

Formulár ZK - Závěrečná karta projektu

Riešiteľ: Ing. Miroslav Glasa, PhD	Evidenčné číslo projektu: APVT-51-001304
Názov projektu: Analýza biologických a molekulárnych faktorov ovplyvňujúcich rozširovanie a adaptáciu rastlinných vírusov z rodu Potyvirus	

Na ktorých pracoviskách bol projekt riešený:	Virologický ústav SAV Bratislava
Ktoré zahraničné pracoviská spolupracovali pri riešení (názov, štát):	UMR GDPP INRA Bordeaux, Francúzsko (neformálna spolupráca)
	Research Institute of Crop Production, Drnovská 507, 161 06 Prague – Ruzyně, Czech Republic (neformálna spolupráca)

Udelené patenty alebo podané patentové prihlášky, vynálezy alebo úžitkové vzory vychádzajúce z výsledkov projektu:	
Publikácie (knihy, články, prednášky, správy a pod.) zhrňujúce výsledky projektu (uved'te i publikácie prijaté do tlače alebo pripravované): <i>Uvádzajte maximálne päť najvýznamnejších publikácií.</i>	GLASA M, SVOBODA J, NOVÁKOVÁ S (2007): Analysis of the molecular and biological variability of Zucchini yellow mosaic virus isolates from Slovakia and Czech Republic. <i>Virus Genes</i> 35: 415-421.
	GLASA M, KOLLEROVÁ E (2007): Two biologically distinct isolates of Zucchini yellow mosaic virus lack seed transmissibility in cucumber. <i>Acta Virologica</i> 51: 131-133.
	GLASA M, SVANELLA L, CANDRESSE T (2006): The complete nucleotide sequence of the Plum pox virus El Amar isolate. <i>Archives of Virology</i> 151, 1679 - 1682
	GLASA M, PITTNEROVÁ S (2006): Complete genome sequence of a Slovak isolate of Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) provides further evidence of a close molecular relationship among Central European ZYMV isolates. <i>Journal of Phytopathology</i> 154, 436 – 440
	KOLLEROVÁ E, NOVÁKOVÁ S, ŠUBR Z, GLASA M (2006): Plum pox virus mixed infection detected on apricot in Pakistan. <i>Plant Disease</i> 90, 1108
V čom vidíte uplatnenie výsledkov tohto projektu:	Plánovanie efektívnejších stratégií kontroly vírusu šarky slivky a žltej mozaiky cukety. V širšom meradle východisko d'alšieho výskumu evolúcie a epidemiológie potyvírusov.

Podpisom záverečnej karty riešiteľ vyjadruje svoj súhlas ku zverejneniu údajov v nej uvedených.

Podpis riešiteľa:

Dátum:30.1.2008.....

Charakteristika výsledkov

Evidenčné číslo: APVT-51-001304

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu (max. 20 riadkov) - slovensky:

Vírus žltej mozaiky cukety (ZYMV) a vírus šarky slivky (PPV) z rodu Potyvirus patria k dôležitým vírusovým patogénom infikujúcim respektíve tekvicovité plodiny čeľade *Cucurbitaceae* a ovocné dreviny z rodu *Prunus*. Štúdium kompetitívnosti izolátov 3 hlavných kmeňov vírusu šarky slivky (PPV-M, D a Rec) v zmesných infekciách dokázalo, že neexistuje kauzálna súvislosť medzi kmeňovou príslušnosťou izolátu a jeho agresivitou (virulenciou). Výsledky naznačujú, že rozdielna virulencia izolátov PPV-M, D a Rec súvisí s rôznou hostiteľskou adaptáciou na dreviny *Prunus*. Parciálnou sekvenáciou genómu sme získali originálne poznatky o genetickej diverzite atypických foriem PPV. Pripravil sa cDNA klon prirodzeného rekombinantného BOR-3 izolátu reprezentujúceho novú podskupinu PPV-Rec. Parciálnou sekvenáciou 3 genomických častí sme zhodnotili molekulárnu variabilitu kolekcie slovenských ZYMV izolátov, pričom sme prekvapivo zistili ich veľmi vysokú vzájomnú homológiu a blízku príbuznosť s inými stredoeurópskymi izolátmi, dokazujúcu ich spoločný evolučný proces a historicky jediné infekčné ohnisko. Získali sme kompletnú genómovú sekvenciu referenčného slovenského ZYMV izolátu (ZYMV-Kuchyna), doteraz jediného úplne sekvenovaného európskeho ZYMV izolátu. Zistili sme, že bodová aminokyselinová mutácia v P3 proteíne ovplyvňuje symptomatologický prejav ZYMV izolátov a prekonávanie hostiteľskej tolerancie. Z epidemiologického hľadiska boli všetky skúmané ZYMV izoláty efektívne prenosné voškami *Myzus persicae*, nezistili sme však prenosnosť vírusu semenom. Detailná genetická a patogenická charakterizácia ZYMV a PPV izolátov cirkulujúcich na Slovensku a ich porovnanie s izolátmi vyskytujúcimi sa v okolitých krajinách a vo svete poskytla poznatky nevyhnutné na pochopenie geografickej dynamiky a genetického vývoja vírusových populácií. Tieto informácie môžu byť využité pri spracovaní aktualizovaných diagnostických postupov a fytosanitárnych opatrení sledovaných potyvírusov.

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu (max. 20 riadkov) - anglicky:

Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) and Plum pox virus (PPV) from the Potyvirus genus, belong to the most important virus pathogens infecting cucurbit crops (family Cucurbitaceae) and Prunus stone-fruit trees. Competition studies involving the isolates from 3 main subgroups of Plum pox virus (PPV-M, D and Rec) in mixed infections did not demonstrate the causal coherence between strain affiliation of an isolate and its virulence. The results indicate, that different virulence of PPV-M, D and Rec isolates is related to various adaptation to Prunus hosts. We have obtained original information about genetic diversity of some atypical form of PPV by partial sequencing of their genomes. A cDNA clone of the natural recombinant BOR-3 isolate, representing new subgroup PPV-Rec, have been prepared. Molecular variability of a set of slovak Zucchini yellow mosaic virus isolates has been evaluated using three genomic portions. Surprisingly, a remarkably high mutual homology and close relationship with other central European isolates have been determined, proving their common evolutionary process and single infection focus. The full-length genome sequence of the reference Slovak ZYMV isolate (ZYMV-Kuchyna), up-to-date the only completely sequenced ZYMV isolate from Europe, has been determined. We have found that one amino acid mutation in the P3 protein affects the symptomatic behaviour of ZYMV isolates and is potentially involved in the host tolerance breaking. From the epidemiological point of view, all the tested ZYMV isolates have been effectively aphid-transmissible by *Myzus persicae*, however, we the seed transmission could not be confirmed. Detail genetic and pathogenic characterisation of ZYMV and PPV isolates circulating in Slovakia and their comparison with isolates spread in the neighboring countries and worldwide have allowed the understanding of the geographical dynamic a genetic evolution of viral populations. These results could be used to establish the updated diagnosis procedures and phytosanitary strategies aimed to potyvirus control.

Podpis riešiteľa: