás hatására az antioxidáns enzimek aktivitása nem változott szignifikánsan vagy csökkenést mutatott (GST). Normál vízellátottság mellett az Mv Mambóénál valamivel alacsonyabb enzimaktivitás értékeket mértünk az Mv Regimentnél, kivéve a POD-ot, amely egyike volt a legmagasabbaknak. A többi enzim aktivitása már enyhe stressznél is jelentős emelkedést mutatott, erős stressznél azonban csökkenéssel reagált. Valamennyi vízellátottságnál a szárazságra érzékeny Lonánál volt a legmagasabb a POD aktivitás. Bár a többi enzim kontroll szintje a Lonánál hasonló, vagy kissé alacsonyabb volt, mint az Mv Regimentnél, a Lona szárazságstresszre jóval mérsékeltebb emelkedéssel reagált, mint az Mv Regiment. Igen alacsony antioxidáns enzimaktivitása volt kontroll vízellátottságnál az Mv Makaróninak és a Petrának, a vizsgált fajták közül a GR és a GST aktivitás mindkét fajtánál, a CAT az Mv Makaróninál, az APX és a POD a Petránál volt a legkisebb. A Lonánál jobb szárazságtűrő Mv Makaróni enzimaktivitása általában csak 10% alatti talajnedvesség tartalomnál emelkedett meg (GR, POD, APX), amikor a levél víztartalma is csökkenni kezdett. A CAT aktivitás ezzel szemben már 12% talajnedvesség tartalomnál emelkedni kezdett, míg a GST nem változott meg szignifikánsan. Az APX aktivitás növekedése azonban ennél a fajtánál emelkedett a legmagasabb értékre. A leggyengébb vízvisszatartó képességű Petránál szárazságstressz hatására a CAT aktivitás igen meredeken nőtt, túlszárnyalva a többi fajtát, míg a GR és az APX növekedése a többi fajtánál mért értékekig emelkedett. A GST és a POD aktivitása erős stressznél is messze alatta maradt a búza fajtáknak, ami ugyanakkor az Mv Makaróninál is megfigyelhető volt.

Több gabonafaj bevonásával végzett kísérletünk eredménye igazolta, hogy a normál vízellátottságnál is magas antioxidáns enzimaktivitású őszi búzafajta valóban jó szárazságtűréssel rendelkezett, míg a leggyorsabban vizet veszítő őszi árpa antioxidáns aktivitása volt a legalacsonyabb. A két véglet között azonban a kontroll antioxidáns enzimaktivitás szintek a szárazságtűrő képességgel nem voltak közvetlenül összefüggésbe hozhatók. Úgy szintén nem volt értelmezhető kapcsolat a stressztűrés és a szárazságstresszre adott enzimválaszok nagysága, illetve a szárazság által indukált, megnövekedett aktivitás értékek között.

*Kutatásainkat az OTKA K 63369 sz. pályázat támogatta.*

# Az Úrkúti Mn-iszap eredetvizsgálata és mezőgazdasági, környezetvédelmi alkalmazásai

BIRÓ BORBÁLA - POLGÁRI MÁRTA

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Talajtani és Agrokémiai Intézet, Talajbiológiai és -biokémiai Osztály, 1022 Budapest, Herman Ottó út. 15.

e-mail: biro.borbala@agrar.mta.hu

MTA Csillagászati és Földtudományi Kutatóközpont

Földtani és Geokémiai Intézet, 1112 Budapest, Budaörsi út 45.

e-mail: polgari.marta@csfk.mta.hu

A mangán (Mn) az élőlények számára esszenciális elem. A földkéreg átlagos mangántartalma  $800 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ , míg a talajé 20-40 között változik. Egyes Mn-ban gazdag talajszintekben akár  $3000 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ -ra is feldúsulhat. A Mn a talajban különböző vegyületek formájában fordul elő. Ezeknek egy része oldható (Mn-szulfát, -klorid), másik része oldhatatlan (Mn-oxidok, -karbonát), melyek befolyásolhatják a nehézfémek (Cd, Ni, Zn, Pb) talajbeli felhalmozódását is. A mangán II, III és IV vegyértékű formában, szilikátokban, karbonátokban és oxidokban fordul elő. A legjelentősebb üledékes környezetű Mn-érccek képződése a paleoproterozoikum, a jura és az oligocén időszakokra tehető. A Bakonyban Úrkúton található fekete-pala környezetű karbonátos Mn-telep több mint 150 m tonna geológiai készlettel bír. A bányászati melléktermékként keletkező Fe-Mn agyag mintegy 2,8 m tonna, és felszíni tározókban helyezték el. A mangánérc képződésének feltételezett idejét, a képződésnek a mikrobiális aktivitást is figyelembe vevő újraértékelt időtartamát és lehetséges okait Polgári és munkatársai (2012a,b) mutatták be (*Ore Geology Reviews*, 2012, 47: 87-109; *Geology*, 40, 10: 903-906). A kutatások a "*Biomínerezési szerepe földtani képződmények és bányászati melléktermékek viszonylatában*" című OTKA-NKTH (TK 68992) témához kapcsolódnak (témavezető: Polgári M., senior résztvevő: Bíró B.). Ennek az OTKA-nak képezik részét a Mn-iszap mezőgazdasági, környezetvédelmi hasznosítására irányuló kutatások is.

A talajfejlődés során a Mn jobban vándorol és mosódik ki, mint a Fe. A savanyú talajok (pl. podzolok) ezért rendkívül szegények lehetnek Mn-ban. A Mn a mezőgazdasági termelés hatására is hiányba kerülhet, különösen érintettek a homok-talajok (lamellíc arenosols) A szintjei. A mezőgazdaság számára az iszap ezért, mint talajjavító- és mikroelem-pótló adalék jöhet számításba, amit indokol a nagy agyag- és kolloid-tartalma miatt előálló duzzadó- és vízmegtartó képessége és a bioesszenciális nyomelemek kedvező aránya is. Az iszap 20-20 %-ban tartalmaz Mn-t és Fe-t, 50 %-ban agyagot, 10 %-ban pedig egyéb ásványokat. Az iszap fizikai-kémiai tulajdonságai a pH(H<sub>2</sub>O)-tartalma (7,0-7,7) miatt is alkalmas talajjavító anyagként való hasznosításra, főleg a savanyúbb talajokon. A vízrendszerek szintén sok Mn-t tartalmazó iszapjainak a nehézfémek stabilizálására kifejtett kedvező hatásait a TAKI-ból egy korábbi tanulmány elemezte (Simon et al. 2010, *Fresenius Env. Bull.* 19:1774-1783), a növények Mn-igényét Márton (2012, *Environ. Geochem. Health* 34:123-134) mutatta be.

Karbonátos homok-talajokon leginkább az iszap energetikai felhasználásában érdemes gondolkodni. Az energiafű (Elymus elongatus Szarvas-1) a 8-15 arany koronás, 5-9 pH-jú földterületeken is termesztendő, 10-15 évig egy adott helyen, növelve a talaj humusztartalmát és javítva annak szerkezetét. Évente kétszer, 15-23 t/ha szárazanyagot ad. A fejtrágyaként javasolt 80 kg nitrogén, majd a további 30-30 kg N, P és 50 kg K (/ha) adagok csökkentésére jöhet számításba egyéb kiegészítő adalékanyag. Órbottyáni liziméteres kísérletben az úrkúti Mn-iszap növekvő dózisait alkalmaztuk (a fitotoxikus mennyiségek eléréséig), az energiafű 40kg/ha (6 millió csíra) mennyiségével. A toxikus hatások kivédésére *Glomus* sp mikorrhiza (AM) gombákat tartalmazó oltóanyagot (INOX. TOP) is adtunk a korábbi OTKA 46610 "The dynamism and manipulation of soil- and rhizobiological parameters at environmental stress conditions" és az OTKA-43479 "Study of rhizosphere processes during phytoremediation" című projekt tapasztalatait hasznosítva. A különböző környezeti (stressz)körülményekhez megfelelően adaptált mikroorganizmusok előnyét, illetve a mikorrhiza gombákat segítő "helper" baktériumok segítő hatását csatlakozó Spanyol-Magyar (CSIC-HAS) kutatási háttérrel, illetve jelenleg Olasz-Magyar bilaterális ATK Növényvédelmi és Talajtani Intézeti együttműködésben is kutatjuk (TET-10-1-2011-0173).

Tenyészedény-kísérletben igazoltuk, hogy a Mn-iszap alkalmas a talajok szerves szennyezettségének a csökkentésére a gyenge termőképességű, vagy egyéb környezetterhelt talajokon a rhizoszféra tulajdonságok javításával. A jégmentesítők adalékanyagaként alkalmazott propilén-glikol (PG) eredményesebb lebontását lehetett elérni Mn-iszap hatására az északi repülőterekre javasolt négy fű-fajta közül az erősebb AM-kapcsolattal rendelkező vöröscsenkesznél (Domonkos et al. 2010, *Research. J. Agricult. Sciences*, 44: 44-50). A kiegészítő tápanyagok szükségességét a PG lebontásánál mikrokozmosz kísérletben is igazoltuk (Libisch et al. 2012, *Environmental Technology*, 33: 717-724). Ezek a munkák így elvezetnek a mangán az anaerob lebontási útvonalakban játszott szerepének a tanulmányozásához is, amit jelenleg az EU-FP7 által támogatott Soil-CAM ("Soil Contamination, Advanced integrated characterization and time-lapse Monitoring") projekt (ENV.2007.3.1.2.2. 212663) tesz lehetővé.



## Response of glutathion conjugation system to soil borne *Rhizoctonia* infection of okra

A. BITTSANSZKY<sup>1</sup> - V. RAVISHANKAR RAF<sup>2</sup> - G. OROS<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Plant Protection Institute, Hungarian Academy of Sciences, 1525 Budapest 114, Pf. 102, Hungary

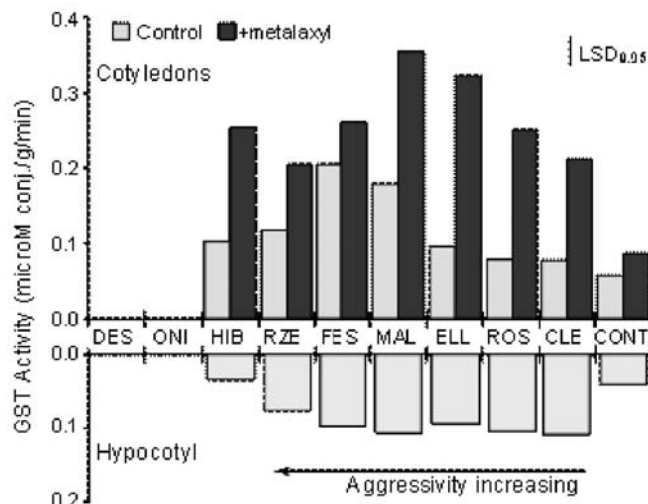
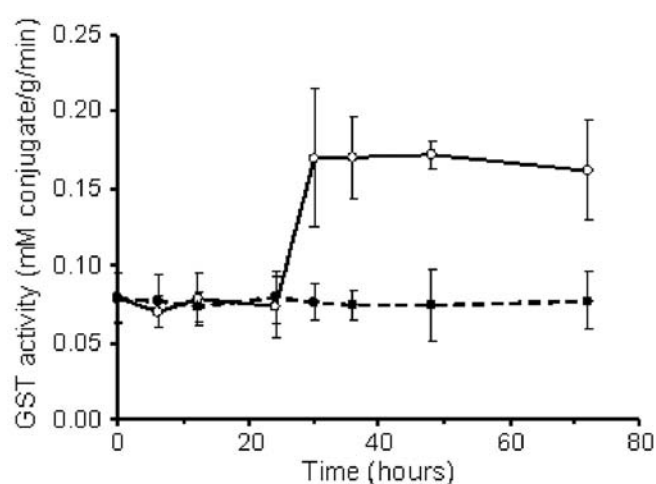
<sup>2</sup>Department of Studies in Microbiology, University of Mysore, Manasagangotri,

Mysore- 570 006, India

e-mail: bittsanszky.andras@agrar.mta.hu

Okra seedlings tolerated soil-borne *Rhizoctonia* infection in strain dependent manner. There was no connection revealed between pathogenicity of strains and their taxonomic position or origin, however, the okra proved to be susceptible to strains highly pathogenic to other host plants as well. *R. zeae*, a new species for European flora, was as aggressive to okra as the most potent *R. solani* strains. The effect of *Rhizoctonia* infection on mass accumulation of hypocotyls was more prominent than that of cotyledons. The protein content and glutathione S-transferase (GST) activity increased in parallel with evolution of disease syndrome.

Metalaxyl, an acetanilide type systemic antioomycete fungicide induced GST activity in cotyledons with 24 hours a phase, and this induction was more outstanding in symptomless seedlings grown up in *Rhizoctonia* infested soil. It might be concluded, that the stress response of plants in tolerant host/parasite pair takes effect at higher level than in susceptible relationships.



### Inducibility of GST activity in cotyledons.

One of the fully opened cotyledons of okra seedling was treated with 5 nM metalaxyl per leaf (-o-), while the untreated serve as control (-•-).

The effect of soil-borne *Rhizoctonia* infection on the inducibility of GST activity in tissues of okra seedlings.

The seeds germinated in soil infested pre-sowing with *Rhizoctonia* strains of various origin (*R. solani* strains ELL, CLE, DES of potato, FES of grass-land, HIB of *Hibiscus rosa-sinensis* L., MAL of *Malus domestica* Bork., ONI of *Allium cepa* L. and RZE = *R. zeae* of grass-land).

*The joint research work was supported by Hungarian Scientific Research Fund (Grant K-67688), Indo-Hungarian S&T programme and Indo-Hungarian Education Exchange program.*

## A búza 5A kromoszómájának hatása különböző antioxidánsok mennyiségére a vernalizáció során

BOLDIZSÁR ÁKOS<sup>1</sup> - GULYÁS ZSOLT<sup>1</sup> - CARRERA DÁNIEL<sup>1</sup> - SZALAI GABRIELLA<sup>1</sup> - VASHEGYI ILDIKÓ<sup>1,2</sup> - GALIBA GÁBOR<sup>1,2</sup> - KOCSY GÁBOR<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Magyar Tudományos Akadémia, Agrártudományi Kutatóközpont, Mezőgazdasági Intézet,  
2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

<sup>2</sup>Pannon Egyetem, Műszaki Informatikai Kar, Molekuláris- és Nanotechnológiák Doktori Iskola,  
8200 Veszprém, Egyetem u. 10.  
e-mail: boldizsar.akos@agrar.mta.hu

Minden őszi gabonának szüksége van egy hosszú hideg időszakra, mely során a hőmérséklet nem csökken nulla fok alá, ahhoz hogy felkészülhessen a téli fagyokra (ez a hidegedződés vagy akklimáció folyamata) és létrejöhessen a vernalizáció. A vernalizáció alatt történik meg a hajtáscsúcs átalakulása vegetatív állapotból generatívba. A hajtáscsúcs vizsgálata lehetőséget ad arra, hogy meghatározzuk az átmenet pontos idejét. Az 5A kromoszóma vernalizációra gyakorolt hatását hasonlítottuk össze kutatásaink során két eltérő vernalizációs igényű és fagyűrűsű 5A szubsztitúciós vonal felhasználásával. Összesen négy különböző időpontban vettünk mintákat és ezek a mintavételek négy fejlődési állapotot reprezentáltak. Az első fejlődési állapotot vegetatív fázisnak (VP, *vegetative phase*) a másodikat kettős befűződés állapotának (DR, *double ridge*) a harmadikat pedig kalászka kezdeménynek (SI, *spikelet initiation*) neveztük. A három fázis közül a DR különösen azért érdekes, mert ekkor történik meg a hajtáscsúcs átalakulása vegetatív állapotból generatívba.

A glutation és hidroximetil glutation mennyisége a hidegkezelés során csökkenést mutatott. A cisztein a kezdeti csökkenés után megemelkedett az SI fázisban. A két vonalban mért antioxidáns mennyiségek különbsége arra enged következtetni, hogy az 5A kromoszómának érzékelhető hatása van az antioxidánsok mennyiségére, és ez a különbség főként a vegetatív/generatív átmenet során kerül felszínre. Megvizsgáltuk az antioxidánsok termelődéséért és az oxidatív stressz során bekövetkező enzimatisz módosításukért felelős gének expressziós mintázatát is. Számos antioxidáns kódoló gén indukálódott a hideg kezelés hatására. A bokrosodási csomókban általában intenzívebb volt az indukció. Kísérleteink során a kezelés hatását jó néhány ismert hideg indukálható gén vizsgálatával is ellenőriztük.

Összefoglalva elmondható, hogy az 5A kromoszómának jelentős hatása van a vernalizációra többek között az antioxidáns rendszer szabályozásán keresztül is.

*Kutatásainkat a TÁMOP-4.2.2/B-10/1-2010-0025, az OTKA CNK 80781, az OTKA K 83642 sz. pályázatok támogatták.*

# Protein lebontó rendszerek és egyes jelátviteli folyamatok szerepe a növények baktériumok ellen kialakuló általános rezisztencia folyamatainak kialakulása során

BOZSÓ ZOLTÁN - BESENYI ESZTER - ZSÍROS LÁSZLÓ - POGÁNY MIKLÓS - OTT PÉTER - SZATMÁRI ÁGNES  
MTA Agrártudományi Kutatóközpont  
Növényvédelmi Intézet, Kóréletani Osztály, 1022 Budapest Herman Ottó út 15.  
e-mail: bozso.zoltan@agrar.mta.hu

A növények kórokozók elleni védekezési rendszerének egyik első eleme az ún. általános rezisztencia (BR). Ezt a típusú védekezési reakciót a mikroorganizmusok általánosan előforduló molekulái indukálják a növénysejtekben. A BR kialakulásáról és a védekezés mechanizmusáról még kevés ismeret áll rendelkezésre. Kísérleteinkben a jelátviteli folyamatok és a protein anyagcsere szerepét vizsgáltuk a BR kialakulása során, ugyanis saját és irodalmi adatok azt mutatták, hogy e gén-csoportok tagjai nagy számban változtatják meg aktivitásukat. A növényi fehérjelebontó rendszerek a védekezési reakciók (beleértve az általunk vizsgált baktériumok ellen indukálódó általános védekezést) különböző pontjain vehetnek részt a rezisztencia kialakításában. Részt vehetnek a felismerési reakciók létrehozásától kezdve (pl. az elicitor felszabadítása) a válaszreakció szabályozási folyamatainak kialakulásáig (pl. transzkripciós faktorok és egyéb jelátviteli folyamatban résztvevő fehérjék lebontása).

Kísérleteinkben többek között a protein anyagcserében és a jelátvitelben résztvevő gének kifejeződését és a proteináz enzimek aktivitás változását követtük a BR kialakulása alatt. Továbbá egyes proteináz típusokra specifikus inhibitorok és jelátvitelt gátló anyagok segítségével tanulmányoztuk a protein lebontás és szignál folyamatok gátlásának következményét a BR, illetve annak marker folyamataira (pl. védekezési gének átíródása, kallóz beépülés stb.). E kísérletek eredményei a cisztein és a szerin típusú proteinázok részvételét mutatták. Inhibitorokkal kombinált, microarray módszerrel elvégzett transzkriptoma vizsgálatokkal kapcsolatokat sikerült kimutatni egyes jelátviteli utak és a proteaszómás lebontás között a BR létrejötte alatt. A vizsgált útvonalak közül a foszfolipáz C szabályozta útvonal mutatta a legszorosabb kapcsolatot a proteaszómás lebontással. Proteináz génekben mutáns és túltermelő *Arabidopsis thaliana* növények, és protein lebontás és szintézis génekben csendesített *Nicotiana benthamiana* növények segítségével BR kialakulásában részt vevő szubtiláz, karboxipeptidáz, cisztein proteináz és proteaszóma géneket azonosítottunk.

*Kutatásainkat az OTKA K 68386 sz. pályázat támogatta.*

## 2-aminoethanol hatása kukorica dh vonalak stressztűrésére

DARKÓ ÉVA -FÖLDESINÉ FÜREDI PETRA KATALIN - FÁBIÁN ATTILA - BARNABÁS BEÁTA  
MTA Agrártudományi Kutatóközpont  
Mezőgazdasági Intézet, Növényi Sejtbiológia Osztály, 2462 Martonvásár, Brunsvik u. 2.  
e-mail: darko.eva@agrar.mta.hu

Biogén aminok, mint pl. a 2-aminoethanol (2-AE), morfológiai és stresszfiziológiai szempontból is fontos szerepet játszanak a növények életműködésében. Hatásuk kimutatható az embriók és a csíranövények fejlődése során, valamint szerepet tulajdonítanak nekik a sejtek belső membránintegritásának kialakításában és megőrzésében. Irodalmi adatok szerint a biogén aminok szintjének megemelkedése beindíthatja azokat a sejt szintű védekező mechanizmusokat is, melyek felelősek lehetnek a stressztolerancia kialakításában. Feltételezzük, hogy a 2-AE, mintegy szignál molekula, a PLD (foszfolipáz D) közvetített szignál transzdukciós úthoz kapcsolódva aktiválja azokat a védekező mechanizmusokat, melyek segítenek a különböző stresszekkel szembeni ellenállás kialakításában. Ezzel összhangban exogén 2-AE előkezelés stressztolerancia fokozódást válthat ki a növényekben.

Az ATK MGI Növényi Sejtbiológia Osztályán, a biogén alkoholok és aminok (n-buthanol, 2-AE) hatását tanulmányozva a mikroszporák sporofitikus fejlődésére, számos olyan kukorica DH növényt állítottak elő, melyek mikroszpora állapotban n-buthanol, vagy 2-AE kezelésben részesültek. Megvizsgáltuk a 2-AE hatását az előállított kukorica DH növények stressztűrésére, tipikusan oxidatív stresszt indukáló paraquat kezelés során, valamint hideg hatására. Tanulmányoztuk, hogy a 2-AE előkezelés előidéz-e stressztolerancia fokozódást ezekben a növényekben, illetve védelmet biztosít-e a membránintegritás felborulása ellen. Megvizsgáltuk, hogy van-e különbség az egyes DH vonalak stresszfiziológiai válaszreakcióiban, attól függően, hogy a mikroszporák sporofitikus fejlődése során részesültek-e 2-AE kezelésben, vagy sem, illetve, hogy a kezelés hatása megnyilvánul-e az utódnövények stresszérzékenységében.

A vizsgálatokhoz különböző koncentrációkban és ideig alkalmazott n-buthanol, vagy 2-AE kezelt kukorica mikroszporákból származó DH növények utódait használtuk. Kontrollként a nem kezelt mikroszporákból származó DH növényeket és a mikroszporákat adó hibrid kukorica növényt használtuk. A hidegkezelést a növények korai fejlődési fázisában (4-5 hetes korban) végeztük. A reaktív oxigén formákat generáló paraquat kezelést 8-9 hetes korú növények intakt leveleinek úsztatásával idéztük elő. A levelek 2-AE előkezelését 24 órával a hideg, illetve paraquat kezelést megelőzően végeztük. A stresszfiziológiai változásokat klorofill a fluoreszcencia indukció (Fv/Fm) mérésével, a pigment- (klorofill (a+b), karotenoid) tartalom változásának, a lipidperoxidáció mértékének meghatározásával vizsgáltuk. Mindezek mellett a membránintegritás változását mikroszkópos technikával is nyomon követtük.

Vizsgálataink eredménye azt mutatta, hogy a 2-AE előkezelés önmagában nem okozott szignifikáns változást sem a hidegkezelés, sem a paraquat kezelés során egyik vizsgált paraméter esetében sem. A paraquat kezelés hatására az Fv/Fm paraméter gyorsan és nagymértékben csökkent, jelezve a PS II működésének felborulását, károsodását. Hatása 24 óra múlva már megnyilvánult a klorofill (a+b) és karotinoid tartalom csökkenésében és a lipidperoxidáció mértékének emelkedésében is. A legtöbb vizsgált DH vonal esetében a 2-AE előkezelés stresszvédő hatása megmutatkozott a kisebb mértékű Fv/Fm és pigmenttartalom csökkenésben. A lipidperoxidáció mértéke is kisebb volt a 2-AE kezelt növényekben. Az egyes DH vonalak összehasonlítása során megállapítottuk, hogy jelentős különbségek voltak megfigyelhetők az egyes DH vonalak paraquat toleranciájának mértékében. A vizsgált paraméterek alapján, különösen érzékenynek bizonyultak a hibrid és a mikroszpora állapotban kezelésben nem részesült DH vonalak, míg két vonal (2-AE előkezelt mikroszporákból származó DH növények) paraquat toleranciája jelentős mértékben meghaladta a többi DH vonalét.

Hideg hatására a levelek fotoszintetikus aktivitása (az Fv/Fm paraméter alapján) mintegy 20-25 %-kal csökkent a kezelést követő 24 óra múlva. Néhány érzékeny genotípustól eltekintve nem tapasztaltunk szignifikáns különbséget az Fv/Fm paraméter változásában, a csak hideg, illetve 2-AE-lal előkezelt DH növények hidegindukált válaszreakcióiban. A hidegkezelés későbbi szakaszában azonban a 2-AE védő hatása egyértelműen megmutatkozott. A hidegkezelés 5. napján az Fv/Fm csökkenés kisebb mértékű volt a 2-AE előkezelt, mint az előkezelést nem kapott növényekben. A 2-AE előkezelés stresszvédő hatása megmutatkozott az 5 napos hidegkezelt levelek csökkent mértékű lipidperoxidációjában is. A paraquat kezeléshez hasonlóan jelentős különbségek voltak megfigyelhetők az egyes DH vonalak hidegtűrésének mértékében is.

Mindezek az eredmények azt mutatják, hogy a 2-AE előkezelés védelmet biztosít a paraquat, illetve hidegstressz okozta károsodásokkal szemben a kukorica DH vonalakban, valamint a mikroszpora előkezelés okozhatott olyan maradandó változásokat egyes DH vonalakban, melyek stressztolerancia fokozódást eredményezhettek. Mindezen folyamatok hátterében álló mechanizmusok felderítésére további vizsgálatok szükségesek.

*Kutatásainkat az OTKA 80260 sz. pályázat támogatta.*

# Mitogén-aktivált protein kináz szubsztrátok azonosítása *Arabidopsis* protoplaszt tranziens expressziós rendszerben

DÓRY MAGDOLNA - DÓCZI RÓBERT

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Növényi Sejtbiológia Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: doczir@agrar.mta.hu

Helyhez kötött életmódjuk miatt a növényeknek folyamatosan alkalmazkodniuk kell a változó környezeti körülményekhez. Ezért a növényekben fejlett védekező mechanizmusok alakultak ki a kedvezőtlen környezeti feltételek és a különböző kórokozók által okozott károk ellen. A sejteket érő külső hatásokat specializált receptor és szenzor molekulák érzékelik. Az érzékelt környezeti stresszhatások jelátviteli útvonalakat aktiválnak, amelyek az információt a sejten belül továbbítják, aktiválva a megfelelő védekező mechanizmusokat. Ez elsősorban a védekezéshez fontos (pl. antimikrobiális összetevők bioszintézisét biztosító) gének indukcióját, illetve a túlélés szempontjából átmenetileg mellőzhető gének működésének represszióját jelenti. A mitogén-aktivált protein (MAP) kináz jelátviteli utak valamennyi eukariótában konzervált központi szabályozó mechanizmusok, szerepük számos alapvető élettani folyamat szabályozásában jól ismert élesztő és állati rendszerekből. MAP kináz gének a növényvilágban is megtalálhatóak. Bár a legtöbb növényi MAP kináz funkciója alig, vagy egyáltalán nem ismert, számos eredmény igazolja a MAP kináz jelátvitel központi szerepét a növényi stresszválaszban. A növényi stresszválaszok jellegzetessége a védekező mechanizmusok indukálásával párhuzamosan a növekedési folyamatok gátlása. Ennek megfelelően a MAP kináz jelátviteli utaknak az elsődleges védekezési válaszok aktiválása mellett a növekedés környezeti alkalmazkodásában is fontos szabályozó szerepük van.

Az extracelluláris ingerek által aktivált MAP kinázok fehérjeszubsztrátokat foszforilálnak. A foszforiláció következményeként a szubsztrátok biokémiai tulajdonságai (pl. aktivitás, stabilitás, intracelluláris lokalizáció) alapvetően megváltozhatnak, ezáltal biztosítva az adaptív válaszok kialakulását. Munkánk célja olyan új növényi MAP kináz szubsztrátok azonosítása, amelyek fontos növekedés-szabályozó funkcióval rendelkeznek. E célból egy olyan kísérleti rendszert alakítottunk ki, amelyben a foszforilációs változásokat megváltozott elektroforetikus mobilitásként azonosítjuk. A fehérje izoformákat SDS-PAGE módszerrel szeparáljuk, és immunoblot módszerrel detektáljuk. A feltételezett szubsztrát fehérjéket aktivált MAP kinázzal együtt fúziós epitóp konstrukcióról expresszáltatjuk, tranziensen transzformált protoplaszt szuszpenzióban. Így nem szükséges minden egyes feltételezett szubsztrát fehérje ellen specifikus ellenanyagot termeltetni, illetve elkerülhető a stabil transzformáns növényanyagok előállítás. Ez az új megközelítés alkalmas arra, hogy feltételezett MAP kináz szubsztrátok foszforilációját hatékonyan igazoljuk. Az így igazolt szubsztrátok részletesebb biokémiai és funkcionális vizsgálataival megismerhető foszforilációjuk biológiai funkciója. Ez a kérdés különösen időszerű és fontos, mivel - szemben az állati és élesztő kísérleti rendszerekkel - a növényi MAP kináz szubsztrátokra vonatkozó ismereteink jelenleg minimálisak, annak ellenére, hogy a MAP kináz jelátvitel meghatározó szerepet játszik a növényi stresszadaptációban.

## Hazánkban gyakori halélősködő nyálkaspórák faj, a *Myxobolus pseudodispar* fejlődésének vizsgálata

ESZTERBAUER EDIT

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Állatorvos-tudományi Intézet, Halparazitológia Témacsoport, 1143 Budapest, Hungária krt. 21.

e-mail: eszterbauer.edit@agrar.mta.hu

A nyálkaspórák (Myxozoa) halakban gyakran előforduló mikroszkopikus méretű belső élősködők. Nagyszámú fajuk közül néhány extrém patogén, ezért a parazita csoport gazdasági és ökológiai jelentősége nem elhanyagolható. A nyálkaspórák fejlődésmenetének kevéssertéjű férgekben zajló (intraoligochaeta) szakasza iránt kismértékű a kutatói érdeklődés annak ellenére, hogy a férgekben lejátszódó fejlődés eredményeként a féreg bélcsatornáján keresztül kiürülő aktinospóra stádiumok azok, amik a halakat fertőzni képesek. Tehát ez a fejlődés azon kritikus pontja, ami ha megszakítható lenne valamilyen módon, akkor a halak fertőződése meghiúsulna. Ehhez azonban ismerni kell a myxospóra bejutásának módját és a féregben zajló fejlődés útvonulát és időtartamát. Korábban végzett kísérletes vizsgálatok eredményei azt mutatták, hogy a bélhámban zajlik a parazita fejlődése, de a fertőződés módjáról, az intraoligochaeta fejlődés időbeliségéről nem voltak adatok. Azt sem vizsgálta senki, hogy a bélhámon kívül más szerv vagy szövet érintett-e a parazita fejlődésében.

Ezirányú vizsgálataink célja az volt, hogy egy széles körben elterjedt, a pontyfélék izomzatában, az izomsejteken belül cisztákat képző nyálkaspórák élősködő, a *Myxobolus pseudodispar* faj esetében kimutassuk a parazita bejutási helyét a féreg testébe és *in situ* DNS hibridizáció (ISH) segítségével szövettani metszeteken nyomon kövessük a parazita útját a fertőzést követő néhány órától három hónapon át. Az általunk kidolgozott ISH módszer alkalmazásakor *M. pseudodispar*-specifikus, biotinnal jelölt próbákat használtunk. A vizsgálat eredményeként a parazita sejtek sötétkék elszíneződést mutattak a metszeteken, míg a féreg szövetei halványsárgán festődtek, így a parazita fejlődési alakjai jól elkülöníthetőek voltak. A mitokondriális 16S rDNS vizsgálatával a *Tubifex tubifex* I-es, III-as és V-ös leszármazási vonal, valamint *Limnodrilus hoffmeisteri* volt kimutatható a fertőzésre használt férgek közül.

Vizsgálataink kimutatták, hogy a parazita fejlődésének nagy része a bélhámhoz kötött. A fejlődés első hetében a bélhámsejtek alapját képező sejten kívüli mátrixban, a "bazális laminá"-ban is intenzív pozitív festődés volt tapasztalható, ami azt valószínűsíti, hogy a parazita ezen keresztül terjed a bélhám mentén hosszanti irányban a fejlődés kezdeti szakaszában. További érdekesség volt, hogy különösen a parazita fejlődésének első néhány napjában a kevéssertéjű férgek folyadékkal telt testüregében, a cölómában, erősen festődő sejtcsoportok voltak megfigyelhetők. A féreg testüregé többek között a sejtes immunválaszban résztvevő, fagocitáló sejteket is tartalmaz. Eredményeink azt mutatják, hogy ezek az amöbocitáknak nevezett immunsejtek bekebelezik a bejutott parazita sejtek egy részét, és a cölómán keresztül elszállítják azokat a testnyílásokhoz, vagy a méregtelenítést végző kloragogén sejtekhez, ezzel akadályozva meg a parazita további fejlődését, így a halakat fertőzni képes aktinospóra stádiumok kialakulását.

*Kutatásainkat az OTKA K 75873 sz. pályázat támogatta.*

## A szárazságstressz őszi búza (*Triticum aestivum* L.) szemfejlődésére gyakorolt hatásának vizsgálata

FÁBIÁN ATTILA - JÄGER KATALIN - BARNABÁS BEÁTA

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Növényi Sejtbiológia Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: fabian.attila@agrar.mta.hu

A vízhiány változatos hatásokat idéz elő a gabonanövényekben, befolyásolva a fejlődést, a morfológiát és a fiziológiai folyamatokat, ennél fogva pedig a betakarítható termés mennyiségét (összefoglaló Barnabás et al. 2008). A búza az egyik legfontosabb termesztett gabonanövény, termését a szárazság nagymértékben csökkenti (Jamieson et al. 1995) attól függetlenül, hogy a vízhiány a vegetatív vagy a generatív egyedfejlődési fázisban jelentkezik. A korai szemfejlődés időszakában megjelenő szárazság okozhatja a fejlődő szemtermések aborcióját, illetve az érett szemtermések zsugorodását, mely tényezők együttesen termésvesztéshez vezetnek (Blum 1998). Az alacsonyabb szemtömeg befolyásolja a szemből fejlődő csíranövények fejlődését és biomasszáját (Aparicio et al. 2002), ennek következményeként pedig a következő generáció szénhidrát tartalékainak mennyiségét.

Bár a szemfejlődés során jelentkező vízhiány jelentősen befolyásolja a termés mennyiségét, nem áll rendelkezésre elérhető információ a szárazság által a fejlődő búza szemtermésekben okozott szövettani változásokról.

Munkánk célja volt, hogy a korai szemfejlődés idején ható szárazság által okozott, a sejtek és szövetek szintjén megjelenő, terméscsökkenést okozó strukturális változásokat felfedjük. Ennek érdekében a szárazságra érzékeny Cappelle Desprez és a szárazság toleráns Plainsman V őszi búza fajták kontrollált környezetben, klímakamrában nevelt egyedeket tettük ki teljes vízmegvonásnak a megporzást követő ötödiktől kilencedik napig. Vizsgálataink kiterjedtek a szemtermések morfológiájára, keményítő tartalmára, valamint a termésre. A kezelés hatására a két fajta közül a Cappelle Desprez szemkötése nagyobb mértékben (34,3%) csökkent, mint a toleráns Plainsman V-é (12,6%) ami a fejlődő szemterméseknek a fajtára jellemző fokozott aborciójára utal. A kalászonkénti termés csökkenése szintén az érzékeny fajta esetében volt nagyobb mértékű (77,4%), a toleráns Plainsman V-höz viszonyítva (70,8%). A vízmegvonás következményeként az endospermium sejtekben található A típusú keményítőszemcsék sejtenkénti száma kis mértékben, míg a kisebb, B típusú keményítőszemcsék száma jelentősen csökkent. Ezzel párhuzamosan az embrió és az aleuron réteg fejlődésének, valamint az ovulumot körülvevő sejtrétegek degradációjának jelentős mértékű, mindkét genotípusra jellemző felgyorsulása volt megfigyelhető. A vízmegvonás növelte ugyan a szemfeltöltődés sebességét, ugyanakkor a fejlődés felgyorsításával jelentősen lerövidítette annak hosszát, ennek megfelelően terméscsökkenést és a kontrollhoz viszonyítva szignifikánsan kisebb méretű embriók fejlődését idézve elő. Tekintetbe véve a toleráns fajta vegetatív szöveteinek nagyobb mértékű regenerációs képességét, valamint magasabb szemkötését és termését is, megállapítható, hogy a Plainsman V stresszválasza mind a sejtek, szövetek, mind pedig az egész növény szintjén szignifikánsan jobb volt az érzékeny Cappelle Desprezhez viszonyítva.

*Kutatásainkat az NKTH 4-064/04, a GVOP 522/3.1, az AGRISAFE 203288, valamint az OTKA 68099, 67987 sz. pályázatok támogatták.*

### IRODALOM

- Aparicio N, Villegas D, Araus JL, Blanco R, Royo C (2002) Seedling development and biomass as affected by seed size and morphology in durum wheat. *J Agric Sci* 139:143-150.
- Barnabás B, Jäger K, Fehér A (2008) The effect of drought and heat stress on reproductive processes in cereals. *Plant Cell Environ* 31:11-38.
- Blum A (1998) Improving wheat grain filling under stress by stem reserve mobilisation. *Euphytica* 100:77-83.
- Jamieson PD, Martin RJ, Francis GS (1995) Drought influences on grain yield of barley, wheat, and maize. *NZ J Crop Hort Sci* 23:55-66.

## Biogén alkoholok (n-butanol és 2-aminoetanol) hatása a kukorica mikrspórák *in vitro* androgenezisére

FÖLDESINÉ FÜREDI PETRA KATALIN - AMBRUS HELGA - FÁBIÁN ATTILA - BARNABÁS BEÁTA

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Növényi Sejtbiológiai Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail:barnabas.beata@agr.ar.mta.hu

A mikrspóra eredetű dihaploid (DH) előállítás fontos szerepet tölthet be a klasszikus növénynevelésben. Alkalmazásával a vonal előállítás ideje lényegesen lerövidíthető, és a genetikai variabilitás jobban kiaknázzható. A módszer alkalmazhatóságának gátat szab a haploid indukciós képesség erős genotípus függősége, az eddigi tapasztalatok szerint a Kínából származó egyes genotípusok bizonyultak indukálhatónak portok vagy mikrspóra tenyészetekben. Mindezek alapján a kukorica mikrspórák haploid indukciós és növényregenerációs képesség hatékonyságának növelése mind a mai napig aktuális kérdés. Szakirodalmi adatok alapján egyes biogén alkoholok, pl. a n-butanol és a 2-aminoetanol, mint stresszt indukáló vegyületek szerepet játszanak az androgenetikus fejlődés kiváltásában, és az indukció megnövelésében. A feltételezések szerint a foszfolipáz-D aktiválása révén, illetve a kortikális mikrotubulusok rendszerében okozott átrendeződéssel olyan folyamatokat indítanak el a mikrspórákban, melyek az embriogenetikus fejlődést indukálják.

Mindezek tudatában célul tűztük ki egy rekalcitráns növényfaj, a kukorica hatékony és reprodukálható mikrspóra tenyésztésének kidolgozását, melynek segítségével a mikrspórák eredeti gametofitikus fejlődési programja sporofitikus (embriogén) fejlődési útra terelhető.

Kísérleteinkhez mikrspóra donorként fitotronban felnevelt nagy haploid indukciós képességgel rendelkező F1 hibrid (A-18) antériát használtuk. A kései egy-sejtmagvas állapotú mikrspórákat tartalmazó címereket hideg stressznek vetettük alá (10 nap, 7°C). Az előkezelést követően Na-hipoklorittal történő sterilizálás után az izolált antériákat különböző koncentrációjú és időtartamú (0,2; 0,4; 0,8 tf % 6 óras, 0,2 és 0,8 tf% 18 óras) n-butanol, vagy (2, 4 és 8 mM 6 óras, 2mM 18 óras) 2-aminoethanolt tartalmazó módosított YP folyékony táptalajban kezeltük. Ezt követően az antériákat hatóanyagmentes folyékony indukciós táptalajra helyeztük, és 29°C-on sötétben inkubáltuk. A tenyésztés során az antériák fala felrepedt és a mikrspórák egy része kiszóródott a tápközegbe. A mikrspórák *in vitro* fejlődésének nyomon követése céljából, a 3 és 14 napos tenyészetekből mintákat vettünk félvékony metszetek készítése céljából. A rutin mikrotechnikai protokoll alkalmazásával készített 1-3 µm vastagságú metszeteket toluidin kézzel megfestettük, majd fénymikroszkópos vizsgálatoknak vetettük alá. A 4 hetes tenyészetekből kifejlődött struktúrákat növényregeneráció céljából N<sub>6</sub>O<sub>1</sub> regenerációs táptalajra helyeztük, végül az életképes növénykéket talajba kiültetve fitotronban magfogásig neveltük.

