

A GÉNÁTÜLTETÉS ALKALMAZÁSA: A KORSZERŰ NÖVÉNYVÉDELEM ÚJ LEHETŐSÉGE

Balázs Ervin—Gáborjányi Richard
MTA Növényvédelmi Kutatóintézete, Budapest

A rekombináns DNS-ek molekuláris klónozásának lehetősége forradalmasítja a modern biológiát. A növényi kórokozó vírusok, baktériumok és gombák potenciális genetikai átvivőként való alkalmazása új lehetőséget teremt a növénynevelés és növénypatológusok számára, egyben új megállapítások és módszerek kidolgozását jelentheti a növényvédelem kérdéseinek megoldásában.

Az intenzív mezőgazdasági termelés a növényvédelem számára egyre újabb feladatokat ad. A természet növényvédőszer-befogadó képessége korlátozott. A járványok fellépése, a kultúrnövények gyomirtószer-érzékenysége, az eddig rezisztens fajtákat is megbetegítő kórokozók, növényvédő szerekkel szemben ellenálló rasszok és biotípusok megjelenése mind újabb és újabb kihívást jelent. Az elmúlt évtized biokémiai, molekuláris biológiai felfedezései, módszerei lehetőséget nyújtanak a most már sürgősen megoldandó feladatok elvégzésére. Az új módszerek közül a génátültetésnek a növényvédelemben is kiemelkedő jelentősége van.

Ezen a területen már a közeljövőben is várható néhány nagy eredmény. Így a rekombináns DNS technikával olyan talajbaktériumok állíthatók elő, melyek a növényvédő szereket lebontják. A herbicid ellenállóságot hordozó gének átültetésével például atrazin rezisztens szója fajták állíthatók elő. Számos laboratóriumban dolgoznak azon, hogy kultúrnövényeinkben vírusellenállóságot alakítsanak ki, vagy olyan specifikus toxinokat termelő kórokozókat állítsanak elő, melyekkel kultúrnövényeinket megvédehetjük más kórokozóktól és kártevőktől. Ezeket a feladatokat az alábbiakban vázolt rekombináns

DNS technika alkalmazásával és a „lefegyvertett”, azaz betegséget már nem okozó növényi vírusok, baktériumok és gombák segítségével lehet megoldani.

A rekombináns DNS készítési elve

A hetvenes évek mikrobiológiai és molekuláris biológiai felfedezései lehetővé tették, hogy az élővilág örökletes anyagát, a dezoxiribonukleinsavat (DNS) szinte tetszés szerinti módosíthatóság kísérleti körülmények között. Az új biokémiai módszerekkel meghatározható a DNS elsődleges szerkezete is. A bevezetőben vázolt, néhány már megvalósulóban levő kísérleti eredményt számos, különböző úton végzett génátültetési módszerrel érték el. Ezek elvét a következőkben foglalhatjuk össze.

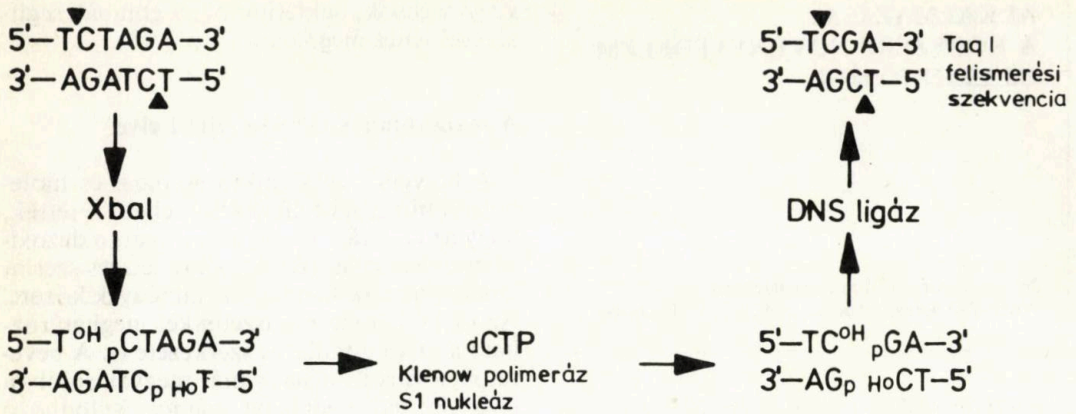
A ma már több száz ún. restriktív enzim segítségével a kettősszalú dezoxiribonukleinsavakat adott felismerési szekvenciánál feldarabolhatjuk (1. ábra). A restriktív enzimeket, mint nevük is mutatja, különböző kék és zöld algákból, baktériumokból izolálták (pl. Eco—R1—*Escherichia coli*, Pvu II—*Proteus vulgaris*, Xma II—*Xanthomonas malvacearum*. Ava I—*Anabaena variabilis*). Ahányszor egy adott DNS-ben az enzim által felismert nukleinsav szakasz előfordul, annyiszor hasítja az illető enzim a DNS-t. A különböző enzimek a DNS-t eltérő módon is vághatnak, egyrészt úgy, hogy a vágás végtermékeként a szál kettős marad, míg más esetben egyszálú DNS végződéshez jutunk. Ez utóbbi lehet szimmetrikus és aszimmetrikus.