Eredményeink azt mutatták, hogy mind az n-butanol, mind a 2-aminoetanol kezelés hatására a kontrollhoz viszonyítva (0,02%) megnövekedett a mikrspórák indukciója. A legnagyobb indukciót a 6 óras (0,04%) és a 18 óras (0,03%) 0,2 %-os n-butanol kezeléssel sikerült elérni. Ezek a kezelések a mikrspórák osztódási intenzitását is megnövelték a kontrollhoz képest a tenyésztés első 3 napjában. A haploid struktúrák differenciálódásában kezdetben meglévő különbségek a kontroll és a kezelt tenyészetek között a tenyésztés 14. napjáig kiegyenlítődték. A biogén alkoholokkal történő kezelések kisebb mértékben ugyan, de megnövelték a mikrspóra eredetű embriók fejlődését is. A kezelések hatására a zöld növény regeneráció is jelentősen megnövekedett. Különösen a 6 óras 0,2%-os n-butanol, illetve a 18 óras 0,2% n-butanol és 2mM 2-aminoetanol kezelés hatására. A fertilis növények gyakorisága a kontrollhoz (21%) képest a 6 óras 0,2%-os n-butanol kezelés (34,6%) és a 18 óras 0,2%-os n-butanol (27%), valamint a 2 mM 2-aminoetanol kezelés (31%) következtében mutatott számottevő növekedést.

Összefoglalva megállapítható, hogy a kísérletben alkalmazott mindkét biogén alkohol - megfelelő időtartamú és koncentrációjú kezelés esetén - megnövelte a tenyésztett kukorica mikrspórák indukcióját azáltal, hogy segítette a mikrspórák átprogramozását a sporofitikus fejlődési útra. Hatásukra a mikrspórák kezdeti osztódási folyamatai a kontrollhoz képest lényegesen felgyorsultak. A kezelések mindemellett pozitívan befolyásolták a mikrspóra eredetű embriók fejlődését, és szignifikánsan megnövelték a növényregenerációt és a fertilis növények számát. További biokémiai és ultrastrukturális vizsgálatok fognak fényt deríteni a tenyészetekben alkalmazott két vegyület részletes hatásmechanizmusára.

*Kutatásainkat az OTKA 80260 sz. pályázat támogatta.*



## Uborka mozaik vírus nanopartikulomokon alapuló állatorvosi vakcina fejlesztése sertés cirkovírus 2 ellen

GELLÉRT ÁKOS<sup>1</sup> - SALÁNKI KATALIN<sup>2</sup> - TOMBÁ CZ KATA<sup>3</sup> - TUBOLY TAMÁS<sup>3</sup> - BALÁZS ERVIN<sup>1</sup>

<sup>1</sup> MTA ATK MGI, Alkalmazott Genomikai Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

<sup>2</sup> Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont, 2100 Gödöllő, Szent-Györgyi Albert u. 4.

<sup>3</sup> SZIE, Állatorvos-tudományi Kar, Járványtani és Mikrobiológiai Tanszék, 1143 Budapest, Hungária krt. 23-25.

e-mail: gellert.akos@agrar.mta.hu

A világszerte előforduló sertés-cirkovírus (PCV2) fertőzés jelentős - becslések szerint, évente csak az EU-ban több mint 900 millió EUR - gazdasági veszteségeket okoz a sertésiparban. Az először sertésveséből származó sejtek tenyésztésében szennyeződésként felismert vírus a *Circoviridae* család *Circovirus* nemzetségébe tartozik. A PCV2 fertőzés a választott malacok sorvadását (postweaning multisystemic wasting syndrome, PMWS) és más egyéb tüneteket okoz, amely végső soron az állomány pusztulásához vezet. A forgalomban lévő PCV2 ellenes vakcinák két fő típust reprezentálnak. Az egyik a hagyományos típusú vakcina, amit az *in vitro* szaporított vírus inaktiválásával gyártanak. A vakcinák egy másik csoportja, amely szintén az inaktivált típushoz hasonlóan működik (csak humorális immunitást generál), bizonyos vektorok (rovarvírusokból bakteriális expressziós rendszerekbe) alkalmazásával végzett génszűrésen alapul. A jelenlegi vakcinák nem elég hatékonyak és/vagy költséges az előállításuk.

Konzorciumi kutatócsoportunk egy újfajta növényi vírus alapú PCV2 ellenes vakcina csoportot fejlesztett ki. A vakcina felépítésének az a lényege, hogy a növényi vírus (uborka mozaik vírus, CMV) felszínén fejezzük ki az állati vírus immunválaszt kiváltani képes építőpot úgy, hogy eközben a növényi vírus fertőzőképes és szaporodóképes maradjon a gazdanövényen. A kutatás kezdetekor még nem volt ismert a PCV2 köpenyfehérjének a térszerkezete, ezért fehérje térszerkezet jósló módszer használatával és a rendelkezésre álló kísérletes építőp térképezési adatok felhasználásával szűkítettük a beépítésre kiválasztható építőp jelölteket. Az egyik konstrukció különösen hatékonynak bizonyult az állatkísérletek során. A találmányt 2011. augusztus 30-ai elsőbbségi dátummal bejelentettük a SZTNH-nál. Időközben megjelent a PCV2 röntgendiffrakciós szerkezete. A kísérletileg meghatározott PCV2 köpenyfehérje szerkezetből származtatott újabb építőp szakaszokat is tartalmazó PCT szabadalmi bejelentést tettünk 2012. augusztus 30-án.

## A redox változások szerepe a búza vernalizációjában és fagyűrésében

GULYÁS ZSOLT<sup>1</sup> - BOLDIZSÁR ÁKOS<sup>1</sup> - CARRERA DÁNIEL<sup>1</sup> - SZALAI GABRIELLA<sup>1</sup> - GALIBA GÁBOR<sup>1,2</sup> -  
KOCZY GÁBOR<sup>1</sup>

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

<sup>1</sup>Mezőgazdasági Intézet, Növényi Molekuláris Biológia Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: gulyas.zsolt@agrar.mta.hu; kocsy.gabor@agrar.mta.hu

<sup>2</sup>Pannon Egyetem, Műszaki Informatikai Kar, Műszaki Kémiai Kutatóintézet,  
8200 Veszprém, Egyetem u. 10.

Az őszi búza fejlődésében nagyon fontos szerepe van a hőmérséklet őszi fokozatos csökkenésének, amely biztosítja a vernalizációt és a hideg-akklimatizációt. A vernalizáció a vegetatív/reproduktív átmenethez és annak megfelelő időzítéséhez szükséges, hogy az érzékeny virágkezdemények ne sérüljenek a téli fagyok során. Az akklimatizáció során pedig nagymértékben nő a fagyűrőképesség. Mindkét folyamatban jelentős szerepet töltenek be a redox változások, melyeket az antioxidánsok, így az aszkorbinsav-glutation-ciklus szabályoz.

Kísérleteinkben azt vizsgáltuk, hogy milyen hatása van a tápoldathoz adott redukáló- (glutation, aszkorbinsav) és oxidálószereknek (glutation-diszulfid, H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>, paraquat), valamint ozmotikumoknak (polietilén-glikol, NaCl) a búza vernalizációjára, hideg-akklimatizációjára és redox állapotára. Két genotípusnál, a tavaszi fagyérzékeny *Triticum aestivum ssp. spelta*-nál (Tsp) és az őszi fagyűrő *Triticum aestivum ssp. ae. cv. Cheyenne*-nél (Ch) hasonlítottuk össze a génkifejeződési és redox változásokat az egy hetes vegyszeres kezelés, a 3 hetes hidegedzés és az ezeket követő 3 hetes regenerációs időszak során. A redox változásokat a glutation/glutation-diszulfid és a hidroximetil-glutation/hidroximetil-glutation-diszulfid redox párok redoxpotenciáljának meghatározásával követtük nyomon. Néhány redoxérzékeny és a stresszválaszban fontos szerepet betöltő gén expresszióját is megvizsgáltuk a két genotípusban.

A tiolok redox potenciálja a legtöbb kezelés esetében növekedett a Ch-nél, míg Tsp esetében csak a glutation és az aszkorbinsav okozott növekedést. A Ch esetében az alkalmazott kezelések nem befolyásolták a vernalizációt, a Tsp-nál azonban az aszkorbinsav és a NaCl hatására a vegetatív/generatív átmenet felgyorsult, amit a hajtástenyészőcsúcs morfológiai változása jelzett. A Ch fagyűrését a H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> és a glutation kivételével fokozták a vegyszerek, viszont a Tsp-ét nem növelték. A hideg indukálható Ca-kötő fehérjét kódoló gén expressziója mindkét genotípusban és a hidegérzékeny *Tacr7* gén expressziója Tsp-ben lecsökkent a glutation és az aszkorbinsav hatására. Az aszkorbát peroxidáz transzkripció szintje az oxidálószerek hatására lecsökkent Ch esetében.

Eredményeink alapján megállapítható, hogy a vegyszeres kezelésekkal előidézett redox változások eltérően befolyásolják a vernalizációt és a hidegakklimatizációt az általunk vizsgált őszi és tavaszi búza genotípusokban.

*Kutatásainkat az Európai Unió, a Nemzeti Fejlesztési Ügynökség és az Országos Tudományos Kutatási Alap, a TÁMOP-4.2.2/B-10/1-2010-0025, a CNK 80781 és a K 83642 sz. pályázatok támogatták.*

# Bizonyíték nőstény termelte feromon létezésére egy Cetoniinae alcsaládba tartozó kártevő cserebogárnál, a bundásbogárnál (*Epicometis hirta*, Coleoptera, Scarabaeidae)

IMREI ZOLTÁN<sup>1</sup> - VUTS JÓZSEF<sup>1,2</sup> - CHRISTINE M. WOODCOCK<sup>2</sup> - MICHAEL A. BIRKETT<sup>2</sup> - JOHN A. PICKETT<sup>2</sup> - MIKLÓS TÓTH<sup>1</sup>

<sup>1</sup> MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, Alkalmazott Kémiai Ökológiai Osztály, 1022 Budapest, Herman Ottó út. 15.  
e-mail: imrei@hotmail.com

<sup>2</sup> Rothamsted Research, Harpenden, Egyesült Királyság

A bundásbogár, *Epicometis hirta* Poda (Coleoptera: Scarabaeidae: Cetoniinae) imágói gazdasági jelentőséggel bíró kertészeti kártevők Közép- és Dél-Európában, a természetett növények generatív részeinek a károsítása miatt. Bár detektálási és rajzáskövetési céllal rendelkezésre áll a vizuális (világoskék szín) és az olfaktórikus ingerek (szintetikus virágillat-anyagok keveréke) segítségével működő varsás csapda [1], komoly tudományos jelentőséggel bírma a fajon belüli kommunikációnak a felderítése a bundásbogárnál, ami újabb és kifinomultabb védekezési módszerekhez vezethet. A jelen munkában ennek a célkitűzésnek az első lépéseit tesszük közzé.

A nappal aktív bundásbogár viselkedése előzetes megfigyeléseink szerint arra utalt, hogy a hímeket a virágokon, többnyire a pongyola pityangon (*Taraxacum officinale* Weber, Compositae) táplálkozó, illetve hosszasan ott tartózkodó nőstények csalogathatják. Annak érdekében, hogy a bundásbogár nőstények csalogatását számszerűsítsük a rajzás korai fázisában gyűjtött bundásbogár egyedeket a fent említett, rendelkezésünkre álló csapda segítségével néhány százas egyedszámban, élve gyűjtöttük. A fogott egyedeket külső bélyegek alapján, még a csapdaellenőrzés helyszínén ivarok szerint szétválogattuk.

Mindkét ivar tíz-tíz egyedét raktuk kis ketrecekbe egy-egy szelet almával (*Malus domestica* Borkh.), amelyet korábban alkalmasnak találtunk táplálék és vízforrásnak, annak érdekében, hogy minél hosszabb ideig jó állapotban tartsuk a bogarakat. A csak almaszeletet tartalmazó ketrecek kontrollként szolgáltak. A különböző kezeléseket tartalmazó ketrecek csalogatásának használatuk csapdáinkban, amelyek fogóedényébe egy újabb almaszeletet tettünk a fogott bundásbogarak csapdában tartása érdekében.

Mindkét kísérleti területen a rajzó hímeket az almaszeleten üldögélő nőstények szignifikánsan csalogatták. Ezzel szemben sem az almán üldögélő hímeknél, sem pedig a csak almával csalogított csapdáknál nem volt ez a jelenség kimutatható ( $P < 0,0001$  és  $P < 0,0001$ ).

A jelen eredmények alapján nőstény által termelt szexferomon létezése valószínűsíthető a bundásbogár esetében. További bizonyítékot jelent az, hogy a nőstények oldószeres testlemosásából és a nőstények légtéréből illatanyag gyűjtése révén olyan extraktumokat készítettünk, amelyek a hímek csápján EAG módszerrel mérhető és az oldószeres kontrollnál szignifikánsan nagyobb ingerületet keltettek ( $P = 0,013$ ).

## Irodalom

1. Zeitschrift für Naturforschung C (2004) 59: 288-292.

*Kutatásainkat részben az OTKA K 81494 és K 104294 sz. pályázatok támogatták.*

## Az abszcizinsav - túlérzékeny CBP20 lúdfű mutáns bőrszövetének jellemzése

JÄGER K.<sup>1</sup>, FÄBIÄN A.<sup>1</sup>, TOMPA G.<sup>2</sup>, DEÄK C.<sup>2</sup>, HÖHN M.<sup>2</sup>, OLMEDILLA, A.<sup>3</sup>, BARNABÄS B.<sup>1</sup>, PAPP I.<sup>2</sup>

1MTA Agrártudományi Kutatóközpont Mezőgazdasági Intézet, Növényi Sejtbiológia Osztály

2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2,

2Budapesti Corvinus Egyetem, Kertészettudományi Kar, Növényélettan és Növényi Biokémia Tanszék

1118. Budapest, Villányi út 29-43.

e-mail: jager.katalin@agrar.mta.hu

A transzspiráció a növények vízháztartását meghatározó elsődleges tényező, mivel szabályozza a vízfelvétel intenzitását, a víz hosszú távú szállítását és a növényi szöveteken áthaladó víz mozgatójaként fogható fel. A transzspiráció szigorúan szabályozott folyamat, mely a természetett növények vízhasznosítási hatékonyságának fokozására irányuló biotechnológiai törekvések célkeresztjében áll. Az abszcizinsav (ABS) túlérzékenység befolyásolja a növények hosszú távú stressz adaptációját és hozzájárul a hatékony vízhasznosítású fenotípus kialakulásához. Az ABS túlérzékenység és a gyors sztómazáródás mellett a vízhiányos növény további vízvesztésének megakadályozásában jelentős szerepe van a kutikulának és a levélszőröknek is.

Munkánk során az *Arabidopsis thaliana* cv. Columbia (vad típus VT), az ABS túlérzékeny Cap Binding Protein 20 (*cbp20*) mutáns és a genetikailag komplementált *cbp20* mutáns (*cbp20+35CBP20*) bőrszövetének morfológiai jellemzését végeztük el fény-, sztereó- és elektronmikroszkópos technikák és képelemző szoftverek alkalmazásával.

Annak ellenére, hogy a *cbp20* mutáns hajtásszerveinek mérete nem különbözött a vad típusétól, bőrszövetét szignifikánsan nagyobb számú gázcserenyílás, az azokat elhatároló epidermisz sejt, illetve levélszőr alkotta. A mutáns sztómái a kontrollhoz képest szignifikánsan kisebbek voltak és nagy számú, fejlődésben megrekedt zárósejt-anyasejt volt megfigyelhető a kifejlett rozettalevelek bőrszövetében. A mutáns sztómái esetenként végükkel vagy oldalukkal kapcsolódó csoportokat alkottak, ami a sejtosztódás abnormitására utal. A *cbp20* mutáns kutikulája szignifikánsan vastagabb, levélszőrözöttsége nagyobb mértékű volt. A vad típus és a komplementált *cbp20* mutáns epidermiszének morfológiája között nem volt eltérés, ami igazolja, hogy a *cbp20* mutáns bőrszövetének eltérő felépítése a CBP20 fehérjét kódoló gén mutációjának következménye. Vizsgálatainkkal igazoltuk, hogy a bőrszövet morfológiai bélyegei és a mutáns szárazságtűrése között összefüggés van. Valószínűsítjük, hogy szárazság stresszre a *cbp20* mutáns kisebb méretű gázcserenyílásai gyors záródással válaszolnak, a bőrszövetet határoló vastag kutikulája és a sűrű szőrözöttsége pedig tovább csökkenti a párologtatás mértékét. Vizsgálataink során megállapítottuk, hogy vad típus és a komplementált mutáns epidermiszének morfológiai jellemzői között nem volt szignifikáns eltérés.

*Kutatásainkat az OTKA 80274 és az OTKA CK 80211 sz. pályázatok támogatták.*

## A vízhiány és hőstressz hatása a fejlődő búza szemtermések anatómiájára és génkifejeződésére

JÄGER KATALIN<sup>1</sup> - SZÜCS ATTILA.<sup>2</sup> - JURCA ME.<sup>2</sup> - FÄBIÄN ATTILA<sup>1</sup> - BOTTKA S.<sup>3</sup> - ZVARA Ä.<sup>4</sup> - FEHÄR A.<sup>2</sup> - BARNABÄS BEÄTA<sup>1</sup>

<sup>1</sup>MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Mezőgazdasági Intézet, Növényi Sejtbiológia Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

<sup>2</sup>MTA Biológiai Kutatóközpont, Funkcionális Sejtbiológia Csoport, 6726 Szeged, Temesvári krt. 62.

<sup>3</sup>MTA Biológiai Kutatóközpont, Növényi Sejtosztódási és Stressz Adaptációs Csoport, 6726 Szeged, Temesvári krt. 62.

<sup>4</sup>MTA Biológiai Kutatóközpont, Funkcionális Genomika Laboratórium, 6726 Szeged, Temesvári krt. 62.

e-mail: jager.katalin@agrar.mta.hu

Napjainkban a Föld klímája a növénytermesztés szempontjából kedvezőtlenül változik, melynek negatív hatásai Magyarországon is egyre inkább megfigyelhetők. Az extrém száraz hőségnapok száma emelkedő tendenciát mutat természetgazdálkodásunk generatív fejlődésének korai szakaszaiban.

Munkánk során szövettani és molekuláris biológiai módszerekkel vizsgáltuk az őszi búza szemfejlődésének legkorábbi szakaszában, a megtermékenyülést követő 1-5 nap során alkalmazott együttes hőstressz és vízhiány szemfejlődésre gyakorolt hatását annak érdekében, hogy meghatározzuk ennek a kevésbé tanulmányozott fejlődési fázisnak a stressz érzékenységet. A szárazságra érzékeny Cappelle Desprez és a szárazsággal szemben toleráns Plainsman V növényeket kontrollált körülmények között fitotroni klímakamrákban neveltük, majd tettük ki teljes vízmegvonásnak 23/14 °C-on, illetve 35/24 °C-on a virágzást követően 5 napig.

Megállapítottuk, hogy az önmagában alkalmazott vízhiány nem volt szignifikáns hatással a szemtermések fejlődésére és gényexpressziójára egyik genotípusnál sem. Ezzel szemben az együttes hő és szárazságstressz hatására felgyorsult a szemtermések fejlődésének növekedési üteme, megnőtt a fejlődő embriók mérete, az endospermium sejtszáma, a raktározó sejtekben felhalmozott keményítőszemcsék és fehérjetestek mennyisége. Ezzel párhuzamosan megemelkedett a hőstressz fehérjék, a raktározott fehérjék és a cukor, valamint a keményítő anyagcserében szerepet játszó fehérjék gényjeinek expressziója. A kezelés végére a sejtosztódásban szerepet játszó sejtciklust szabályozó és hiszton gének expressziója azonban lecsökkent, valószínűleg a levélfelület irreverzibilis sérülése folytán bekövetkező szénhidrát utánpótlás megszűnésének hatására.

*Kutatásainkat az NKTH 4-064/04, az OTKA 68099, az OTKA 67987, a GVOP 522/1 és az EU-FP7-REGPOT 2007-1 sz. pályázatok támogatták.*

## Az almalisztharmat okozza az őszibarack-gyümölcsök rozsdás foltosságát?

JANKOVICS TÜNDE<sup>1</sup> - KISS LEVENTE<sup>1</sup> - NENAD DOLOVAC<sup>2</sup> - ALEKSANDRA BULAJIC<sup>2</sup> - BRANKA KRSTIC<sup>2</sup> - THIERRY PASCAL<sup>3</sup> - MARC BARDIN<sup>3</sup> - PHILIPPE C. NICOT<sup>3</sup>

<sup>1</sup>MTA Agrártudományi Kutatóközpont Növényvédelmi Intézet, Növénykörtani Osztály  
1022 Budapest, Herman Ottó út 15.  
e-mail: kiss.levente@agrar.mta.hu

<sup>2</sup>Növénykörtani Tanszék, Belgrádi Egyetem - Mezőgazdasági Kar, 11080 Belgrád, Szerbia

<sup>3</sup>INRA UR0407 Növénykörtani Laboratórium, F-84140 Montfavet, Franciaország

Az érett őszibarack-gyümölcsök felületén kiterjedt parás foltokat okozó, a gyümölcsök piaci értékét nagymértékben csökkentő tüneteket először 1941-ben az Egyesült Államokban írták le "őszibarack rozsdás foltosság" ("peach rusty spot") néven, a betegség kóroktanát azonban sokáig nem tisztázták. Több vizsgálat rámutatott arra, hogy a betegség elsősorban a lisztharmattal fertőzött almaültetvények közelében levő őszibarackosokban lép fel, és ismételt fungicides kezelésekkel visszaszorítható, azonban a kutatások egy része nem mutatott ki sem gomba-, sem más kórokozóra utaló képleteket a parás foltokon, ezért a szakirodalomban az almalisztharmat szerepét a rozsdás foltok kialakulásában nem tekintették bizonyítottnak.