A vágott nukleinsavak összekötését a szinten minden élőlényben előforduló ligáz enzimekkel végezhetjük el. *In vitro* körülmények között is összeköthetők ezek a nukleinsavak a T4 DNS ligázzal, vagy az *Escheria coli* DNS-ligázzal. A ligáz a nukleinsav 5' végző-

Enzim	Felismert szekvencia		
	hasító helye	és	eredménye
Pvu II	5'-CAGCTG-3' 3'-GTCGAC-5'	→	5'-CAG ^{PH} 3'-GTC _p + _p CTG-3' HO GAC-5'
EcoRI	5'-GAATTC-3' 3'-CTTAAG-5'	→	5'-G ^{PH} 3'-CTTAA _p + _p AATTC-3' HO G-5'
AvaI	5'-CPyCGPuG-3' 3'-GPuGCPyC-5'	→	5'-C ^{PH} 3'-GPuGCPy _p + _p PyCGPuG-3' HO C-5'

1. ábra. DNS-t hasító néhány restriktív endonukleáz felismerési szekvenciája és a lánchasítás eredménye

Új restrikciós szekvencia kialakítása

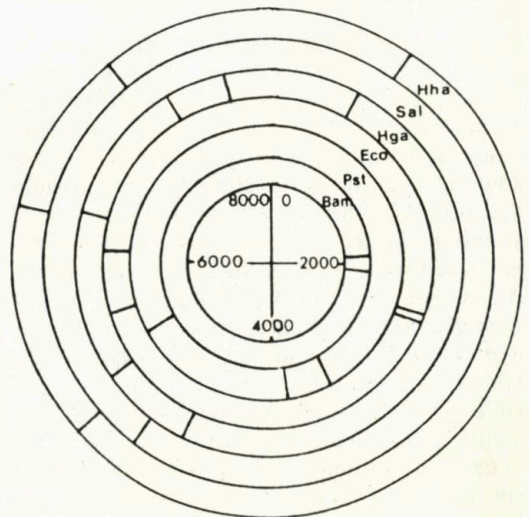


2. ábra. Új restrikciós szekvencia kialakítása a DNS hasításával, illetve összekötésével

désének foszfát csoportja és a 3' vég hidroxil csoportja között az eredeti összeköttetést internukleotid foszfodiészter kötésben állítja vissza. Anélkül, hogy a két enzimatis reakciót (összekötés és hasítás) részleteiben is tárgyalnánk, a 2. ábrán vázoljuk egy DNS vágás és összekötés lépéseit. Az összekötéssel új restrikciós enzim felismerési szekvenciát alakíthatunk ki. A vágás eredményeként létrejövő egyszálú DNS végződéseket S1 nukleázal eltávolíthatjuk (az S1 nukleáz csak az egyszálú nukleinsavakat hasítja, míg a ketősszálú részeket érintetlenül hagyja), majd a ligázzal újra kialakítjuk a DNS molekulát. A fenti, röviden vázolt módszerrel elvileg különböző eredetű DNS-ek, szinte tetszés szerinti kialakítása lehetséges (SINGER 1979). Ez az alapja a növénypatogén organizmusokkal végzett génátvitelnek is.

Az így kialakított új DNS, a rekombináns DNS, amelynek egy része az ún. klónozott, vagy vivő DNS, más néven (genetikai) vektor. Ha az utóbbi vektor egy baktériumból származó plazmid (extrakromozómális cirkuláris, kis molekulatömegű DNS) vagy bakteriofág DNS, akkor lehetővé válik, hogy adott gazdaszervezetben a teljes rekombináns DNS-t felszaporítsuk (amplifikáljuk). Ezek a DNS-ek a klónok, ami azt jelenti, hogy a felszaporított DNS-ek szekvenciája azonos az anya DNS bázissorrendjével. Abban az esetben, ha a vektor ribonukleinsav (RNS), akkor az első feladat az, hogy reverz transzkriptáz (RNS-ről DNS-t szintetizáló enzim) segítségével komplementer DNS szá-

lat, tehát az RNS-nek megfelelő bázisösszetételű DNS-t állítsunk elő. Ezek a lépések elméletben mind egyszerűek, végrehajtásuk azonban egy sor különleges feladatot jelent.



Cabb D/H

3. ábra. A kelvirág mozaik vírus (CaMV) magyarországi törzsének nukleinsav hasítási térképe

Bam HI — *Bacillus amyloliquefaciens*

Pst—1 — *Providencia stuartii*

Eco—R1 — *Escherichia coli* RY 13

Hga 1 — *Haemophilus gallinarum*

Sal 1 — *Streptomyces albus*

Hha 1 — *Haemophylus haemolyticus*

Ismert tulajdonságot kódoló gén vagy vivő DNS izolálása megkívánja mindkét nukleinsav elsődleges szerkezetének meghatározását is. Ennek első lépése a restriktációs enzimekkel végzett hasítási térkép elkészítése. Ilyen hasítási térképet mutat be a 3. ábra is.

Ha az ismert gént más gazdaszervezetbe akarjuk átvinni, akkor egy vivő DNS vektort kell a génhez kapcsolni, majd a közös DNS-t az összekapcsolás után felszaporítani valamely szervezetben, például baktériumokban. Ezekhez a rekombináns DNS szálakhoz olyan szakaszt kell kötni, ami képes megfertőzni azt a magasabb rendű növényt, amelybe az új hasznos tulajdonságot bejuttatni kívántuk. Erre a feladatra éppen a növényi kórokozók tűnnek a legmegfelelőbbnek, hiszen ezek fertőzőképesek, és a gazdanövényben elszaporodnak. A három nagy kórokozó csoportot (vírusok, baktériumok és gombák) sorba véve ismertetjük felhasználásuk lehetőségét.

A növényi vírusok szerepe a génátültetésben

Egyszálú RNS vírusok, mint genetikai vektorok

Génátültetésre elméletileg minden növényi vírus felhasználható. Tekintettel arra, hogy a növényi vírusok túlnyomó többsége egyszálú ribonukleinsavat tartalmaz, így azoknak felhasználása csak úgy lehetséges, hogy *in vitro*, komplementer DNS szálal állítanak elő (HULL and DAVIES, 1983). A komplementer DNS szál fertőzőképességét bizonyítani kell. Elvileg ez nem kizárt, hiszen az állatot fertőző egyes RNS vírusok esetében már igazolták a komplementer DNS fertőző voltát.

Az egyszálú RNS vírusok nagy száma lehetővé teszi, hogy olyan vírust válasszunk, mely az adott génátültetési feladatnak legjobban megfelel. A kiválasztás alapja lehet: a szűk, vagy épp a tág gazdanövénykör; szükséges, hogy a vírus a kiválasztott gazdanövényben kellően szaporodjon; lehetőleg tünetmentesen működjön, vagy csak enyhe tüneteket okozzon; rovarokkal ne terjedjen, stb. Előnyös a helikális, vagy bacillus formájú virion is, e struktúra nem korlátozza az átültetendő nukleinsav nagyságát.

Az egyszálú RNS vírusok általában 3—10 fehérje szintéziséhez szükséges információt