Az 1990-es évektől kezdve a betegség egyre komolyabb veszteségeket okozott a szerbiai őszibarack-termesztésben, elsősorban a későn érő fajták, pl. a Summerset, Suncrest és Fayette fajták esetében. Munkánk során célul tűztük ki a betegség kóroktanának, kialakulásának és lefolyásának tisztázását, annak érdekében, hogy kidolgozhatóvá váljon egy olyan növényvédelmi technológia, amely biztosítja a betegség visszaszorítását. Ennek érdekében Szerbiában és Franciaországban kiterjedt üvegházi és szabadföldi keresztfertőzési kísérleteket végeztünk az almalisztharmatot okozó *Podosphaera leucotricha* és az őszibarack-lisztharmatot okozó *P. pannosa* fajokkal, emellett a parás foltokból különböző fenofázisokban kivont DNS-mintákban meghatároztuk az esetleg jelenlevő kórokozók rDNS ITS-szekvenciáit. Megállapítottuk, hogy csak a nagyon fiatal, 5 cm átmérőnél kisebb őszibarack-gyümölcsök fertőzhetők az almalisztharmat kórokozójával, és ezeken az érési folyamat során alakulnak ki az egyre nagyobb méretű parás foltok. Ily módon lehetővé vált a betegség elleni fungicides kezelések időzítése. Ugyanakkor a *P. leucotricha* nem fertőzte a fiatal őszibarack-hajtásokat és leveleket. Ezzel szemben az őszibarack-lisztharmatot okozó *P. pannosa* mind a fiatal gyümölcsöket, mind pedig a leveleket és hajtásokat fertőzte, azonban a fertőzések nem vezettek el parás foltok kialakulásához. Ezek minden bizonnyal az őszibarack-gyümölcsök bőrszövetének egyfajta hiperszenzitív-típusú reakcióját jelentik egy "idegen", de a gyümölcsfejlődés egy rövid szakaszában megtelepedni képes kórokozó, a *P. leucotricha* fellépése következtében.

*Kutatásainkat az OTKA K 73565 sz. pályázat támogatta.*

## A körte-észter tartalmazó csalétek a rügysodró tükrösmoly (Hedya nubiferana, Lepidoptera: Tortricidae) nőtényeit és hímjeit is csalogatja

JÓSVAI JÚLIA KATALIN - KOCZOR SÁNDOR - TÓTH MIKLÓS

MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, Alkalmazott Kémiai Ökológia Csoport  
e-mail: josvaijulia@gmail.com

A körte-észter (etil (E,Z)-2,4-dekadienoát) és ecetsav keverékét az almamoly [*Cydia pomonella* (L.) (Lepidoptera: Tortricidae)] nőtényt is csalogató csalétekként írták le amerikai kutatók. Magyarországi kísérleteinkben azonban az ezt a csalétket tartalmazó csapdák az almamolyon kívül a rügysodró tükrösmoly [*Hedya nubiferana* (Haworth) (Lepidoptera: Tortricidae)] egyedeit is nagy számban csalogatták.

A két komponenst együtt tartalmazó csalétek minden esetben több molyt fogtak, mint a komponensek külön-külön, és a csalogatóképesség nem különbözött, amikor a két vegyületet egy közös vagy két külön diszpenzerbe kimérve tettük a csapdába. A csalétek azokban az esetekben is csalogatták a molyokat, amikor a körte-észter különböző mennyiségekben (2 - 60 mg) adtuk az ecetsav mellé. A fogott molyok nagy része (akár 40%) nőtény volt.

Elektroantennográfiás vizsgálatokban a körte-észter nagy csápválaszt váltott ki mind a hím, mind a nőtény csápokból, ami a szabadföldi kísérletek mellett alátámasztotta, hogy a körte-észter jelentős szerepet játszik a rügysodró tükrösmoly kémiai kommunikációjában.

A körte-észter és ecetsav csalogatóképessége egyes kísérletekben elérte a rügysodró tükrösmoly feromont tartalmazó csapdák csalogatóképességének 70%-át, és a kétféle csalétekkel felvett rajzásmenet lefutása is hasonló volt.

Kísérleteink alapján tehát a körte-észter alkalmasnak bizonyult arra, hogy a későbbiekben akár - mint a rügysodró tükrösmoly nőtényt is csalogató csalétke - a gyakorlatban is alkalmazható legyen.

Tudtunkkal, ez az első olyan beszámoló, amelyben a körte-észter és ecetsav keveréke az almamolyon kívül más fajra is csalogatónak bizonyult.

*Jelen kutatást részben az OTKA K 81494 sz. pályázata támogatta.*

## Tartalékfehérjék expressziójának transzkripció szintű szabályozása gabonafélékben

JUHÁSZ ANGÉLA<sup>1</sup> - SEBESTYÉN ENDRE<sup>1</sup> - MAKAI SZABOLCS<sup>1</sup> - TAMÁS LÁSZLÓ<sup>2</sup> - BALÁZS ERVIN<sup>1</sup>

<sup>1</sup> MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Mezőgazdasági Intézet, Alkalmazott Genomikai Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u 2.

<sup>2</sup> ELTE Növényélettani és Molekuláris Növénybiológiai Tanszék, 1117 Budapest, Pzámány Péter sétány 1/C.  
e-mail: juhasz.angela@agr.ar.mta.hu

A búza nemesítési programok egyik fontos célja a tartalékfehérje frakciók mennyiségének és minőségének módosítása, hogy a lisztből készült termékek minősége minél jobban megfeleljen a fogyasztó igényeinek. A tartalékfehérjék expressziója nemcsak a genetikai háttértől, hanem a környezeti hatásoktól is függ, melyek molekuláris háttéréről gabonafélék esetében nem sokat tudunk. Az elmúlt években a csoportunkban elkezdett bioinformatikai vizsgálatok bizonyították, hogy egyes fehérje csoportok eltérő expressziós profilja egyértelmű kapcsolatba hozható a promóter régió szekvenciájában mutatkozó kis eltérésekkel. Ezek az összefüggések nehezen tanulmányozhatók a hexaploid búzában, de a modell gabonaként egyre szélesebb körben vizsgált diploid *Brachypodium distachyon* új lehetőségeket nyitott ebben a munkában is. A 2012. márciusában indult K-100881 sz. OTKA pályázatban megfogalmazott célunk, hogy vizsgáljuk a modell növény tartalékfehérjéinek expressziós profilját a szem fejlődés időszakában különböző módszertani megközelítések segítségével. Ezzel párhuzamosan vizsgáljuk a transzkripció faktorok expresszióját, illetve a tartalékfehérjék expressziójában betöltött szerepüket. A bioinformatikai, genomikai, transzkriptomika és proteomikai módszerek alkalmazásával kapott eredmények közelebb vihetnek a búza tartalékfehérje expresszió szabályozásának megértéséhez is, s hosszú távon hasznos információkat kaphatunk a minőségre történő nemesítéshez is.

Ennek első lépéseként egy, a búzában részletesen vizsgált S-ben gazdag tartalékfehérje csoport, az LMW-gluteninek expressziójának szabályozását vizsgáltuk bioinformatikai módszerekkel. Az elvégzett elemzések alapján azonosítottuk azokat a cis-acting promóter motívumokat, melyeknek szerepe lehet a szövetspecifikus fehérje expresszióban, illetve az egyes LMW glutenin géntípusok eltérő mértékű expresszióját befolyásoló finomszabályozásban. A gabonafélék tartalékfehérje génjeinek promóterében konzerváltan megtalálható, a már korábbról ismert -300 elem mellett, melynek elsődleges funkciója az endosperm specifikus szabályozás. Azonosítottunk két további konzervált szabályozó szakaszt (ún. CRE szakaszokat), melyek a szemfejlődés különböző fázisaiban enhancerként befolyásolják az egyes géntípusok expresszióját. Az LMW gluteninre elvégzett bioinformatikai elemzéseket a többi tartalékfehérje családon is elvégezve igazoltuk ezeknek a CRE régióknak az univerzális jelenlétét a S-ben gazdag prolaminokban.

Ezeket az eredményeket felhasználva kiválasztottunk néhány olyan *Brachypodium distachyon* gént, melyek a prolamin tartalékfehérje családba tartoznak. Specifikusan ezeknek a géneknek a promótereire tervezett primerek segítségével 1000-1500 nukleotid hosszú promóter szakaszokat izoláltunk, melyek specifikusan jelölt darabkáit további DNS-fehérje (promóter-transzkripció faktor) kölcsönhatás vizsgálatokban (pl. EMSA, streptavidin beads-based pull down, SPR) fogjuk tanulmányozni. Kísérleteink célja a potenciális promóter motívum - transzkripció faktor kölcsönhatások igazolása, a CRE régiókhöz kötődő transzkripció faktorok közötti kölcsönhatások tanulmányozása. A transzkripció szintű szabályozási mechanizmusok mellett a különböző tartalékfehérje gének promótereinek metilációs mintázatát is tanulmányozzuk. A metilációs vizsgálatok során arra szeretnénk majd választ kapni, hogy mekkora szerepe van az epigenetikai szabályozásnak az érés különböző szakaszaiban, illetve milyen mértékben magyarázzák a tapasztalt metilációs különbségek az expresszióban jelentkező eltéréseket.

*Kutatásainkat az OTKA K 100881 sz. pályázat támogatja.*



## Ízletlábú-diverzitás és inváziós fajok vizsgálata hazai autópályák mentén

KISS BALÁZS - KOZÁR FERENC - NAGY BARNABÁS - SZITA ÉVA - KÁDÁR FERENC - FETYKÓ KINGA

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Növényvédelmi Intézet, Állattani Osztály, 1022 Budapest, Herman O. u. 15.

e-mail: kiba@julia-nki.hu

A táblaszegélyek vizsgálata régóta az agroökológiai kutatások jelentős területe. Ehhez kapcsolódóan az útszegélyek ökológiai szolgáltatásokat nyújtó funkciójának hatékonyabbá tétele az utóbbi évtizedben került a kutatások előterébe. Az alacsonyabb rendű utakhoz képest több szempontból eltérő feltételeket biztosító autópálya-szegélyek vizsgálatára azonban jelenleg is csak szórványosan találunk példát a nemzetközi szakirodalomban. Az autópálya-szegélyek mentén végzett mintavételezés a biodiverzitás felmérése mellett költséghatékony módon teszi lehetővé, hogy képet kapjunk egyes fajok elterjedési területéről, így például egyes inváziós fajok, illetve kártevők hazai megjelenéséről, illetve térhódításáról.

2011-ben indult kutatásunkban két országos léptékű transzektet alkotó 4 autópálya (M1, M3, M5, M7), valamint az M0-s autópályán mentén, 33 gyűjtőhelyen, évi három alkalommal végeztünk szabványos gyűjtéseket fűhálóval, rovorszívóval (Dvac), kopogtatással, illetve talajcsapdával, valamint egyes taxonok, pl. pajzstetvek, esetében egyedi növényvizsgálattal. A vizsgálatok egyes célzottan vizsgált kártevők esetében külön gyűjtésekkel egészültek ki. A pajzstetvek és az egyenesszárnyúak esetében 2007-től, a pókok, katicabogarak és kabócák esetében 2009-től rendelkezünk gyűjtési adatokkal.

Az autópályák mentén meglepően magas fajszámokban találtunk pajzstetveket, a hazai fauna közel 70%-a (132/190) fordult elő. Egyes gyűjtőhelyek fajszáma a természetvédelmi oltalom alatt álló gyepek fajszámához volt hasonló. Azonos időszak alatt a hazai egyenesszárnyúaknak 6%-át (45/125) találtuk meg. 2009-es és 2010 közötti gyűjtésekben a hazai pókfajok 27%-át (198/726), a katicabogarak 18%-át (18/100) mutattuk ki. A 2011-es év talajcsapdás gyűjtésében a hazai futóbogárfajok 22%-a (121/540) fordult elő. A szegélykedvelő és az agrobiont fajok meghatározó szerepe több csoporton belül is jellemző. A vizsgálatok során 15 fajt elsőként mutattunk ki hazánkban, közülük a tuja kabóca (*Liguropia juniperi*) több helyszínen is jelentős egyedsűrűséget ért el.

Említésre érdemes, hogy a migrációs felszaporodásra hajlamos marokkói sáska elszigetelt állományát fedeztük fel a szilasligeti pihenőhely (M3) mellett. A biológiai növényvédelem céljából ellenőrizetlenül Európába hozott, majd elszabaduló ázsiai vagy harlequin katica (*Harmonia axyridis*), melyet hivatalosan először 2008-ban észleltek Magyarországon, a 2010-es mintákban már a leggyakoribb katicabogárfaj volt. Az amerikai eredetű, hazánkban először 2004-ben Budapesten kimutatott amerikai lepkekabóca (*Metcalfa pruinosa*) a Budapesttől távolabbi mintavételi helyeken 2011-ig csak Letenye melől került elő, ami arra utal, hogy a faj terjedésében az autópályák nem játszanak meghatározó szerepet.

Eredményeink rámutatnak arra, hogy az autópályák szegélyzónái egyes ízeltlábúcsoportok számára kedvező, fajgazdag élőhelyek. Ugyanakkor ezeknek az élőhelyeknek a vizsgálata hatékony eszköz egyes megtelepedő kártevőfajok jelenlétének korai észlelésében.

*Kutatásainkat az OTKA 75889 és 83829 sz. pályázatok támogatják.*

## Psammotettix fajok autökológiai vizsgálata

KISS BALÁZS - THOLT GERGELY

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Növényvédelmi Intézet, Állattani Osztály, 1022Budapest, Herman Ottó út. 15.

e-mail: kiba@julia-nki.hu

A csíkos gabonakabóca (*Psammotettix alienus*) a búza törpülés vírus (WDV) vektoraként a gabonafélék jelentős kártevője, a gyepekben tömeges egyéb *Psammotettix* fajok ugyanakkor a gabonatáblákon alig találhatók meg. Kutatásunk célja olyan tényezők feltárása volt, melyek szerepet játszanak a *P. alienus* kiemelkedő szántóföldi sikerességében, illetve melyek hozzájárulhatnak hatékony védekezési módszerek kidolgozásához.

A vizsgált életmenet-jellemzőkben (fenológia, fejlődési sebesség) nem találtunk alapvető különbséget a *P. alienus* és a gyepekhez kötődő fajok között, viszont a *P. alienus* esetében a többi fajnál jelentősebb nyári migrációt tapasztaltunk. A vizsgált fajok mindegyike (*P. alienus*, *P. confinis*, *P. kolosvarensis*) képes volt több nemzedéken át búza, árpa és zab növényeken kifejlődni, az egyéb pázsitfű-félék vonatkozásában azonban a *P. alienus* tápnövényköre a többiekénél szélesebbnek bizonyult. Nem pázsitfűfélékhez tartozó növényen egyik faj sem volt képes tartósan életben maradni.

Magyarországon elsőként alkalmaztunk elektropetrográfias (EPG) vizsgálatot, mellyel lehetőség nyílt a szipókás rovarok egyes táplálkozási szakaszainak valós időben történő követésére és rögzítésére. Az EPG-vel végzett vizsgálatokban kimutattuk, hogy a *P. alienus* imágók a túlélésüket nem biztosító sásféle, illetve kétszikű növényen is képesek szívogatni. A tápnövénnyel összehasonlítva, a nem-tápnövény fajokon több, rövidebb időtartamú penetráció figyelhető meg. A 2 órás megfigyelési periódus alatt csak a tápnövényen érték el a kabócák a floémet.

Búza törpülés vírussal fertőzött növényen tartva a *P. alienus* imágói két nap alatt fertőzőképessé váltak. Egészséges árpa növények megfertőzéséhez a vírushordozó állatok négy óránál hosszabb táplálkozása volt szükséges. Hasonló körülmények között a *P. confinis* és a *P. kolosvarensis* fajok nem voltak képesek a búza törpülés vírus (WDV) átvitelére.

*Kutatásainkat az OTKA K 68589 sz. pályázat támogatta.*

## A *VRN-B1*, *VRN-D1* és a *PPD-D1* gének alléljainak területi eloszlása és a kalászolásra kifejtett hatása búzában

KISS TIBOR - BALLA KRISZTINA - VEISZ OTTÓ - LÁNG LÁSZLÓ - BEDŐ ZOLTÁN - KARSAI ILDIKÓ

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Kalászos Gabona Rezsztencia Nemesítési Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: kiss.tibor@agrar.mta.hu

A növény egyedfejlődésében a vegetatív és a generatív életszakasz közötti átmenet kritikus pontot jelent a környezeti adaptáció szempontjából. A gabonafélék széles környezeti feltételekhez való alkalmazkodóképességének meghatározásában egyrészt a vernalizációs igény (*Vrn* gének), másrészt pedig a nappalhossz szabályozásáért (*Ppd* gének) felelős géncsoportok játszzák a fő szerepet.

A búza legfontosabb három vernalizációs igényt meghatározó génje a *Vrn-A1*, *Vrn-B1* és a *Vrn-D1*, melyek az 5A, 5B és 5D kromoszómákon helyezkednek el. A nappalhossz szabályozásáért felelős legfontosabb gének a következők: *Ppd-A1*, *Ppd-B1* és a *Ppd-D1*, melyek a 2A, 2B és 2D kromoszómákhoz köthetők. A kalászolási idő fiziológiai és genetikai szabályozásának részletes ismerete szükséges ahhoz, hogy a változó környezeti viszonyokhoz jobban alkalmazkodó fajták nemesítésével növelni lehessen a terméshozamot, ami a jövő mezőgazdasági termelésének egyik fő célkitűzése.

Vizsgálatunk célja volt, hogy (1) molekuláris markerekkel jellemezzük a *Vrn-B1*, *Vrn-D1* és a *Ppd-D1* gének főbb alléljait 660 búza genotípusban (510 európai, 88 amerikai, 56 ázsiai és 6 afrikai), (2) megvizsgáljuk az egyes allélcsoportok területi eloszlásait négy kontinens és Európa öt geográfiai régiója között, illetve (3) meghatározzuk a lehetséges összefüggéseket a vizsgált allélok és két egyedfejlődési fázis eléréséhez szükséges idő között, amelyek a következők voltak: a DEV49 (a kalász a zászlós levél hüvelyének felső részében helyezkedik el) és a DEV59 (a kalász teljes mértékben kiemelkedett a levélhüvelyből).

Az eredmények alapján megállapítottuk, hogy a vizsgált búza genotípus gyűjteményben a domináns (tavaszi) *Vrn-B1* allél 6,8 %-ban, a domináns (tavaszi) *Vrn-D1* allél 5,9 %-ban van jelen. A féldomináns nappalhossz-érzékeny allélt (*Ppd-D1a*) a minták 56,6 %-a hordozza. A vizsgált három gén allélkombinációi alapján a genotípusok 8 csoportba sorolhatók be. A legelterjedtebb csoportok azok, amelyek a recesszív (őszi) allélt hordozzák, mind a *Vrn-B1*, mind a *Vrn-D1* génen, ezzel ellentétben a legkritikább allélkombinációk azok, amelyeknél mindkét *Vrn*-génben a domináns (tavaszi) allél található. Az egyes csoportok eloszlási gyakorisága különböző nemcsak a kontinensek, de az európai geográfiai régiók között is.

Az egyes lókuszek statisztikai elemzése alapján, a *Ppd-D1* gén fejti ki a legerősebb hatást a vizsgált két egyedfejlődési fázisra, amelyet a *Vrn-D1*, majd a *Vrn-B1* gén követ. Az episztatikus kölcsönhatás a két vernalizációért felelős gén alléljai között még kifejezettebb, ha a nappalhossz-érzékeny allél van jelen a *Ppd-D1* génben. A kései kalászolású genotípusok azok, amelyek az őszi allélt hordozzák mindkét *Vrn*-génben és a nappalhossz-érzékeny allélt a *Ppd-D1* génen. Ebben az esetben a mért átlagos DEV49-es és DEV59-es értékek 213 nap és 220 nap. Ezzel szemben a korai kalászolású genotípusokat a *Ppd-D1* gén nappalhossz-érzékeny allélja, valamint a *Vrn-D1* gén tavaszi és a *Vrn-B1* gén őszi allélja jellemzi, és a két egyedfejlődési fázis átlagos értéke DEV49 esetében 203 nap, míg a DEV59 esetében 212 nap.

*Kutatásainkat az OTKA NK 72913 és az OTKA 80781 sz. pályázatok támogatták.*

## Búza/árpa introgressziós vonalak azonosítása és agronómiai tulajdonságaik értékelése

LÁNGNÉ MOLNÁR MÁRTA - SZAKÁCS ÉVA - CSEH ANDRÁS - KRUPPA KLAUDIA - FARKAS ANDRÁS -  
RAKSZEGI MARIANN - LINC GABRIELLA

MTA Agrártudományi Kutatóközpont  
Mezőgazdasági Intézet, Génmegőrzés és Organikus Nemesítés Osztály  
2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.  
e-mail: molnar.marta@agrar.mta.hu

A búza × árpa hibridek előállítása lehetővé teszi az árpa kedvező tulajdonságainak (koraiság, minőségi paraméterek, magas  $\beta$ -glukán tartalom, só- és szárazságtűrés) beépítését a termesztett búzába. Martonvásáron az Mv9 kr1 búzagenotípust és az Asakaze komugi japán fakultatív búzafajtát kereszteztük az Igrí német kétsoros és a Manasz ukrán hatsoros őszi árpafajtákkal. Az előállított hibridekből diszómás búza/árpa addíciós vonalakat állítottunk elő. Vizsgáltuk a búzagenomba beépített árpa kromoszómák hatását a koraiságra, minőségre, valamint a só- és szárazságtűrésre.