tartalmaznak. Ez az információ gyakran két vagy három RNS molekulában található. Az ilyen, multikomponensű vírusok főleg az osztott genom miatt nagyon alkalmasnak látszanak a génátültetés céljaira (BALÁZS és GÁBORJÁNYI, 1984). A növényi vírusok e csoportjában az RNS szálak a köpenyfehérjével külön burkolódnak be. E kedvező tulajdonságból következik, hogy *in vivo* és *in vitro* körülmények között egyaránt rekombináns vírusokat lehet előállítani, azaz a vírustörzsek között a komponenseket kicserélni (DAVIES, 1979). Ezeket az izolátumokat pszeudo-rekombinánsoknak nevezzük. Egy tripartikulumú vírus három törzsét használva elvileg 24 rekombináns kaphatunk, ami nagy evolúciós előny, s különösen azért jelentős, mert a rekombináns frekvencia RNS szinten nagyon alacsony. A multikomponensű vírusok másik előnye, hogy a különböző megnyilvánulása mind időben, mind helyben külön szabályozott. A multikomponens vírusok génátviteli felhasználása még két szempontból is előnyös: egyrészt az RNS replikációt hordozó genomot nem kell változtatni, a transzkripciót szabályozó szekvenciákat és a translációt szabályozó szignálokat külön, egymástól függetlenül lehet módosítani; másrészt a különböző vírusfehérjék funkciója nem korlátozódik a saját RNS-re.

A felsoroltak alapján az egyik legkedvezőbbnek látszó vektor a lucerna mozaik vírus (alfa mozaik vírus, AMV), amelyben a genom három partikulumban helyezkedik el. Az 1. és 2. számú RNS együttesen képes szaporodni, míg a 3. számú RNS-be elvileg egy idegen gén bekötése lehetséges. E körülmény lehetőséget ad a génátültetésre. A vírus további előnyös tulajdonsága, hogy a virion bacillus alakú, gazdanövényköre széles és számos gazdaságilag fontos növényben szaporodik (Cf. NASSUTH, 1982).

Az RNS vírusok egy része, az ún. szatellit RNS-el együtt szaporodik. A vírus szaporodásához mindig szükség van a „segítő” (helper) vírus jelenlétére. Ezek az esetek a természetben előforduló génátvitelnél felelnek meg. A szatellit vírusok közé tartozik a dohány nekrotikus vírus szatellit vírusa (satellite TNV; STNV), vagy az uborka mozaik vírussal (cucumber mosaic virus; CMV) együtt burkolódó CARNA 5-nek nevezett kis molekulatömegű RNS is. Az utóbbi a különböző gazdanövényekben eltérő mennyiségben kép-

zódik, s jelentős mértékben befolyásolja a betegség tüneteit. Felhalmozódása a paradicsomban például súlyos csúcsnekrózist és a növény teljes pusztulását idézi elő (KAPER és WATERWORTH, 1977). A helper, azaz segítő vírusokkal elvileg szintén hasznos tulajdonságokat lehet átvinni.

Speciális és nagyon ígéretes vektoroknak tekinthetők a viroidok (cikluláris, kis molekulatömegű, fehérjeburok nélküli növénypatogén ribonukleinsavak) is (BALÁZS, 1981). Előnyük, hogy a sejtmagban szaporodnak. A klónozott komplementer DNS fertőzőképességük bizonyult. A viroidok génebézési használhatósága szempontjából hátrányos, hogy nem kódolnak fehérjét, így a transzlációt iniciáló és termináló szignálokat az idegen átültetendő génnel együtt kell bekötni a nukleinsavba.

Kettős szálú DNS vírusok

A rekombináns DNS kutatás terén elért legutóbbi eredmények előtérbe helyezték a kettős szálú DNS vírusok, mint potenciális génátvivő vektorok kutatását. Ennek köszönhetően ma már részletes adataink vannak a kettős szálú DNS genomú *Caulimovirusok* típus-vírusának, a kelvirág mozaik vírusnak (cauliflower mosaic virus, CaMV) szerkezetéről (BALÁZS és GÁBORJÁNYI, 1984). A vírus a keresztesvirágú növények egyik fontos kórokozójaként ismert. A virion 50 nm átmérőjű $22,8 \times 10^6$ dalton molekulatömegű. Ebből a DNS molekulatömege $4,8 \times 10^6$ dalton; mintegy 8000 bázispárból álló, fertőző cikluláris DNS. Az előzőekben ismertetett restriktív enzimekkel ma már mintegy 35 CaMV törzsről vannak restriktívós térképeink. A hazai flórában előforduló virustörzs (HORVÁTH *et al.*, 1980) restriktívós térképének néhány adatát közöljük a 3. ábrán. A vírus DNS akár cikluláris, akár pedig lineáris (pl. az enzimmel történt vágás után) formában fordul elő, fertőzőképes. A vírus DNS elsődleges szerkezetének ismeretében tudjuk, hogy a DNS mintegy 85%-a fehérjét kódol, míg a nem kódoló nukleinsav szakaszon található a transzkripciót iniciáló és termináló szekvenciák. A virustörzsek közül ismerünk olyat is amelyből mintegy 400 bázispár hiányzik. Ez a hiány alkalmassá teszi az adott virustörzset arra, hogy a genomba egy kb. azonos nagyságú idegen nukleinsav darabot lehessen bekötni anélkül,

hogy a DNS beburkolódását befolyásolnánk. Napjainkig azonban mindössze 8—250 bázispárnyi idegen DNS átültetése volt sikeres. Nagy a valószínűsége, hogy éppen a meghatározott nagyság miatt az egész vírus nem lesz univerzális vektornak alkalmas (HOHN és HOHN, 1982). Ígéretesnek mutatkozik azonban arra, hogy a DNS bizonyos szekvenciáit, pl. a transzkripciót iniciáló és termináló szignálokat felhasználhatjuk egy új típusú vektor kialakítására.

Egyszálú DNS vírusok

A *geminivirusok* (ikerpartikulummal rendelkező vírusok), gazdaságilag fontos növénycsaládok ismert kórokozói (pl. bab aranyárga mozaik vírus, bean golden mosaic virus, BGMV; Cassava latens mozaik vírus, CLV; paradicsom aranyárga mozaik vírus, tomato golden mosaic virus, TGMV; kukorica csíkosság vírusa, maize streak, MSV; GOODMAN, 1981). A vírusgenom ezekben a vírusokban kicsi, mindössze $0,75 \times 10^6$ dalton, mintegy 2500—2700 nukleotidot reprezentál, két, elsősorban kovalensen kötött egyszálú cikluláris DNS formájában. Szekvencia és restriktívós analízis alapján ismert, hogy a két DNS szál nem identikus, kb. 93%-ban különböző (STANLEY és GAY, 1983). A legutóbbi eredmények azt bizonyították, hogy az eredményes fertőzéshez mindkét DNS szál szükséges. Így a korábbi remények, melyek szerint egy szál elegendő a fertőzéshez és a másik szál helyére idegen nukleinsav építhető be, szertefoszlottak. A vírus azonban mégis érdeklődésre tarthat számot a génátültetésben, mert a sejtmagban szaporodik. A geminivirusok egyszálú növényekben is szaporodnak, így azok génátültetés vektoraivá válhatnak. Génebézési alkalmazásuk hátránya, hogy a vírusszaporodás a szállítószövetekben történik, bár izolált mezofillumsejteket is már eredményesen fertőztek.

A növénypatogén baktériumok génebézési szerepe

A növénypatogén baktériumok közül a tumort indukáló *Agrobacterium* fajok a génátültetés legjobban tanulmányozott vektorai. Ezt a megkülönböztetett helyzetet elsősorban annak köszönhetik, hogy széles gaz-

az *Agrobacterium tumefaciens*ben kialakítják a gén átkerülését. Ezután az intermedier plazmid maradványát ültetik el pl. egy inkompatibilis plazmid segítségével. Így olyan *Agrobacterium*hoz lehet jutni, amely egy új idegen gént (pl. az antibiotikum rezisztenciát) tartalmaz. Ezzel, a már új tulajdonságot hordozó baktériummal a növényt megfertőzve, a plazmid DNS egy része az új génnel együtt beépül az átalakított sejt kromoszómájába, ahol a gén megnyílnak. A fenti lépések legjelentősebbike az volt, amikor sikerült meghatározni a tumor indukálásáért felelős DNS szakaszt (ENGLER et al., 1981). E szakasz eltávolítása mellett a baktérium fertőzőképessége megmaradt, de nem okozott betegséget. Annak ellenére, hogy a génátültetés már több laboratóriumban sikeres volt és a transzformált sejtekből új teljes növényt is felneveltek, ezek az eredmények még csak elvi jelentőségűek (BARTON et al., 1983). Magát a módszert kell rutinszerűvé tenni, annyira, hogy a Ti plazmiddal végzett génátültetés ne csak modell, hanem alkalmazható gyakorlat legyen. Természetesen ezek az eredmények lehetővé teszik azt is, hogy a növények génszerveződését molekuláris biológiai szinten tanulmányozhassuk.