Az Mv9 kr1 × Igrí hibridből a 2H, 3H, 4H, 6HS és 7H, az Asakaze × Manasz hibridből a 2H, 3H, 4H, 6H és 7H diszómás addíciós vonalakat állítottunk elő (Szakács és Molnár-Láng, 2010 Genome 53: 35-44; Molnár-Láng et al. 2012 Genome 55: 302-311). Az addíciós vonalakban az árpa kromoszómákat *in situ* hibridizációval (FISH, GISH) azonosítottuk, majd azt molekuláris markerekkel is megerősítettük. Vizsgáltuk a különböző addíciós vonalak kalászolási és virágzási idejét fitotronban rövid és hosszú nappalos megvilágítás mellett, illetve vernalizáció nélkül és szántóföldi viszonyok közt. Az addíciós vonalak közül a 7H árpakromoszómát hordozó vonalak virágoztak legkorábban és a 4H kromoszómát hordozó vonalak a legkésőbb, kivéve tenyészkertben 2012-ben, ahol a 6H Asakaze/Manasz addíciós vonal virágzott utoljára. Szántóföldön a 4H és a 7H vonalak között a virágzási időben 6 és 7 nap különbséget tapasztaltunk a két fajtakombinációban, amely fitotronban rövid napos megvilágítás mellett 52 és 44 napra nőtt (Farkas et al. 2012. kéziratban).

A morfológiai tulajdonságokban is jelentős különbségek voltak az addíciós vonalak közt. A legtöbb szem/kalász a 4H addíciós vonalakban volt, a legkisebb fertilitást a 7H addíciókon tapasztaltuk. Különbségeket figyeltünk meg a növénymagasságban és a bokrosodásban is.

A búza/árpa addíciós vonalak előállítása során búza/árpa transzlokációs vonalakat is azonosítottunk FISH-sel és molekuláris markerekkel (Kruppa et al. 2012. Cereal Res. Commun, online). Vizsgáltuk a búza/árpa addíciós és transzlokációs vonalak  $\beta$ -glukán tartalmát (rosttartalom), amely az egészséges táplálkozás szempontjából fontos paraméter. Kísérleteinkben megállapítottuk, hogy a 7H Asakaze/Manasz addíciós vonal és a 4BS.7HL transzlokációs vonal  $\beta$ -glukán tartalma szignifikánsan nagyobb a búza szülőénél. A 4BS.7HL transzlokációs vonal segítségével a *HvCslF6* gént lokalizáltuk a 7HL centroméra körüli régiójában (Cseh et al. 2011. Genome 54: 795-804).

Az egri Eszterházy Károly Főiskolával végzett együttműködésben vizsgáltuk az egyes vonalak só- és szárazságtűrését laboratóriumi körülmények közt. Megállapítottuk, hogy az Asakaze/Manasz 7H addíciós vonal sótűrése jelentősen meghaladja a búza szülőét (Dulai et al. 2011. Acta Agronomica, 58: 367-376.)

*Kutatásainkat az OTKA 75381 sz. pályázat támogatta.*

## A termesztett búza diploid őseinek molekuláris citogenetikai elemzése: pachytén- és fiber-FISH

LINC GABRIELLA - LÁNGNÉ MOLNÁR MÁRTA

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Génmegőrzés és Organikus Nemesítés Osztály

2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: linc.gabriella@agrar.mta.hu

A fluoreszcens in situ hibridizáció (FISH) olyan technikai fejlettséget ért el napjainkra, hogy egyes alternatív módjainak alkalmazása lehetőséget teremt különböző molekuláris markerek fizikai térképezésére az adott kromoszómákon. A modern növénynemesítés számára elengedhetetlen fontosságú a FISH módszer felhasználása, mivel az intenzív nemesítés hatékony ellenőrző rendszert kíván. Erre kiválóan alkalmas molekuláris citogenetikai módszerek a pachytén- és a fiber-FISH. A pachytén-FISH a kromoszómák kedvező morfológiai tulajdonságait használja ki. A pachytén szakaszban (meiozis I. profázisának harmadik alfázisa) lévő kromoszómák kevésbé kondenzáltak (egyes fajoknál, pl. rizs ~40-szer hosszabbak), de ISH után még biztonsággal megkülönböztethetők és azonosíthatók. A fiber-FISH technika csupasz DNS szálakat használ a preparátumokon. A módszer előnye, hogy a legjobb felbontással és a legrövidebb kimutathatósági tartománnyal rendelkezik (~1-5Kb), hátránya azonban, hogy nincs kromoszóma szerkezet, így az adott DNS szakasz azonosítása és pozíciójának meghatározása csak ismert kontroll DNS szakasz mellett lehetséges.

Előkísérleteink során az *Arabidopsis* genomból izolált teloméra specifikus klónt (HT 100.3) alkalmaztuk különböző repetitív DNS szekvenciákkal együtt (pl. 45S rDNA- pTa71) az *Aegilops tauschii* (DD genom) és a *Triticum monococcum* (AA genom) diploid fajok kromoszómáin, meiotikus profázisban lévő sejteken. A HT100.3 DNS klón a *Triticeae* nemzetségben és virágzó növényekben általánosan jelen levő CCCTAAA szakaszt hordozza.

A hexaploid búza genomjából izolált, egyedi szekvenciákat térképeztünk az *Ae. tauschii* (DD) és a *T. monococcum* (AA) genomok pachytén kromoszómáin. Számos, a búza genom DNS-en PCR-el felszaporított trinukleotid szekvencia közül az ACG trinukleotid szekvencia egyedi jelet mutatott a hexaploid búza 4D kromoszómáján. A szekvenciát az *Ae. tauschii* genom pachytén kromoszómáján térképeztük. Referencia DNS próbákként a HT100.3 (teloméra specifikus) és a ZCF1 (centroméra specifikus) klónokat használtuk fel.

A ZCF1 a hexaploid genom DNS-en felszaporított, PCR alapú marker. Tesztelés után megállapítottuk, hogy az *Aegilops bicornis* (SS), *Triticum monococcum* (AA) és *Triticum urartu* (AA) genomok kromoszómái is hordozzák ezt a szekvenciát.

Az *Ae. tauschii* (DD) és a *T. monococcum* (AA) pachytén fázisban lévő kromoszómáin teszteltük a Dx5 HMW gént. A teljes konstrukció (pHMW1Dx5) repetitív DNS szakaszokat tartalmaz. Korábbi pályázatunk keretében sikerült olyan próbákat előállítani, amelyek egyre kevesebb repetitív DNS szakaszt tartalmaztak.

A Dx5 gén egyedi jelölődést mutatott mind az *Ae. tauschii*, mind a *T. monococcum* genomban. Az AA genomban nagy valószínűséggel a Dx5 gén "A" homológja mutatott egyedi hibridizációs jelet.

*Kutatásainkat az OTKA K 67808 sz. pályázat támogatta.*

# A hidegstresszhez kötődő aszkorbát- és szalicilsav-közvetítette jelátviteli folyamatok tanulmányozása *Arabidopsis* növényekben

MAJLÁTH IMRE - SZALAI GABRIELLA - JANDA TIBOR

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Növényélettani Osztály, 2462 Martonvásár Brunszvik u. 2.

e-mail: majlath.imre@agrar.mta.hu

Vizsgálataink során számos, a hidegstresszhez kötődő vegyület és folyamat változásait követtük nyomon. A vizsgálatokhoz a következő *Arabidopsis* növényeket használtuk: Col-0: vad genotípus, *vtc2-1*: aszkorbát(AA)-hiányos mutáns, *eds5*: csökkent mértékű szalicilsav(SA)-transzport jellemzi a kloroplasztisban, *sid2*: izokorizimát-szintáz deficiens, alacsony SA szinttel rendelkező mutáns, GLOáz: az L-gülono-1,4-lakton oxidáz transzgént hordozó, melyet a *vtc* mutánsokba transzformálva mutáció komplementációját okozza, NahG: transzgenikus változat egy SA degradáló enzim, a szalicilát-hidroxiláz génjét hordozza. A növények 21 °C, rövid-, majd a 4. héttől hosszúnappalos, PPFD: 100  $\mu\text{mol}/\text{m}^2/\text{s}$  -os megvilágítás mellett nőttek. A hidegedzés 4 napig 4 °C-on, a nevelési fényintenzitáson, a fagyasztási teszt 1 napig, sötétben -9 °C és -11 °C-on történt. A túlélő egyedek értékelését több alkalommal is elvégeztük, viszont 3 héttel a fagyasztás után tekintettük véglegesnek, túlélési százalékot számolva.

A fagyasztási tesztből kapott eredmények alapján megállapítottuk, hogy az *Arabidopsis* aszkorbát- és szalicilsav-hiányos mutánsok és transzgenikus vonalak fagyűrése meglehetősen eltérőnek bizonyult. Az alacsonyabb fagypon alatti hőmérsékleten, -11 °C-on, számottevően csak a Col-0 és a *sid2* bizonyos számú egyedei éltek túl. -9 °C-on az előző két genotípus mellett a *vtc2-1*, illetve a GLOáz növények között is voltak túlélők. Egy kritikus fagypon alatti hőmérsékletig a növények képesek a regenerációra, amely vizsgálataink alapján -10 °C-nak bizonyult.

Az eltérő fagyűrés élettani hátterének feltárását a fotoszintetikus apparátus változásainak vizsgálatával kezdtük. A csökkenő hőmérséklettel a II. fotokémiai rendszer (PSII) kvantumhatékonysági paraméterei és a relatív klorofilltartalom is csökkenő tendenciát mutatott. Egyes genotípusok esetén adott hőmérsékleten meglehetősen hasonló változások voltak megfigyelhetők.

Az antioxidáns védekezőrendszer fontos eleme az aszkorbát-glutation ciklus. Három kulcsenzimének vizsgálata során megállapítottuk, hogy a glutation-reduktáz a hideg hatására fokozott aktivitás-emelkedést mutatott. A monodehidroaszkorbát-reduktáz aktivitása az edzési hőmérsékleten szintén magasabb volt. Az aszkorbát-peroxidáz aktivitása csak a SA-hiányos mutánsokban volt magasabb.

A stresszhez kötődő jelátvivő vegyületek közül a szabad és kötött SA szintje a *vtc2-1* mutánsban szignifikánsan magasabb, míg a SA-hoz kötődő genotípusokban szignifikánsan alacsonyabb volt, a vad típusban tapasztaltakhoz képest, mind a nevelési(kontroll)-, mind az edzési hőmérsékleten. Ezek a tények arra engednek következtetni, hogy a SA hiányos genotípusokban a hideg hatására más jelátviteli utak léphetnek működésbe. A SA ugyanakkor képes lehet az AA-hiány kedvezőtlen hatásainak kiegyenlítésére a hidegstressz alatt. A vizsgált poliaminok közül kettőnek a szintjében voltak kimutatható változások. A putreszcin szintje magasabb, míg a spermin szintje alacsonyabb lett a hidegedzés hatására mindegyik genotípusban.

*Kutatásainkat az OTKA K 75584 sz. pályázat támogatta.*

## Foszforforgalom jellemzése és modellezése különböző talajokon repce tesztnövényel

MÁTHÉNÉ GÁSPÁR GABRIELLA - FODOR NÁNDOR - CSATHÓ PÉTER - KOVÁCS GÉZA

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Talajtani és Agrokémiai Intézet, Agrokémiai és Növénytaplálási Osztály

1022 Budapest, Herman Ottó út 15.

e-mail: ggabi@rissac.hu; fodornandor@rissac.hu; csatho@rissac.hu; gjkovacs@gmail.hu

A növény foszforellátásában a talaj raktározó szerepe kiemelkedő fontosságú. A könnyen oldható és a növények számára felvehető  $\text{PO}_4$ -tartalom dinamikájának ismerete - a talajoldat igen alacsony koncentrációja miatt - különleges jelentőséggel bír. A pályázati munka (OTKA K 68884) két, foszforforgalmat érintő részből állt. Az egyik a talajok foszforforgalmának jellemzése és modellezése volt az általunk használatos determinisztikus időjárás-talaj-növény szimulációs rendszermodell (4M) továbbfejlesztésével, a másik a talaj szerves foszfortartalmát felvehető  $\text{PO}_4$ -tá átalakító foszfatáz enzimek működésének jellemzése volt különböző talajokon.

A talajok foszforforgalmának jellemzéséhez az 1984-2008 között mészlepedékes csernozjom talajon Nagyhorcsökön, és karbonátos homoktalajon Órbottyánban, beállított trágyázási tartamkísérlet eredményeit használtuk fel. A foszfát-trágya éves adagja  $100 \text{ kg ha}^{-1} \text{ P}_2\text{O}_5$  volt. A kísérleti vetésgörögben kukorica, őszi búza, tavaszi árpa és őszi káposztarepce szerepelt. A rendszeres, évenként kijuttatott foszfát-trágya hatására mindkét talajt jelentős foszfát-akkumuláció jellemezte. A foszfát ( $\text{AL-P}_2\text{O}_5$ ) akkumulációs ráta a legfelső, 0-20 cm-es talajrétegben  $15 \text{ mg kg}^{-1} \text{ év}^{-1}$ -es szintről 0-ra csökkent a kísérleti évek alatt mindkét talajon. A foszfát ( $\text{AL-P}_2\text{O}_5$ ) akkumulációs ráta a 0-20, 20-40 és 40-60 cm-es talajrétegekben, a csernozjom talajban 8,5, 1,7, 0,2  $\text{mg kg}^{-1} \text{ év}^{-1}$ , míg a homoktalajban 8,4, 9,9, 1,3  $\text{mg kg}^{-1} \text{ év}^{-1}$  volt. Megállapíthattuk tehát, hogy a két talaj jellegzetes különbsége a 20-40 cm-es talajréteg foszfát-tartalmában jelentkezett.

A kutatás keretében végzett modellfejlesztések során az elemzett trágyázási tartamkísérlet két, jellegzetes hazai talajára meghatároztuk a foszforforgalom paramétereit, s a szimulálható növények körét a repcemodell kiépítésével bővítettük. A foszforforgalmat egyik oldalról a talaj foszfor-készletei közötti arányok, átalakulások, egyensúlyi állapotok, másik oldalról a növényi foszforigények vezérlik. Vizsgált talajainkban karakterisztikusan különbözött két talajjellemző, az agyag- és a humusztartalom. Ezek a tulajdonságok meghatározták a foszfor készletek (poolok) dinamikus egyensúlyát alakító paraméterek specifikus értékeit. A modellfejlesztő munka eredményeként foszformodellünk a foszforforgalom változásait, folyamatait jól becsli, hibahatáron belüli értéket ad a növényi foszforfelvételre és a különböző talajrétegek foszfát-tartalmára vonatkozóan.

A talajok szerves foszfortartalmát felvehető  $\text{PO}_4$ -tá átalakító foszfatáz enzimek működésének jellemzéséhez három talajon: mészlepedékes csernozjomon, barna erdőtalajon és karbonátos homoktalajon végeztünk vizsgálatokat. Megállapítottuk, hogy a talajokat a savas és lúgos foszfatáz (foszfo-mono-észteráz) aktivitás szintje és aránya, meghatározott feltételek esetén, megbízhatóan jellemzi. A feltételek jelentősége megnő az eltérő reziduális foszfatáz aktivitású talajok összehasonlításakor, mivel a reziduális foszfatáz aktivitás alacsony szintje a talajokat a változásokra érzékenyebbé, s enzimaktivitásuk jellemzőiben változékonyabbá teszi. A foszfatáz aktivitás vizsgálatok eredményeként felvázoltuk a talajok új, biokémiai jellemzési lehetőségét, és megalapoztuk e biokémiai folyamatok foszforforgalmi modellbe való beépítését.

## Búza szemtermésének mikroelem-tartalmát befolyásoló lókuszok azonosítása asszociációs térképezés segítségével

MONOSTORI ISTVÁN - BÁLINT ANDRÁS FERENC - GALIBA GÁBOR - SZIRA FRUZZSINA

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Növényi Molekuláris Biológia Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u.2

e-mail: szira.fruzsina@agrar.mta.hu

Az ember az egészséges életműködésekhez több mint 22 ásványi elem folyamatos bevitelét igényli, melyek közül az esszenciális mikrotápelemek - vas (Fe), cink (Zn), mangán (Mn), molibdén (Mo), réz (Cu) és szelén (Se) - gyakran az optimálisnál jelentősen kisebb mennyiségben találhatóak meg a táplálékokban. Az esszenciális tápelemek elégtelen bevitele csökkenti a környezeti stresszekkel szembeni ellenállóságot és növeli a különböző betegségek iránti fogékonyságot. Fokozott hiánya hiánytünetek megjelenéséhez vezethet, mely különösen a fejlődő, nagy népességű országokban (India, Kína) és az Afrikai kontinensen okoz problémákat (White és Brown, 2010). A búza számos országban alapélelmiszernek számít, így fontos, hogy ne csak a szénhidrátszükségletet, de az optimális életműködések fenntartásához szükséges nyomelem mennyiséget is biztosítsa.

Sajnos a búza csak kis mennyiségben tartalmazza ezen elemeket, ezért a népesség számára az esszenciális mikroelemek mennyiségét valamilyen módon biztosítani kell. Mivel az élelmiszer-kiegészítőként adható nyomelemek előállítása nagyon drága, ezért kézenfekvőnek tűnik az élelmiszernövények mikroelem összetételének javítása agrotechnikai eszközökkel vagy a növénynevelés segítségével. Az agrotechnikai eljárások - mikroelem trágyázás, mikroelem felvételt fokozó kelátképzők adagolása - ugyan megoldást nyújt, azonban jelentősen drágább, mintha eleve genetikailag jobb mikroelem akkulációra képes növények termesztésével érnének el javulást. Mindezek miatt kimagasló jelentőségű lehet olyan fajták előállítása, melyek a fogyasztásra alkalmas részükben nagyobb mennyiségű mikroelemet képesek felhalmozni - és mindezt anélkül, hogy a termésparamétereket károsan befolyásolná ez a változás.

Munkánk során 94 búzafajtát és tájfajtát tartalmazó populáción vizsgáltuk a szemtermés mikroelem-tartalmának változását. A búzán három ismétlésben/környezetben elvégzett tesztek segítségével sikerült a szemtermés mikroelem-tartalmát stabilan befolyásoló lókuszokat azonosítani, illetve az azonosított lókuszokhoz kapcsolt DArT markereket is meghatároztuk. Ezen markerek felhasználásával a jellegek marker alapú szelekciója megvalósítható, azonban fontos megjegyezni, hogy a nagy környezeti hatás - kicsi örökíthetőség - miatt a várható javulás csak kis mértékű.

*Kutatásainkat az OTKA PD 72080 sz. pályázata támogatta.*



## A szalicilsav függő védekezési mechanizmusok kapcsolata egyéb jelátviteli utakkal kalászos gabonafélékben

PÁL MAGDA - KOVÁCS VIKTÓRIA - SZALAI GABRIELLA - JANDA TIBOR

MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Mezőgazdasági Intézet, Növényélettani Osztály,

2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: palmagda@mail.mgki.hu

Jelen munka célja a gazdaságilag jelentős gabonafélék stressz körülmények között adott válaszreakcióinak jobb megismerése. Munkánk során kapcsolatot keresünk különböző gabona, elsősorban búza genotípusok stressztűrő képessége és egyes védő vegyületek mennyisége között, különös tekintettel a szalicilsavra (SA) és a poliaminokra (PAs). Az alábbiakban munkánk első évének eredményeit foglaljuk össze.

Szántóföldi körülmények között neveltünk különböző stressztűrő képességű gabona genotípusokat. Ezek között szerepeltek martonvásári őszi és tavaszi árpa, őszi búza, őszi durum, tritikálé és tavaszi zab fajták, valamint nagy számban közel izogén Thatcher búza vonalak. Mindegyik genotípusban meghatároztuk a SA és PA (putreszcin, cadaverin, spermidin és spermin) tartalmat, valamint az antioxidáns enzimek (aszorbát-peroxidáz, glutation-reduktáz, glutation-S-transzferáz, gvajakol-peroxidáz, kataláz) aktivitását. Megállapítottuk, hogy mind a SA, mind a PA tartalmat illetően a vizsgált 42 genotípus változatos képet mutat, de ezek a különbségek nem fajfüggőek. Figyelemre méltó különbségeket találtunk azonban az antioxidáns enzimeknél a fajok között, azon belül is a gvajakol-peroxidáz (POD) esetében. Az őszi árpa, tavaszi árpa, tavaszi zab, őszi tritikálé és őszi durum fajok jóval alacsonyabb POD aktivitással rendelkeztek az őszi és tavaszi búza fajokhoz képest.

Annak érdekében, hogy a kezdeti SA és PA tartalmak mellett a stressz hatásra bekövetkező változásokat is megvizsgáljuk, 24 búza genotípus esetében lisztharmatfertőzést [*Blumeria graminis* (DC.) Speerf. sp. *tritici* Ém. Marchal] követően is gyűjtöttünk mintát a szántóföldi körülmények között nevelt növényekről. Az eredményeket annak tükrében értékeltük, hogy a fertőzés után felvételeztük a fertőzöttség mértékét. A SA és PA tartalom a fertőzés hatására megemelkedett szinte valamennyi vizsgált genotípus esetén, továbbá az antioxidáns enzim aktivitásokban bekövetkező változások is hasonló mintázatot mutattak a különböző fajtákban. A védővegyületek kezdeti szintjei és fertőzés hatására bekövetkező változásai, valamint a lisztharmattal szembeni rezisztenciafok között összefüggést nem tudtunk kimutatni (Kovács és mtsai., 2012: Acta Agronomica Hungarica 60(2), 131-141).

A szántóföldi eredmények alapján kiválasztott genotípusokkal üvegházi, kontrollált körülmények között beállított kísérletekkel kívántuk kiegészíteni vizsgálatainkat. Négy búza genotípust választottunk ki, melyek különböző SA illetve PA tartalommal rendelkeztek. A növényeket cserépben neveltünk és felnőttkori (GS45) lisztharmatfertőzést végeztünk. A fertőzést követően 3 és 7 nap elteltével végeztünk mintavételt, a kontroll és fertőzött növényekből. Meghatároztuk a SA és PA tartalmat, illetve az antioxidáns enzim aktivitásokat. Ezeket az eredményeket a következőképpen foglalhatjuk össze. A 4 vizsgált genotípus eltérő mértékű rezisztenciát mutatott a lisztharmatfertőzéssel szemben. Két genotípus érzékenynek (TC26 és TC33), kettő pedig viszonylag toleránsnak mutatkozott (TC9 és TC19). A hetedik napon az érzékeny genotípusok egész felületén megjelentek a lisztharmat micéliumok és konídiumok, míg a toleránsabb genotípusoknál csak az alsóbb leveleken, közel a szárhoz. Habár a PSII kvantum hatásfokát jellemző F/Fm' klorofill fluoreszcencia indukció paraméter a fertőzést követő hetedik napon sem csökkent, kimutatható élettani változások indultak meg a levélben. A SA-tartalom kezdeti szintjei eltérőek voltak, habár annak a fertőzésre bekövetkező változása nem volt az. A TC9 és TC26 genotípusokban mind a szabad, mind a kötött SA-tartalom fele annyi volt, mint a TC19 és TC33 fajtákban, a kontroll növények esetében. A poliaminok közül a szabad kadaverin, a szabad és konjugált spermidin, és a konjugált spermin mennyisége fertőzés hatására felnőttkorban megemelkedett. Az antioxidáns enzimek aktivitása, különösen az aszorbát-peroxidáz és POD esetében, a fertőzés hatására megemelkedett. A felnőttkori kísérlet során a POD izoenzimek gélelektroforetikus vizsgálata során megállapítottuk, hogy a 4 genotípus eltérő mintázatot mutatott, továbbá kimutattunk egy a lisztharmat fertőzés hatására specifikusan indukálódó sávot, mely kisebb intenzitással csak TC26 genotípusban volt jelen a fertőzés előtt (Pál és mtsai., 2012: European Journal of Plant Pathology, DOI 10.1007/s10658-012-0063-9). Annak érdekében, hogy a vizsgált paraméterek közötti kapcsolatokat felfedjük, korreláció analízist végeztünk. Megállapítottuk, hogy habár a SA- és PA tartalom változása, továbbá az antioxidáns enzimek aktivitása bizonyos esetekben szoros, pozitív, lineáris kapcsolatban van egymással, ezeket az összefüggéseket számos faktor befolyásolja, mint például az öregedés, vagy a fertőzés. A mért paraméterek, valamint a vizsgált genotípusok rezisztenciafoka között összefüggést nem tudtunk megállapítani.

Kutatásainkat az OTKA PD 83840 sz. pályázat támogatja.

## Genome introgression in wheat-alien hybrids

DÁVID POLGÁRI<sup>1</sup> - KATALIN JÄGER<sup>1</sup> - ANDRÁS CSEH<sup>2</sup> - MÁRTA MOLNÁR-LÁNG<sup>2</sup> -  
BEÁTA BARNABÁS<sup>1</sup> - LÁSZLÓ SÁGI<sup>1</sup>

Centre for Agricultural Research, Hungarian Academy of Sciences  
Agricultural Institute, <sup>1</sup>Plant Cell Biology Department and <sup>2</sup>Department of Plant Genetic Resources and Organic  
Breeding, H-2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.  
e-mail: sagi.laszlo@agrar.mta.hu

The common phenomenon of chromosome elimination during early embryo development of wheat-alien hybrids represents a bottleneck for efficient introgression of useful genes from wild relatives. In order to follow this elimination process by *in vitro* culture and regeneration of zygotes we present here a method for high-frequency generation of wheat-barley hybrids. The ploidy and partial chromosomal status of the obtained 100+ plants have been determined by flow cytometry and chromosome-specific DNA marker analysis, respectively. The frequency of haploids, various aneuploids and full hybrids in the population will be described in detail. The collected data will assist in gaining a deeper insight in early generative processes and deliver novel genetic material for pre-breeding purposes.

*The research has been supported by the Hungarian Scientific Research Fund (OTKA grant No. 101786).*

## Genom átépítés távoli búzahibridekben

POLGÁRI DÁVID<sup>1</sup> - JÄGER KATALIN<sup>1</sup> - CSEH ANDRÁS<sup>2</sup> - MOLNÁR-LÁNG MÁRTA<sup>2</sup> -  
BARNABÁS BEÁTA<sup>1</sup> - SÁGI LÁSZLÓ<sup>1</sup>

MTA Agrártudományi Kutatóközpont  
Mezőgazdasági Intézet, <sup>1</sup>Növényi Sejtbiológiai Osztály és <sup>2</sup>Génmegőrzési és Organikus Nemesítési Osztály,  
2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.  
e-mail: sagi.laszlo@agrar.mta.hu

A távoli búzahibridek korai embriófejlődése során közönségesen fellépő kromoszómakiesés jelensége egyben a vad fajok hasznos génjei átvitelének korlátját is képezi. Az eliminációs folyamatnak a zigóták tenyésztésével és regenerációjával történő nyomonkövetéséhez hatékony módszert mutatunk be búza-árpa hibrid alapanyag előállítására. A kapott több mint 100 növény ploidszintjét és részleges kromoszómaösszetételét áramlási citométerrel, illetve kromoszóma-specifikus DNS markervizsgálattal határoztuk meg. A populációt alkotó haploidok, különböző aneuploidok és hibridek gyakoriságát részletesen közöljük. Az összegyűjtött adatok mélyebb betekintést engedhetnek a korai generatív fejlődés folyamatába, és egyúttal újfajta genetikai alapanyagot is biztosítanak 'pre-breeding' céljára.

*Kutatásainkat az OTKA K 101786 sz. pályázat támogatja.*

# Búza-*Aegilops biuncialis* (kecskebúza) addíciós vonalak előállítása és azonosítása molekuláris citogenetikai módszerekkel

SCHNEIDER ANNAMÁRIA - LÁNGNÉ MOLNÁR MÁRTA

MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Mezőgazdasági Intézet, Génmegőrzési és Organikus Nemesítési Osztály,  
2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: schneider.annamaria@agrar.mta.hu, molnar.marta@agrar.mta.hu

Az *Aegilops* (kecskebúza) fajok a búzával szoros rokonságban lévő vad fajok. A diploid *Aegilops tauschii* ( $2n=2x=14$ , DD) a termesztett búza D genomjának donorja, míg a diploid *Ae. speltoides* ( $2n=2X=14$ , SS) S genomja mutatja a legnagyobb homeológiát a búza B genomjával. Az *Ae. biuncialis* U és M genomokkal rendelkező tetraploid vad faj ( $2n=4x=28$ ,  $U^bU^bM^bM^b$ ), amely az *Ae. umbellulata* ( $2n=2x=14$ , UU) és az *Ae. comosa* ( $2n=2x=14$ , MM) természetes hibridizációjából jött létre. Az *Ae. biuncialis* kiváló rezisztenciaforrás, melyet napjainkig még nem hasznosítottak; egyes vonalai só-és szárazságtűréssel rendelkeznek, míg más vonalai rozsdá rezisztencia géneket hordoznak. A termesztett búza és az *Ae. biuncialis* közeli rokonságának köszönhetően a két faj egymással ivaroson keresztezhető, így viszonylag nagy biztonsággal felhasználható különböző genetikai alapanyagok előállítására.

Kísérleteink célja, hogy az *Ae. biuncialis* kedvező tulajdonságait a termesztett búza genomjába beépítsük. Az *Aegilops* fajokban fellelhető hasznos tulajdonságok búzába történő beépítésének egyik módja az addíciós, majd transzlokációs vonalak létrehozása, illetve a búza *Ae. biuncialis* amfiploidok besugárzásával kromoszóma átépülések indukálása. Az így előállított genetikai alapanyagokban fontos az idegen kromoszómák és kromoszóma szegmentumok nyomon követése, melyre alkalmas módszer az *in situ* hibridizáció.

Eddig öt búza *Ae. biuncialis* addíciós vonalat azonosítottunk ( $2M^b$ ,  $3M^b$ ,  $7M^b$ ,  $3U^b$  és  $1U^b$ ) fluoreszcens *in situ* hibridizációval (FISH). A korai nemzedékek ( $BC_2$ ,  $BC_3$ ) FISH vizsgálata során több új *Ae. biuncialis* kromoszómát tartalmazó addíciós vonalat állítottunk elő. A 49/00 azonosítási számú búza *Ae. biuncialis* diszómás addíciós vonal - egy szubmetacentrikus *Ae. biuncialis*-ból származó kromoszómapárt tartalmaz, amely a pSc119.2 és AFA family (a pAs1 szubklónja) DNS próbákkal nem adott hibridizációs jelet. Genomi *in situ* hibridizációval (GISH) kimutattuk, hogy az idegen kromoszómapár az M genomból származik. Az addíciós vonalban nem figyeltünk meg átrendeződéseket az U és M genom között, illetve a búza és az *Ae. biuncialis* genomja között sem. A molekuláris markerekkel történő vizsgálatok kimutatták, hogy ez az addíciós vonal egy módosult  $3M^b$  kromoszómát tartalmaz.

Az 1575/08 azonosítási számú vonal 42 db búza kromoszómát és 2 db  $2U^b$  kromoszómát tartalmazott. A  $2U^b$  addíciós vonalat tenyészkertben felszaporítottuk. A 33/01 nyilvántartási számú vonal utódnemzedékében 1 db  $6U^b$  kromoszómát figyeltünk meg a búza kromoszómái mellett, amely az utód nemzedékekből eliminálódott. Az 1564/08 azonosítási számú vonalban egy  $6M^b$  *Ae. biuncialis* kromoszómapár volt látható. A két  $6M^b$  kromoszómát tartalmazó növény steril volt, azonban több növénnyel is rendelkezünk, melyek 1db  $6M^b$  kromoszómát tartalmaznak. Vizsgálataink során kiválogattunk több *Ae. biuncialis* kromoszómát tartalmazó vonalat is. Az 1583/09 nyilvántartási számú vonalban  $5M^b$ ,  $6M^b$  és  $7M^b$  kromoszómákat, míg az 1589/09 azonosítási számú vonal  $7U^b$ ,  $1U^b$  és  $3U^b$  kromoszómákat tartalmazott a búza kromoszómáin kívül. Ez a két vonal sterilnek bizonyult, a szülőpartnereik azonban még rendelkezésre állnak és lehetővé teszik az addíciós vonalak további szelekcióját. Az új addíciós vonalak fitotronban történő felszaporítása folyamatban van, a későbbiekben tervezzük rezisztencia vizsgálatukat a tenyészkertben.

Kutatásainkat az OTKA PD 75450 sz. pályázat és a Bolyai János Kutatási Ösztöndíj támogatta.

## A *CBF14* és *CBF15* gének szerepének bizonyítása transzformációval

SOLTÉSZ ALEXANDRA<sup>1</sup> - MARK SMEDLEY<sup>2</sup> - CAROLINE SPARKS<sup>3</sup> - NOVÁK ALIZ<sup>1</sup> - GALIBA GÁBOR<sup>1</sup> - HUW D JONES<sup>3</sup> - WENDY HARWOOD<sup>2</sup> - VÁGÚJFALVI ATTILA<sup>1</sup>

<sup>1</sup>MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Növényi Molekuláris Biológia Osztály, Martonvásár, Hungary

Soltész Alexandra: soltesz.alexandra@ agrar.mta.hu, Novák Aliz: novak.aliz@ agrar.mta.hu,

Galiba Gábor: galiba.gabor@ agrar.mta.hu, Vágújfalvi Attila: vagujfalvi.attila@ agrar.mta.hu

<sup>2</sup>John Innes Centre, Norwich, United Kingdom

Mark Smedley: mark.smedley@ jic.ac.uk, Wendy Harwood: wendy.harwood@jic.ac.uk

<sup>3</sup>Rothamsted Research, Harpenden, Hertfordshire, United Kingdom

Caroline Sparks: caroline.sparks@bbsrc.ac.uk, Huw D. Jones: huw.jones@bbsrc.ac.uk

A *CBF* (*C-repeat Binding Factor*) gének a legalaposabban kutatott növényi regulátorok közé tartoznak. Olyan transzkripció faktorokat kódolnak, amelyek főként az alacsony hőmérsékleti-, kisebb mértékben a szárazság-stressz kivédésében játszanak szerepet. Hatásukat nagyszámú gén kifejeződésének (expressziójának) módosításával fejtik ki; működésük eredményeképpen fokozódik a stressz-tolerancia. Kenyérbúzában génexpressziós analízissel, míg alakorban géntérképezési módszerrel igazoltuk a közelmúltban, hogy a búza genomjában kódolt *CBF* gének közül a *CBF14* és a *CBF15* az, amely a fagyállóság kialakításában kiemelkedő szerepet játszik. E gének funkcióját direkt módszerrel, a gének transzformációjával bizonyítottuk.

A géneket egy fagyálló búzából kivont mRNS-ről írtuk át, majd Gateway-alapú BRAC1 vektorba ([www.bract.org](http://www.bract.org)) klónoztuk őket. Olyan konstrukciókat használtunk, melyek kifejezetten a gén túltermelésére (overexpression), illetve elcsendesítésére (silencing) lettek tervezve. Mindkét vektorban az ubiquitin promóter + intron (*Ubi1*) szekvencia biztosítja a transzgén állandó, konstitutív expresszióját.

A tavaszi "Golden Promise" árpát *Agrobacterium* közvetítette, míg a "Cadenza" tavaszi búzát génbelövéses módszerrel transzformáltuk. A beépült transzgén kópiaszámát valós idejű (Real-Time) PCR-rel határoztuk meg. Nagyszámú független transzformáns vonalat sikerült előállítanunk mind búzában, mind árpában. A transzgén fagyállóságra gyakorolt hatását különböző hőmérsékleten végrehajtott fagytesztekkel vizsgáltuk. A fagyállóságot többféle módon is elemeztük. Vizsgáltuk a kettős fotoszisztéma (PSII) sérülésének mértékét, mértük a levelekből fagy hatására kiáramló elektrolitok mennyiségét, megállapítottuk a transzgénikus növények regenerációs képességét, valamint a túlélési százalékát is. Sikerült néhány olyan *CBF15*, és jó néhány olyan *CBF14* transzgénikus vonalat azonosítanunk, amelyekben a fagytolerancia megnőtt.

Real-Time RT-PCR-rel vizsgáltuk magának a transzgénnek az expresszióját, továbbá olyan gének megnyilvánulását is, amelyek a hidegadaptációban játszanak szerepet. Igazoltuk, hogy a transzgén konstitutív működésének hatására néhány hideg-indukálható gén expressziója megnövekedett hideg-stressz alkalmazása nélkül is, tehát a transzgén valóban fokozta a gének megnyilvánulását, ami megnövekedett fagyállósághoz vezetett. Hideg hatására a génexpressziós változások még kifejezettebbeké váltak.

Munkánk eredményeként igazoltuk, hogy a *CBF14* és *CBF15* gének fokozzák a fagyállóságot. A géncsendesítés céljára előállított vonalakkal jelenleg is folynak a kísérletek.

*Kutatásainkat az OTKA K 75528 sz. pályázat támogatta.*

## A hazai talajvédelmet szolgáló korszerű felvételezési és talajinformációs rendszer alapjainak kidolgozása

SZABÓ JÓZSEF - PÁSZTOR LÁSZLÓ - BAKACSI ZSÓFIA - DOMBOS MIKLÓS - LABORCZI ANNAMÁRIA

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Talajtani és Agrokémiai Intézet, Környezetinformatikai Osztály, 1022 Budapest Herman Ottó út 15.

e-mail: szabo.jozsef@agrar.mta.hu

A hazai talajtani adatbázisok térben, időben és tematikában eltérő felvételezések és kapcsolódó célzott mintavételezések szakmailag következetes, de feldolgozási struktúrájukat tekintve autonóm rendszerekben összegzett eredményei. Mivel alapvetően ugyanazt az objektumot jellemzik, csak más stratégiával, a vizsgált talajtulajdonság együttesek jellemzően hasonlóak, de számottevőek az adatrendszerek közötti eltérések is. Együttes alkalmazásuk, illetve nemzetközi rendszerekbe illesztésük igénye a környezeti információk iránti fokozódó elvárások növekedésével párhuzamosan nőtt. A talajban megfigyelhető és mérhető tulajdonságokra épülő, diagnosztikai szemléletű WRB-osztályozás talajleírásra vonatkozó adatigénye némileg eltér a korábbi, a hazai talaj felvételezésben hagyományosnak tekinthető leírási metodikától. Az országos térképezési-felvételezési munkák során eddig született adatok négy nagy - részben digitális formában feldolgozott - adatrendszerben összpontosulnak: Digitális Kreybig Talajinformációs Rendszer (DKTIR), Géczy-féle adatok (Géczy), tízezres üzemi genetikus térképezés adatai, illetve a Talajinformációs és Monitoring Rendszer pontadatai (TIM). Az eltérő adatrendszerek korrelált felhasználását a tartalmi elemek eltérésén túl az is nehezíti, hogy azok elérhetősége, megbízhatósága, feldolgozottsági állapota területenként eltérő. A hazai talajvédelmet szolgáló korszerű felvételezési és talajinformációs rendszer alapjainak kidolgozása érdekében a projekt során:

Elvégeztük a DKTIR adatbázisban tárolt talajszelvények adattartalmának a nemzetközi osztályozást (WRB) elősegítő rendszerezését, alkalmassá tettük az adatbázist a diagnosztikai elemek megfeleltetésével összefüggő származtatott adatok tárolására, kezelésére. A hazai talajtani adatbázisok nemzetközi és hazai harmonizációjának új megközelítéseként teszteltük az AGROTOPO és a Digitális Kreybig Talajinformációs Rendszer Talaj Magmodell alkalmazási sémájába való konverziójának lehetőségét. A tesztelt sémával a megfeleltetés részlegesen megvalósítható, a kiindulási adatbázisok térbeli objektumai azonban nem illeszthetők teljes mértékben az európai téradat infrastruktúra szerinti, elsődleges INSPIRE séma tervezetbe.

A négy legjelentősebb hazai talajtani adatbázisban tárolt adatok harmonizált felhasználása érdekében összesítettük és rendszereztük a tárolt információkat, kialakítottunk egy olyan meta-adat struktúrát, amely tartalmazza az egyes paraméterek definícióját, mértékegységét, vagy klasszifikált paraméter esetén annak tematikus tartalmát. A konzorciumi partnerekkel együttműködve, részt vettünk a WRB szerinti diagnosztikus egységek, valamint minősítők megfeleltetési sémáinak kidolgozásában. Megállapítottuk, hogy a nemzetközileg elfogadott WRB rendszer Magyarországon is releváns diagnosztikai elemekre vonatkozó követelmények milyen módon elégíthetők ki a hazai talajtani adatrendszerekben tárolt adatok alapján; illetve ha az adott diagnosztikai követelményre nincs, vagy nem egyértelmű az adatbázisból kiolvasható információ.

Létrehoztunk egy publikus on-line felületet, melyen a felhasználók négy, előre definiált adatstruktúrához igazodva, a saját talajszelvényeikre vonatkoztatott adataik alapján megállapíthatják, azok mennyiben alkalmasak a WRB diagnosztikai elemeivel való megfeleltetésre. A Kreybig, Géczy, illetve üzemi genetikus rendszerű adatbevitelnél a felvihető tartalom az adott, talajszelvények leírására használt adatrendszerben eredetileg tárolt paramétereknek megfelelő értéket vehet fel. A TIM, illetve általános (TIM-típusú) adatok kategóriája adatbeviteli szempontból a legkevésbé kötött, ennek választása esetén a legtöbb, hazai talajtani gyakorlatban előforduló megfigyelési/mérési adat felvihető az űrlapra. A létrehozott publikus felület minden diagnosztikai egység rövid leírásával és hozzáfűzött magyarázatokkal kiegészítve, a szelvényadatok konverzióján túlmenően a nemzetközi talajosztályozással kapcsolatos ismeretek terjesztését is szolgálja.