A növénypatogén gombák jelentősége a génátültetésben

A fitopatogén gombákkal végzett génátültetési kísérletek jelenleg még kezdeti stádiumban vannak, bár több irányban is folynak biztató próbálkozások. Ezek közül is legígéretesebbnek látszanak az extracelluláris toxinokat termelő gombákkal tervezett vizsgálatok. A kukorica egyik legjelentősebb kórokozója a *Cochliobolus (Helminthosporium) victoriae* gomba, amely a gazdanövény-specifikus victorin toxint termeli. A kórokozóba olyan géneket lehet bevinni, amelyek következtében a gomba elveszti gazdaspecifikus toxintermelő képességét. Így a populáción belül ez, a már apatogén változat megfelelő kompetíciós képessége esetén felszaporodhat, visszaszorítva az eredeti patogén változatot.

Betegség rezisztens fajtát lehet előállítani akkor, ha a patogénitáshoz szükséges toxint szeptikátlunk, azaz olyan növényeket választunk ki, amelyek a gomba toxinjával szemben ellenállóak.

E rövid áttekintésben néhány példával kívántuk bemutatni azt, hogy a kórokozók „lefelegyverzése”, s hasznos, növényvédelmi célra való felhasználása a korszerű növényvédelem egyik útja lesz. Ma még nehéz meghatározni, melyik kórokozóból lesz univerzális, minden célra felhasználható vektor. Emellett jelentősek lesznek a specifikus vektorok is, amelyekkel csak bizonyos feladatokat lehet megoldani. Azok a kezdeti eredmények mint pl. a Ti plazmid segítségével végzett sikeres génátültetés, mutatják a jövő évtized kutatási irányát. Ez idő alatt várható, hogy a rekombináns DNS technikával korrigált új növény kerül ki a gyakorlati mezőgazdaságba, illetve e technikával átalakított baktériumok állnak majd a környezetvédelem rendelkezésére.

Számos lépést kell azonban tisztázni, s főleg a növényfiziológusok, molekuláris biokémikusok, genetikusok, növénypatológusok és nemesítők szoros együttműködésére van szükség. A nemesítők által fontosnak ítélt gének izolálása és növényi sejtbe való juttatása új utakat nyithat meg a növény-nemesítés és a növényvédelem elméletében és gyakorlatában.

IRODALOM

- BALÁZS E. (1981): A növényi vírusok új csoportja: a viroidok. In: A biológia aktuális problémái. 22: 153—174. — 2. BALÁZS, E. és GÁBORJÁNYI, R. (1984): A vírusgenom szerkezete és megnyílvánulása a magasabbrendű növényekben. In: A Kórokozó és a Fertőzött Növény. Akadémiai Kiadó, Budapest (megjelenés alatt). — 3. BARTON, A. K., BINNS, A. N., MATZKE, A. J. M. and CHILON, M. D. (1983): Regeneration of intact tobacco plants containing full length copies of genetically engineered T—DNA, and transmission of T—DNA to RI progeny. Cell, 32: 1033—1043. — 4. BEVAN, M. W. and CHILTON, M. D. (1982): T—DNA of the *Agrobacterium* Ti and RI plasmids. Annu. Rev. Genet. 16: 357—384. — 5. DAVIES, J. W. (1979): Translation of plant ribonucleic acids in extracts from eucariotic cells. In: (Eds: HALL, C. T. and DAVIES, J. W.) Nucleic Acids in Plants. CRC Press, Inc., Florida. Vol. 2. 112—149. — 6. GOODMAN, R. (1981): Geminiviruses, In: (Ed. E. Kurstak) Handbook of Virus Infections and Comparative Diagnosis. 789—910. — 7. HOHN, B. and HOHN, T. (1982): Cauliflower mosaic virus: a potential vector for genetic engineering. In: Eds.:

(KAHL, G. and SCHELL, S.) Molecular Biology of Plant Tumors. Academic Press, New York. 549—560. — 8. HORVÁTH, J., BESADA, W., JURETIC, N., and MAMLU, D. (1980): Some data on properties of cauliflower mosaic virus in Hungary. Tagungsber. Akad. Landwirtschaftswiss. DDR 184 S: 53—60. — 9. HULL, R. and DAVIES, J. W. (1983): Genetic engineering with plant viruses, and their potential as vectors. Advances in Virus Research. 28: 1—33. — 10. KAPER, J. M. and WATERWORTH, H. E. (1977): Cucurbit mosaic virus associated RNA 5: Causal agent for tomato necrosis. Science, 196: 429—431. — 11. NASSUTH, A. (1982): Alfalfa mosaic virus RNA replication in protoplasts. Thesis. Leiden. Dutch Efficiency Bureau, Pijnacker. 1—116. — 12. NESTER, E. W. and KOTSUGE, T. (1981): Plasmids specifying plant hyperplasias. Annu. Rev. Microbiol. 35: 531—556. — 13. SINGER, M. F. (1979): Introduction and historical background. In: (Eds.: SELTOW, J. K. and HOLLANDER, A. (Plenum Press, New York, 1—14.