Mivel a korreláció során elvégzett harmonizáció és konverzió eredményei, illetve annak valószínűségi jellege a térbeli kiterjesztés specifikus módszereinek alkalmazását igényli, a hagyományos adatokból származtatott, diagnosztikus talajtulajdonságok térképezésére módszert dolgoztunk ki. Ennek központi eleme a nem-paraméteres, geostatistikai interpolációs eljárás, az indikátor krigelés, amelynek eredménye azt mondja meg, hogy egy interpolációs tér pontjaiban az indikátor érték mekkora valószínűséggel következhet be. Az eredményül kapott, nem hagyományos, digitális talajtérképek az adott diagnosztikai elem előfordulásának valószínűségét, annak megbízhatóságával együtt regionalizálják. A módszert egyrészt tisztán a DKTIR talajszelvény adatokra alapozva országosan, illetve a négy adatbázis integrált adataival a Gyöngyösi kistérség területén teszteltük.

## Balatoni halfajok és köztigazda szervezetek parazitológiai monitorozása

SZÉKELY CSABA<sup>1</sup> - CECH GÁBOR<sup>1</sup> - OSTOROS GYÖRGY<sup>1</sup> - HAFIZ BORKHANUDDIN<sup>1</sup> - KELEMEN OLGA - MAJOROS GÁBOR<sup>2</sup> - MOLNÁR KÁLMÁN<sup>1</sup>

<sup>1</sup>MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Állatorvos-tudományi Intézet, Halkórtan és Parazitológia Témacsoport, 1143 Budapest, Hungária krt. 21.

<sup>2</sup>Szent István Egyetem, Állatorvos-tudományi Kar, Parazitológiai és Állattani Tanszék, 1078 Budapest, István u. 2.

e-mail: szekely@vmri.hu

Amióta 1991 és 1995 között a Balatonban három nagyarányú angolnapusztulás zajlott le, világossá vált, hogy a Balaton élővilágának, de elsősorban halainak rendszeres vizsgálata elengedhetetlen. Kutatómunkánk során ezért több OTKA kutatás formájában kettős feladatnak kívántunk eleget tenni. Rendszeresen monitoroztuk a Balaton legfontosabb halainak és azok táplálékszervezeteinek egészségügyi állapotát, valamint néhány tudományos szempontból érdekes élősködő, elsősorban Myxozoa-faj fejlődését és patogenitását tanulmányoztuk. A K 71837 sz. OTKA (2008-2012): Balatoni halfajok és köztigazda szervezetek parazitológiai monitorozása c. témához tartozó kutatásban a következő főbb részterületeken dolgoztunk, s értünk el eredményeket:

A dévérkeszeg kopoltyúján gyakori fertőzést okozó nyálkaspórások (Myxozoa) közül tanulmányoztuk a *Myxobolus rotundus* fajt, s ennek teljes fejlődésmenetét kísérletesen is reprodukáltuk, s az egyes fejlődési stádiumok DNS szerkezetét molekuláris módszerekkel tanulmányoztuk. Vizsgáltuk és leírtuk a dévérek szívében előforduló *Myxobolus dogieli* faj által okozott patológiai elváltozásokat. A vörösszárnú keszeg és a küsz belső szerveiből két új nyálkaspórás fajt, a *Myxobolus erythrophthalmi*-t és *M. shaharomae*-t írtuk le. A *M. macrocapsularis* és *M. bliccae* fajok példájával igazoltuk, hogy ezen élősködők gazdafajlagosak, és csak egy gazdán, vagy a legközelebbi rokon fajon képesek megtelepedni. A halvizsgálatokkal párhuzamosan tanulmányoztuk a Balaton iszapjában és növényzetén élő alternatív gazdákként szolgáló oligochatákban fejlődő aktinospóra stádiumok előfordulását, fajgazdagságát, és 18S rDNS vizsgálattal közülük többet azonosítottunk a halakból izolált spórákkal (*M. erythrophthalmi*, *M. shaharomae* és *M. fundamentalis*).

A pontyfélék, elsősorban a karikakeszeg szemében elváltozásokat okozó, eddig le nem írt *Sanguinicola* vérmétegy gyakori előfordulása felhívta a figyelmet a métegyfajok s azok lárvastádiumainak fontosságára. Balatoni kagylókból és csigákból, ezért, nagyszámú, jórészt még azonosításra váró fajt izoláltunk. Az ITS régió 900-1000 bp DNS régióját vizsgálva, néhány cercária-típus esetében génbanki adatok segítségével sikerült faji szinten meghatározni a mintáinkat. Említésre méltó a koromoránok belében élő métegyfajok cercáriáinak gyakori előfordulása puhatestűekben, és metacercáriának gyakorisága halakban.

Fontos feladatunknak tekintettük a Balatonba betelepített, illetve bevándorolt halfajok parazitafaunájának tanulmányozását. Úgy tűnik, hogy ezek alapján véve csak a specifikus élősködőjükkal fertőzöttek, s az őshonos állományok egészségét nem veszélyeztetik. Kivétel az angolna és a folyami géb. Az angolna élősködőjének, az *Anguillicoloides crassus*-nak a lárvái még mindig megtalálhatók egyéb balatoni halfajainkban, azonban ezeknek már nincs kórtani jelentőségük, s a féreg már az angolna állományt sem károsítja a korábbi módon. Ugyanakkor folyami gébben 2007-ben egy közel 70-80%-os prevalenciájú *Ligula* invázió jelentkezett, amely napjainkra 10% alá csökkent. Az őshonos halakban fertőzöttség nem mutatkozott.

A Balatonban május-június hónapokban évente lezajlik egy korlátozott létszámú keszegelhullás. Ezt mi a *Tracheliastes maculatus* bőrelősködő rák és az általa közvetített baktériumos szövődménynek tulajdonítjuk.

Az OTKA pályázatban részt vevő malakológus kollégánk elsőként mutatott ki a Balatonból három invazív kagyló fajt, a *Sinanodonta woodiana*-t, a *Dreissena bugensis*-t és a *Corbicula fluminea*-t. A három kagylófaj terjedését a Balatonban folyamatosan figyelemmel kísérjük. Felhívtuk a figyelmet az amuri kagyló (*S. woodiana*) atka-fertőzése nyomán valószínűsíthető, majd bekövetkező kagyló-elhullásokra.

Megemlítjük, hogy részben a K 71837. sz. OTKA kutatás adta feltételek biztosítottak lehetőséget arra, hogy malajziai és indiai, tenyésztett, illetve természetes vízi halakból számos új nyálkaspórás fajt írjunk le, valamint portugál együttműködésben részt vevyünk tengeri halfajokban élősködő nyálkaspórások fejlődésének kutatásában.

Nem érezzük magunkat autentikusnak a víruskutatásban, de rendszeres monitoring vizsgálataink során kerültünk kapcsolatba a 2011-ben lezajlott balatoni harcsaelhullással, amelynek során a begyűjtött moribund halakból egy eddig ismeretlen cirkovírust sikerült virológus kollégáinknak kimutatniuk.

# Mikrobiális biomassza változása szénbánya meddőn képződő talaj szukcessziósoron

SZILI-KOVÁCS TIBOR

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Talajtani és Agrokémiai Intézet, Talajbiológiai és Talajbiokémiai Osztály, 1022 Budapest, Herman Ottó út 15.

e-mail: szili-kovacs.tibor@agrar.mta.hu

Nagyon kevés vizsgálat történt a bányászati tevékenység során képződött meddőhányók felszínén fejlődő életközösségekkel kapcsolatban, pedig a bányászati tevékenység kapcsán világszerte hatalmas területek degradálódtak. Ugyanakkor ezek a területek kivételes lehetőséget jelentenek a primer szukcesszió tanulmányozására. Egy meddőhányó szubsztráton tanulmányoztuk a spontán szukcessziót, elsősorban az aktív mikrobiális biomassza, és a labilis C és N készletek mennyiségét négy jól elkülöníthető stádiumban egy 1-43 éves időszoron.

A kísérleti terület egy szénbánya melletti meddőhányón helyezkedett el (Sokolov, ÉNy-Bohémia, Csehország). A meddőhányó szukcesszió sorának négy stádiumát reprezentáló területről származó mintákat vizsgáltunk: 1. a kezdeti stádiumot frissen deponált meddő szubsztrát jellemzi, tömörödött agyagréteggel (harmadidőszaki "cypris" agyag), vegetáció nélkül. A lágyszárú vegetáció a 2. korai stádiumban (11-éves) már határozottan kifejlődik, a kompakt agyagréteg lemezekre töredezik, de a szubsztrát mikrostruktúráján állati tevékenység nyomai még nem látszanak. A középstádiumban (21-éves) a lágyszárú és cserje vegetáció jól fejlett, és 4 cm vastag fermentációs réteg van a felszínen és ezerlábú állatok jelenléte határozottan kimutatható. A késői stádiumban (43-éves) jól fejlett vegetáció fás növényzettel, vékonyabb fermentációs réteggel (2 cm), és kb. 7 cm vastag humuszréteggel rendelkezik, ami elsősorban a földigiliszták intenzív jelenlétének köszönhető. A talajmintákat a négy területről, 0-5 cm és 10-15 cm mélységekből vettük. A mintákból vizsgáltuk a szubsztrát-indukált respirációt (SIR), a vízdoldható szerves C és szerves N mennyiségét, a pH-t és az összes foszfolipid mennyiségét.

A meddő életkora szignifikánsan befolyásolta a pH-t, a SIR-t, a vízdoldható szerves C, és az összes foszfolipid mennyiségét ( $p < 0.05$ ). A pH csökkenése a felső rétegben sokkal erőteljesebb volt, mint az alsó rétegben, hasonlóan Šourková et al. (2005) éger kronoszekvencián történő vizsgálataihoz. A SIR a kezdeti és korai stádium között, továbbá a közép és késői stádium között nem tért el a 0-5 cm rétegben. Ez nagymértékben a talajlakó állatok megnövekedett talajkeverő tevékenységének tudható be. A mikrobiális biomassza fokozatos növekedéséről számoltak be mások is szénbánya meddő szubsztrátumon (Rumpel és Kögel-Knabner 2004; Šourková et al. 2005). A viszonylag nagy vízdoldható szerves C és N a meddő szubsztrátum kezdeti stádiumában ennek a harmadidőszaki fosszilis szerves anyagnak tudható be. Elhottová és mtsi. (2006) zsírsavakat viszonylag nagy mennyiségben és sokféleségben mutattak ki a kezdeti stádiumban, ami fosszilis mikrobiális eredetre utalhat, és a talajképződés kezdeti stádiumában ezek fontos szén és energiaforrást jelentenek a kolonizáló mikroorganizmusok számára. Érdekes módon a kezdeti időszakban a meddő 0-5 cm rétegében a heterotróf bakteriális közösség diverzitása sokkal nagyobb volt, mint a késői stádiumban, ami a szukcesszió során megnövekedett kompetíció következménye lehet az újonnan bekerülő friss szubsztrátok hatására (Krištůfek et al. 2006). Rumpel és Kögel-Knabner (2004) vizsgálatai szerint a lignit szénforrásként megnyilvánuló jelentősége a szukcesszió során csökken, ahogy a vegetáció kifejlődésével egyre több frissen szintetizált szubsztrát halmozódik fel a talajban.

A SIR-t az aktív mikrobiális biomassza jellemzésére használtuk a meddőhányó kronoszekvenciáján. A meddő szubsztráton a változások először a felső, 0-5 cm rétegben figyelhetők meg, később a 10-15 cm rétegben is, ami a vegetáció és a talajfauna fejlődésével mutat szoros összefüggést. A SIR jobban jelzi a talaj fejlődését, mint az összes szerves C, mivel ez utóbbi részben fosszilis eredetű. A vízdoldható szerves C és N szintén növekedett a kronoszekvencia során, ezáltal a dekomponáló közösségek számára megnövekedett könnyen hasznosítható szubsztrát növekedését jelezte.

*Kutatásainkat részben az NKTH-OTKA 68636 sz. pályázat, részben a MTA cseh-magyar bilaterális együttműködés támogatja.*

# Ciklomodulinokat és AB5 citotoxinokat termelő *Escherichia coli* törzsek és fágjaik molekuláris jellemzése

TÓTH ISTVÁN

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Állatorvos-tudományi Intézet, Enterális Bakteriológia és Alimetáris Zoonózis Témacsoport,

1143 Budapest, Hungária krt. 21,

e-mail: tothi@vmri.hu

A nagyfokú heterogenitást mutató *Escherichia coli* törzsek igen változatos virulencia mechanizmussal fejtik ki a hatásukat. Különösen fontos virulencia faktort jelentenek a baktériumok által termelt toxinok és effektorok. Jelen OTKA pályázat (K81252) keretében az eukarióta sejtek sejtciklusát moduláló két ciklomodulinnak, a citoletális duzzasztó toxinnak (CDT) és a "cycle inhibiting factor" (Cif) effektornak, valamint két AB5 struktúrájú citotoxinnak, a Shiga toxinnak (Stx) és szubtiláznak az elterjedtsége, terjedésük genetikai alapja és a toxintermelő törzsek molekuláris jellemzése képezi fő célkitűzéseinket. Mivel a fenti virulencia faktorok leginkább konvertáló fágok genomjában foglalnak helyet, ezért vizsgáltuk a törzsek lizogenitását és jellemeztük az *E. coli* törzsek által hordozott lítikus fágokat.

A négy citotoxin gén jelenlétét monitoroztuk összesen 267 állati és 258 humán eredetű pathogén és egészséges egyénekből izolált *E. coli* törzsből, az ECOR (n=72) referencia kollekciónban, 80 *Shigella sonnei* és 26 *S. flexneri* törzsből. Az stx gén jelenlétét detektáltuk 2 nem-O157 szerocsoportú szarvasmarha eredetű *E. coli* és egy *S. sonnei* törzsből. Összesen 13 cdt pozitív törzset azonosítottunk. Új eredményt jelentett, hogy az egy ECOR törzsből azonosítottuk a *cdt-I* gént, illetve a *cif* gént is detektáltuk. A megvizsgált törzsek egyike sem rendelkezett a subtiláz toxin specifikus génnel. Korábban azonosított és jellemzett extraintesztinális kórképekből származó 8 CDT-IV termelő baromfi eredetű *E. coli* törzsből kettő O53 és hat O115 szerocsoportúnak bizonyult. Ezen szerocsoportú törzsek esetében CDT-termelésről korábban nem számoltak be (Tóth és mtsai, 2012).

Vizsgálatainkba bevontunk egy már korábban jellemzett szarvasmarhából származó O157 törzs kollekción. Az atípusos (AT, *stx*-és *eae* negatív) *E. coli* O157 törzsek gyakran termelték a CDT egyik új variánsát (CDT-V), ezért részletes genetikai vizsgálatainkat főként a T22 jelzésű *E. coli* O157:H43 törzsszel végeztük. Mivel az AT O157 további potenciális virulencia faktora lehet a long poláris fimbría (Lpf) is, ezért vizsgáltuk azok elterjedtségét, típusait és klónoztuk, szekvenáltunk az *lpf* operont és határoló régióit a T22 törzsből. A vizsgált enterohaemorrhágis (EHEC) és enteropathogén (EPEC) O157 törzsek két *lpf* operont hordoztak és ezeknek az allél típusai is megegyeztek: *lpfA1/3* és *lpfA2/2* típus. A 9 szarvasmarha eredetű AT O157 törzs közül 7 rendelkezett egy teljes *lpf* operonnal, melynek a típusa *LpfA2/1* volt. Az AT törzsek az A és B1 filogenetikai csoportokba tartoztak, míg az EHEC és EPEC O157 törzsek a D filogenetikai csoportba (Sváb és Tóth, 2012). Ezen eredmények is megerősítik a korábbi megfigyeléseinket, miszerint az AT *E. coli* O157 törzsek filogenetikailag jól elkülönülnek a jellegzetes *E. coli* O157:H7/NM szerotípusú törzsektől, és egy vagy két jellegzetes rokoni vonalat képezhetnek (Tóth és mtsai, 2009). Az *lpf2-1* operon (*lpf2ABCD*) és annak határoló régiói szekvenciája erősen konzervatívnak bizonyultak. A detektált 6 SNP 2 aminosav cserét eredményezett (Sváb és mtsai, kézirat elbírálás alatt).

Meghatároztuk a T22 törzs *cdtABC-V* operonját és határoló régióinak nukleotid összetételét. Összesen 32,2 kb-t szekvenálva megállapítottuk, hogy a *cdt-V* operon egy P2-szerű, nem lítikus konvertáló profág genomjának a TO régiójában foglal helyet. Újdonságot jelent, hogy az *E. coli* P2-szerű profágjainak TO régiójában eddig a CDT-V az egyetlen igazolt virulencia-faktor (Sváb és mtsai benyújtás előtt).

Megállapítottuk, hogy az ECOR törzsek 91.6%-a (66/72) tartalmaz Sakai O157:H7 "specifikus" profág marker gént. Fágindukciós kísérleteket végezve összesen 16 ECOR törzsből izoláltunk lítikus fágot. A lítikus fágok baktérium gazda specificitása eltért, de mindegyik jól szaporodott *S. sonnei* törzsön is. Transzmissziós elektronmikroszkóppal demonstráltuk egy lítikus ECOR eredetű fágok propagáló baktériumhoz való tapadását és penetrációját.



## Dedifferenciált árpa sejtek hidegválasza: vizsgálatok kallusz tenyészeteken

VASHEGYI ILDIKÓ - MAROZSÁNNÉ TÓTH ZSUZSA - GALIBA GÁBOR - PETRE DOBREV -  
RADOMIRA VANKOVA - TÓTH BALÁZS

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Növényi Molekuláris Biológia Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: toth.balazs@agrar.mta.hu

A környezet hőmérsékletének rövid- és hosszabb távú megváltozása alapvetően befolyásolja a növények növekedését, fejlődését, termés hozamát és földrajzi elterjedését. Az alacsony hőmérséklet káros hatásaival szembeni védekezés, azok kivédeése, elkerülése tehát alapvető fontosságú a növényi szervezet túlélése és a sikeres magképzés szempontjából. Ez a mezőgazdasági művelésbe vont kultúrnövényeink esetében is meghatározó. A mérsékelt éghajlati övben termesztett őszi gabonafélék télállósága, valamint megfelelő termés hozama miatt nélkülözhetetlen az optimális hidegtűrés és fagyállóság elérése.

Alacsony hőmérséklet hatására az őszi gabonafélékben egyrészt hidegakklimációs folyamatok mennek végbe, melyek következtében (elsősorban a krioprotektánsok és a hősokkfehérjék felhalmozódása, valamint a membránlipid-összetétel megváltozása miatt) a növények ellenállóbbak lesznek az alacsony hőmérséklet káros fiziológiai hatásaival szemben. A folyamat meghatározó génextpressziós szabályozó eleme a CBF-COR rendszer.

A CBF-COR rendszer alapvető, pusztán az alacsony hőmérsékleti stimulus által befolyásolt működési sajátosságait őszi árpa sötétben nevelt, dedifferenciált, merisztemoid kallusz tenyészetekben kutattuk a szabályozó gének expressziós profiljának felvételével, illetve a speciális kísérleti anyag fagyállósági komponenseinek monitorozásával, valamint endogén hormonrendszerének vizsgálatával.

Kísérleteink során kidolgoztunk egy új rendszert 'Nure' genotípusú őszi árpa dedifferenciált, merisztemoid kallusz kultúráinak szövettenyésztésére, valamint fagytesztelésére. Kimutattuk, hogy a CBF9 és CBF14 gének, valamint a COR14b effektor gén hidegindukált aktivációjának karakterisztikája hasonló a csíranövények bokrosodási csomóiban, illetve a kallusz tenyészetekben, a COR14b indukció szintje kalluszban azonban alacsonyabb az intakt növényben mért értékekhez képest. A rövid és hosszabb távú hidegkezelés hatásának vizsgálata során megállapítottuk, hogy a fent leírt jellegzetességekre a szövettenyésztés során használt exogén auxinanalóg nincs hatással, a hidegindukált génextpressziós válasz mértékét azonban növeli. A hosszabb távú hidegedzés hatására kialakuló fagyűrés vizsgálata során megerősítettük, hogy a dedifferenciált szövettenyészetek edzhetőek. Auxinanalóggal történő kezelés esetén a fagyállóság mértéke magasabb volt. Megállapítottuk, hogy a szintetikus auxinanalóg kontroll körülmények között is növeli a stresszhormonok (abszizinsav, jazmonsav, szalicilsav) mennyiségét a kultúrákban. Kimutattuk, hogy az inaktív abszizinsav-katabolitok szintje hosszabb távú hidegedzés során jelentősen megemelkedett, ami korábbi ABA akkumulációra utal. Az auxinanalóggal történő kezelés nagyobb mértékű választ eredményezett, valamint a megemelkedett fagyállóságot mutató kultúrákban növelte a jazmonsav koncentrációját, a vizsgált endogén auxinformák hidegválaszára azonban nem volt számottevő hatással.

Az eredmények alapján megállapíthatjuk, hogy a fagyállóság kialakulását meghatározó CBF-COR rendszer hidegaktivációja alapvetően a differenciált sejt állapotól, valamint a funkcionálisan aktív kloroplasztiszokhoz köthető, fényindukált, illetve a szisztémás jelátviteli útvonalaktól függetlenül zajlik le. A válasz maximális szintjének eléréséhez azonban az említett folyamatokhoz köthető faktorok is szükségesek. A szövettenyésztés során használt exogén auxinanalóg (Dicamba) feltehetően inkább koindukációs hatású, a válasz kialakulását, lefutását nem, csak annak mértékét befolyásolja.

*Kutatásainkat az NNF 78866 sz. Norvég-OTKA és az OTKA K 84190 sz. pályázatok támogatták.*

## CpG Distribution and Methylation Pattern in Porcine Parvovirus

RENÁTA TÓTH - ÁDÁM BÁLINT - TIBOR RAUCH - RAJMUND STEFANCSIK - ENIKŐ SZÉNÁSI - ZOLTÁN ZÁDORI

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Állatorvos-tudományi Intézet, Funkcionális Virologia Témacsoport, 1143 Budapest, Hungária krt. 21.

e-mail: zadori@vmri.hu

The main form of epigenetic modifications in eukaryote genome is DNA methylation. CpG methylation is not only important in the regulation of the hosts' life processes, but it has a major influence on the lifecycle of DNA viruses as well. CpG dinucleotides are underrepresented in most of the small DNA viruses. This pattern was probably established by evolutionary pressure to avoid CpG-mediated immune responses and to decrease the direct interference of methylation on the transcription of viral RNAs and viral replication.

There are some well-established connections between persistent viral infection and CpG methylation in other virus families but not much is known about epigenetic modification in parvoviruses so we have decided to investigate the effect of CpG methylation to the life cycle of parvoviruses and especially of PPV by computational and experimental approaches.

To better understand the specialty and universality of PPV genome organization among parvoviruses, the GC content and CpG density of 41 parvoviruses from the parvovirinae subfamily were calculated and compared. The GC content of parvoviral genomes scales between 35% and 63%. PPV has one of the most AT rich (GC contents 38.3%) and most CpG depleted (25.6% observed/expected CpG ratio in the coding region) genome.

The NADL-2 strain of PPV contains 60 CpGs in its non-coding regions and 40 in the protein-coding sequences. The distribution of CpGs in the coding frames is not random. Similar ascendant tendency of CpG distribution by position can be observed in the majority of the parvoviruses but also in the viral hosts, e.g. in *Homo sapiens*. Since the distribution is independent of the absolute number of the CpGs in the viral genomes and similar distribution can be detected in hosts, which does not have CpG methylation (e.g. *Drosophila melanogaster*), most probably the particular pattern of CpG distribution is rather formed by the effect of coding bias and coding preference than by some unknown evolutionary effect of methylation machinery.

The small number of CpGs in the PPV genome implies an evolutionary pressure against this dinucleotide. To study the biological effects of the elevated CpG ratio, seven mutants were created. After transfection and infection the mutants tittered on permissive PT cells and semipermissive Cos7 cells. There was no significant difference in the infectivity of the mutant and the wild type viral stocks indicating that the extra CpG sites have no significant biological effects either on viral production or viral growth *in vitro*.

To establish the methylation status of the PPV genome the bisulfite conversion based PCR protocol was used, which allows the independent analysis of the methylation of the negative and the positive strands. Both the positive and the negative strand (which contained replicative and encapsidated DNA) proved to be hypomethylated suggesting that the PPV DNA is hypomethylated during entire life cycle of the virus including replication and packaging. 1-2% of the CpG sites on the cloned bisulfite treated PPV fragments remained resistant against C to T conversion indicating a rare occurrence of methylation on the PPV DNA. Since we were not able to decide by the cloning method whether the methylation status of PPV is zero or low level we "deep sequenced" the bisulfite treated PCR fragments which resulted that low level CpG methylation most probably occur on replicating PPV DNA. These data together with our observation that extra CpG sites in PPV do not interfere with PPV replication suggest that the depletion of the CpG sites in the PPV genome is rather the consequence of genetic drift than natural selection.

To investigate the effect of CpG methylation on the PPV replication, wild type and extra CpG containing mutant PPV genomes were *in vitro* methylated and their replication initiation capability was compared to bacterially cloned (DAM DCM methylated) and PCR amplified (non methylated) PPV genomes. The CpG methylated DNAs and their non CpG methylated counterparts were transfected into PT cells and their virus replication initiation capability was monitored by IF assay. In each case the CpG methylated DNA induced around 70% less viral infection in PT cells than the not CpG methylated control DNAs indicating that CpG methylation has a modest inhibitory effect on the PPV replication. The progeny viruses from CpG methylated PPV DNA transfected cells were collected and the methylation pattern of their DNA was examined. They were all found to be hypomethylated. These experiments strongly suggest that neither *de novo* DNMT3a and DNMT3b nor the maintenance DNMT1 methyltransferase can methylate replicating PPV DNA, and the lack of methylation is not restricted to the existing CpG sites: it is a generalized process which extends to the full PPV genome.

## Az emelt légköri CO<sub>2</sub> hatása az őszi búza szárazságtűrésére

VARGA BALÁZS - BENCZE SZILVIA - VEISZ OTTÓ

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Kalászos Gabona Rezisztencia Nemesítési Osztály, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: [varga.balazs@agr.mta.hu](mailto:varga.balazs@agr.mta.hu)

A légköri széndioxid koncentráció 2100-ra várhatóan 550-950 ppm közötti szintre emelkedik. A jelenlegi értékhez viszonyított kétszeres koncentrációig a gabonafélék fotoszintézis intenzitása és a szén-asszimilátumok felhalmozása fokozódhat, amennyiben a folyamatot a víz hiánya nem korlátozza. A globális klímaváltozás hatásaként a Kárpát-medencében azonban a csapadék éven belüli átrendeződése várható, ami a tél 23-37%-kal (A1-B2) csapadékosabbá és a nyár 20-27%-kal (A2-B2) szárazabbá válását jelenti, míg az átmeneti évszakokban nem várható jelentős csapadékmódosulás. A tavaszi és őszi csapadék hasznosulása szempontjából az, hogy nem várható jelentős csapadékváltozás, relatív felvehető vízkészlet-csökkenést eredményezhet a fokozódó evapotranspiráció miatt.

A kalászosokat a várható vízhiány növekedés ugyan csak kisebb mértékben érinti, hatásai azonban így is jelentősek lehetnek. A káros következményeket tovább csökkentheti az emelkedő széndioxid szint, mivel a magasabb koncentráció hatékonyabb szerves anyag előállítását, így magasabb terméseredmények elérését teszi lehetővé.

Kísérleteink során a Magyar Tudományos Akadémia Agrártudományi Kutatóközpont Mezőgazdasági Intézet Fitotronjában két PGV-36 típusú klímakamrájában két *Triticum aestivum ssp. aestivum* fajta, az Mv Mambó és az Mv Regiment szárazságstresszre adott válaszreakcióit vizsgáltuk normál (350 ppm), valamint emelt (750 ppm) széndioxid koncentráció mellett. A vízmegvonást három fenofázisban, a szárba induláskor, kalászoláskor, valamint a tejesérés időszakában vizsgáltuk. A 17×22 cm-es cserepekben lévő 3000 cm<sup>3</sup> talaj nedvességtartalmát talajnedvesség mérővel folyamatosan nyomon követve a 3-7 napig tartó teljes vízmegvonás hatására a talaj kezdeti 20-25 v/v% víztartalmát 3-5 v/v%-ra csökkentettük. A felnevelt állományokban fenológiai és termésjellemzőket hasonlítottunk össze, a különböző fenofázisok, valamint a különböző széndioxid koncentrációk figyelembe vételével.

Az Mv Mambó biomassza produkciójának jelentős növekedését figyeltük meg a kontroll, valamint az éréskor vízmegvonással kezelt állományokban, míg az Mv Regiment minden esetben biomassza-növekménnyel reagált a megemelt légköri CO<sub>2</sub> szintre. A produktív hajtásszám az Mv Mambó esetén az éréskor stresszhatásnak kitett állományban növekedett, míg szárbainduláskor kezelt populációban csökkent a széndioxid kezelés hatásaként. Az Mv Regiment kalászszáma a szárbaindulás-kori kezelés kivételével minden esetben növekedett, viszont a termésmennyiség vizsgálata során a kontroll és a kalászás-kori kezeléseken kismértékű növekedést, a szárbaindulás és a tejesérés időszakában kezelt növényeknél a termésmennyiség szignifikáns csökkenését állapítottunk meg. Az Mv Mambó természintje az érési időszak kivételével minden kezelés esetén szignifikánsan csökkent. Az emelt CO<sub>2</sub>-nak nem volt hatás a szemszámra sem az Mv Regiment, sem az Mv Mambó esetén a szárbaindulás és a kalászás idején alkalmazott vízmegvonás hatására, viszont az érési időszakban jelentős szemszám-növekményt tudtunk kimutatni mindkét fajta esetén. Hasonló eredményt kaptunk az ezerszemtömeg vizsgálata során is, azzal a különbséggel, hogy az Mv Regiment minden kezelés esetén magasabb ezerszemtömeget rendelkezett a normál CO<sub>2</sub>-on nevelt állományhoz képest.

*Kutatásainkat az OTKA K 63369 sz. pályázat támogatta.*

## Az őszi durum búza sárgapigment-tartalmának vizsgálata hagyományos és molekuláris módszerekkel

VIDA GYULA - KARSAI ILDIKÓ

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Mezőgazdasági Intézet, Kalászos Gabona Rezisztencianemesítési Osztály

2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

e-mail: vida.gyula@agrar.mta.hu

Kutatásaink során az őszi durum búza kiemelkedően fontos feldolgozóipari tulajdonságát, a sárgapigment-tartalmat tanulmányoztuk. Erre a célra egy korábbi OTKA pályázatban létrehozott (K38044), a PWD1216 (nagy sárgapigment-tartalmú) és az MvTD10-98 (kis sárgapigment-tartalmú) törzsek keresztezéséből származó 228 rekombináns beltenyésztett törzsből álló populációt használtunk. Molekuláris vizsgálatokkal a sárgapigment-tartalommal kapcsolt kromoszóma régiókat és DNS szintű markereket azonosítottunk. A szántóföldi és a technológiai minőségi vizsgálatokat a 2007 és 2011 közötti időszakban 5 éven keresztül végeztük. Kísérleteinkben a sárgapigment-tartalommal igen szorosan kapcsolt ( $r > 0,98$ ) sárga indexet mértük Minolta CR-300 színmérő készülékkel három ismétlésben.

Eredményeink alapján az évjárat jelentősen befolyásolja a durum búza törzsek átlagos sárga indexét. A variancia komponensek vizsgálata alapján ez a tényező a rendszer teljes varianciájának 55,19%-át határozta meg. Az átlagos sárga index érték az 5 év során folyamatosan csökkent (2007: 24,58; 2008: 22,85; 2009: 21,44; 2010: 20,00; 2011: 18,91; SzD5%= 0,04). A durum búza törzsek sárga indexe között is statisztikailag igazolható különbség volt kimutatható ( $MQ=38,802^{***}$ ). A legkisebb és a legnagyobb sárga indexű törzs közötti eltérés valamennyi évben meghaladta a 8,5-es Minolta  $b^*$  értéket, ami a technológiai minőséget tekintve megbízhatóan széles intervallumot jelent. A törzsek 5 évben mért átlagos sárga index értéke a normál eloszlásnak megfelelően alakult. A többéves adatok alapján kiválasztottunk 182 törzset a részletes molekuláris vizsgálatok elvégzéséhez. A populációméret csökkentése a DArT markerezés specialitása miatt vált szükségessé, ugyanis e vizsgálatnál egy meghatározott tálcá típuson kell a DNS mintákat a szolgáltatást végző céghez eljuttatni. A DArT elemzést követően néhány további törzs kizárása vált szükségessé a markerek torzított hasadása miatt. A genetikai tulajdonságok térképezéséhez használt populáció a két szülővel együtt összesen 170 genotípust tartalmazott. E részpopuláció 5 év adata alapján számított átlagos sárga indexe 21,475 volt. A legnagyobb sárga indexű törzs mintáiban átlagosan 25,791, a legkisebbében 17,815 átlagos Minolta  $b^*$  értéket mértünk. A Kolmogorov-Szmirnov teszt alapján a részpopuláció törzseinek sárga indexe is normál eloszlású volt ( $Z=0,646$ ;  $P=0,799$ ).

A populáció marker kapcsoltsági térképének elkészítéséhez alapvetően két markerezési eljárást alkalmaztunk, az AFLP és a DArT módszert. Az AFLP esetében 6 primer pár kombinációt futtatunk le a 182 törzsből álló populáción, amely összesen 153 polimorf fragmentumot eredményezett. Az AFLP markerek esetében nem ismert előzetesen azok kromoszómális elhelyezkedése, amely alapvető a kapcsoltsági csoportok kromoszómákhoz rendelésében. E probléma kiküszöbölésére a populáció DNS mintáit DArT módszerrel is vizsgáltuk. A mintegy 2000 durum búza specifikus próbával végzett tesztelés összesen 408 polimorf DArT markert eredményezett. A térképezés előtt kizártuk azokat a markereket, amelyek erős szegregációs torzulást mutattak. Ez a markerek 11%-át jelentette a módszertől függetlenül. Az összesített marker adatbázison a JoinMap 4.0 programmal elkészítettük a populáció marker kapcsoltsági térképét, amely összesen 462 markert tartalmaz 21 kapcsoltsági csoportban, 1784 cM rekombinációs távolságot lefedve. A térkép alapját 347 DArT marker biztosítja, amely lehetővé tette a 21 csoport 14 kromoszómához történő rendelését. Az ismert kromoszóma lokalizációval rendelkező 258 DArT marker mennyiségének átlagosan 85%-a volt rendelhető ugyanahhoz a kromoszómához a PWD1216×MvTD10-98 populációban.

A QTL elemzés eredménye alapján a populációban a sárga index esetén 4 kromoszóma régió hatása bizonyult szignifikánsnak az 1B, 3B, 5B és a 7A kromoszómákon, amelyek a fenotípusos variancia 7,3 - 17,3 %-át magyarázták egyenként. A 7A kromoszóma rövid karjának disztális végén elhelyezkedő lókusz bizonyult a legnagyobb hatású régióknak. A 3B és a 7A régiók hatása valamennyi évben bizonyítható volt. Mindegyik esetben a nagy sárgapigment-tartalmú PWD1216 szülői allél növelte a törzsek sárgapigment-tartalmát.

Az AFLP vizsgálatok során 157 polimorf fragmentumot azonosítottunk, melyekből 6 db volt kapcsolt a sárgapigment-tartalommal. Ezek közül 3 az 1B kromoszómán, 1 az 5B kromoszómán azonosított sárgapigment QTL régióhoz közel helyezkedett el, egy polimorf termék (AGGA202) pedig közvetlenül a 3B kromoszóma hosszú karján elhelyezkedő QTL csúcspan volt található. Egy, még az OTKA K38044 pályázatban azonosított RAPD marker (OPZ17<sub>1500</sub>), a 7A QTL csúcstól 25 cM távolságra térképeződött.

*Kutatásainkat az OTKA K 68127 sz. pályázat támogatta.*

## ***Bordetella bronchiseptica* virulencia tényezői és gazdafaj adaptációja**

WEHMANN ENIKŐ - MAGYAR TIBOR - KHAYER BERNADETT

MTA Agrártudományi Kutatóközpont

Állatorvos-tudományi Intézet, Légzőszervi Bakteriológia Témacsoport, 1143 Budapest, Hungária krt. 21.

e-mail: wehmann.eniko@agrar.mta.hu

A *Bordetella bronchiseptica* világszerte elterjedt, széles gazdaspektrummal rendelkező Gram-negatív baktérium. Kiemelt szerepe van a sertések torzító orrgyulladásának kóroktanában, a betegség súlyos gazdasági károkat okoz a modern sertéstartásnak. A kórokozó képes megbetegíteni kutyákat (kennel köhögés), légzőszervi megbetegedéseket okozhat nyulaknál és macskáknál, valamint további emlős gazdafajokban is előfordulhat, hol tünetmentesen, hol betegséget okozva (pl. tengerimalac, ló). Az utóbbi években szórványos humán fertőzésekből is izolálták, elsősorban immunszuppresszált egyéneknél.

A *B. bronchiseptica* a virulencia faktorok széles tárházával rendelkezik (különböző adhezinek és toxinok). Vizsgálataink célja annak felderítése, hogy létezik-e a *B. bronchiseptica* virulencia tényezőinek gazdafaj specifikussága (gazdaadaptáció). Ennek eldöntésére különböző gazdafajokból, eltérő földrajzi területről és időszakból származó *B. bronchiseptica* törzsek (43 sertésből, 38 kutyából és 4 macskából származó, továbbá 7 humán törzs) fimbriát, flagellint és adenilát-cikláz-hemolizin toxint kódoló géneit vizsgáltuk PCR-RFLP módszerrel.

A fimbriák elősegítik a kolonizációt, illetve nélkülözhetetlenek a tartós kolonizáció fenntartásában. A *fimA* PCR-RFLP elemzésére saját tervezésű rendszert dolgoztunk ki. A törzseket *HincII* és *SalI* enzimekkel vizsgálva nem tapasztaltunk eltérést, azok egységesek voltak.

A baktérium mozgásképesége nélkülözhetetlen a gazdaszervezeten kívüli túlélésében, továbbá a kórokozó csillói (flagellinek) segítik a nyálkahártyához való tapadást, az adhéziót is. A *B. bronchiseptica*-nál két lókuszt felelős a motilitásért: az egyik a *flaA*, amely a flagellint, mint szerkezeti fehérjét kódolja, a másik a *fliA*, mely szabályozó funkciókat lát el. PCR-RFLP vizsgálataink során a *flaA* hasítása 3 restrikciós endonukleázzal (*HincII*, *BglI* és *MspI*, irodalmi adatok alapján) történt. Eddig összesen nyolcféle hasítási mintázatot (A-H) mutattunk ki. A hazai sertésekből származó törzsek a B-típusra jellemző képet adták, míg a külföldi eredetűeknél három típus is előfordult (A-, B- és C-típus). A kutya eredetű törzsek 89%-a A-típusú volt. Ezzel szemben a humán törzsek nagyfokú változatosságot és egyedi fragmentum-eloszlást mutattak. A hazai izolátum (F-típus) eltérő mintázatot mutatott a külföldi törzsekhez képest (A-, C és D-típus). Kimutattuk, hogy szűk földrajzi környezetben a gazdaadaptáció jegyei fellelhetők. Eredményeink alapján kijelenthetjük, hogy az általunk alkalmazott módszer a későbbiekben járványtani kutatások alapjául is szolgálhat.

Az adenilát-cikláz-hemolizin toxin (ACT) tulajdonságait saját tervezésű PCR-RFLP rendszerben elemeztük. A *cyaA*, *HincII*, *NarI* és *SalI* restrikciós enzimekkel 4 típusra tagolható. A vizsgált törzsek 70%-a azonos mintázatot adott (A-típus), a gazdafajhoz való adaptálódás jegyei nem voltak felismerhetők. A sertés és macska eredetű törzsek A-típusúak voltak, egy külföldi sertés eredetű törzs kivételével (D-típus). A humán eredetű törzsek 3 típusba voltak sorolhatók (A-, B- és D-típus). Kimutattuk, hogy a hazai kutya eredetű törzseknél hiányzik a *cyaA* gén, az ACT-t kódoló gének helyére pedig egy ún. peptid transzportért felelős génszakasz (*ptp*) épült be. Ezzel szemben a külföldi kutya eredetű törzseknél három típus is előfordult (A, B és D). Az irodalomban eddig ellentmondó adatok születtek az ACT fertőzésben betöltött szerepéről. Úgy tűnik, hogy a hiányában is zavartalanul el tud szaporodni és megfelelő megbetegítő képességgel rendelkezik a baktérium, de a szerepe nem olyan kiemelt, ahogyan azt korábban gondolták.

## TITOKTARTÁSI FELHÍVÁS

Az ATK Tudományos Nap konferencia valamennyi előadásán elhangzó, nyomtatott anyagban megjelenő vagy egyéb módon ismertett, nem publikált kutatási eredmény, találmány, egyéb műszaki információ és adat a konferencia résztvevőire korlátozott számú személynek kerül átadásra. Az itt elhangzottak vagy leírtak törvényes jogosultjaik kizárólagos szellemi tulajdonát képezik, és a konferencia zárónapjától számított 30 napon belül csak a jogosultak engedélyével használhatók fel vagy hozhatók nyilvánosságra. Az engedély nélküli felhasználás vagy nyilvánosságra hozatal a találmányok szabadalmi ol-talmáról szóló 1995. évi XXXIII. tv. 3.§. (2) bekezdésének a) pontja értelmében nem jelenthet újdonságrontást későbbi szabadalmi bejelentésekkel szemben.