DIE GENTRANSPLANTATION: NEUE MÖGLICHKEIT IM MODERNEN PFLANZENSCHUTZ

E. BALÁZS—R. GÁBORJÁNYI

Forschungsinstitut für Pflanzenschutz der Wiss. Akademie, Budapest

Die Möglichkeit der Herstellung der molekulären Klone rekombinanter Nukleinsäuren bedeutet eine Revolution in der zeitgemässen Biologie. Pflanzenpathogene Viren, Bakterien und Pilze können als genetische Transmitter angewendet werden; dies öffnet neue Wege für die Pflanzenzüchter und Pathologen, gleichzeitig können für den praktischen Pflanzenschutz wichtige Schlussfolgerungen gezogen werden.

ПРИМЕНЕНИЕ ПЕРЕСАДКИ ГЕНОВ КАК НОВАЯ ВОЗМОЖНОСТЬ В СОВРЕМЕННОЙ ЗАЩИТЕ РАСТЕНИЙ

БАЛАЖ Э.—ГАБОРЬЯНИ Р.

Научно-исследовательский институт защиты растений ВАН, Будапешт

Возможность молекулярного клонирования рекомбинационных ДНК делает революционный переворот в современной биологии. Применение фитопатогенных вирусов, бактерий и грибов в качестве потенциальных переносчиков генетической информации создаёт новые возможности для селекционеров растений и для фитопатологов. Кроме того это может означать и разработку новых методов для решения вопросов защиты растений.

GENETIC ENGINEERING OPENS UP A NEW PROSPECT TO PLANT PROTECTION

E. BALÁZS AND R. GÁBORJÁNYI

Technology of molecular cloning of recombinant DANs is revolutionizing the modern biology. The use of plant pathogenic viruses, bacteria and fungi as potential genetic vectors creates a new challenge for plant breeders and plant pathologists alike, and could generate new concepts and tools to solve our recent problems in plant protection.

Nemzetközi figyelo

ZSCHALER, H.

A permetlétérfogat, a kijuttatási mód és a haladási sebesség hatása gyomirtószerek és növekedésszabályozó anyagok biológiai hatékonyságára

(Untersuchungen zum Einfluss von Brühaufwandmenge, Applikationsverfahren und Arbeitsgeschwindigkeit auf die biologische Wirkung bei Herbiziden und Mitteln zur Steuerung biologischer Prozesse)

Archiv für Phytopathologie und Pflanzenschutz, 1981. 17. (6) 405—416 p.

Ha a permetlétérfogat mennyisége 50 és 350 l/ha, a traktor haladási sebessége pedig 10 és 25 km/h között változott, ez nem befolyásolta az ősz őrpadban Stellaria media irtására öszszel kijuttatott SYS—67 Actril C (joxinil + mekoprop), SYS—67 PROP (mekoprop-kálium) és SYS—67 Oxytril C (bromoxinil-kálium + joxinil-kálium + mekoprop-kálium) + Uvon Combi 33 (prometrin + simazin) kombináció hatékonyságát. Ha tavasszal végeztek kezelést SYS—67 Oxytril C készítménnyel, ez bármely permetlétérfogat esetében károsította az őrpad. Őszi búzában ugyanezzel a herbiciddel 50 l/ha permetlé-térfogat és 25 km/h haladási sebesség mellett lehetett permetezni, a hatékonyság csökkenése nélkül. Amikor a búza Feekes skála szerint 5. számú fejlődési stádiumában (a főhajtás mereven felfelé áll (SYS—67 Buctril A (bromoxinil-kálium + MCPA-kálium) és SYS—67 PROP készítménnyel permeteztek, a traktor haladási sebességétől függetlenül csökkent gyomirtóhatást tapasztaltak, ha a permetlé-térfogat 100 l/ha mennyiség alatt volt. A jövő permetező berendezéseinek megtervezésekor valószínűleg 20—25 km/h haladási sebességet és 50—100 liter/ha permetlétérfogatot tartanak majd irányadónak.