

Zárójelentés

NKFI-azonosító: 100421, típus: K

A lepkék ivari viselkedését sok esetben alapvetően meghatározzák azok az illatanyagok (szexferomonok), melyek viszonylag nagy távolságról is erőteljes vonzó hatást gyakorolnak az azonos fajú lepkék ellenkező nemű egyedeire, jellemzően a hímekre. A szexferomonok gyakran több összetevőből állnak, melyek aránya szintén kulcsfontosságú szerepet játszik a nemek egymásra találásában, és így a szaporodásban. A nőstények feromontermelése és a hímek válasza is genetikailag meghatározott (Roelofs et al., 1987).

A kukoricamoly (*Ostrinia nubilalis* Hbn, Lepidopera: Crambidae) egy polifág faj, több mint 200 tápnövénye ismert (Caffrey és Worthley, 1927). Mivel a kukorica egyik legfontosabb kártevőjének számít, jelentős erőfeszítések történtek a kukoricamoly kémiai kommunikációjának részletes megismerésére, hogy erre alapozva biológiai védekezési módszert fejlesszenek ki. A fajon belül két, morfológiai bélyegek alapján nem megkülönböztethető feromon törzs fordul elő, melyek nőstény imágói eltérő arányban termelik a velük azonos feromon törzsbe tartozó hímeket csalogató szexferomonokat, így erős szaporodási izoláció valósul meg. A feromon fő összetevője az *E*-vonál nőstényeiben a transz-11-tetradecenil-acetát, a *Z*-vonál esetében pedig cisz-11-tetradecenil-acetát (Kochansky et al., 1975). A kukoricamoly feromonja, sok más lepkéhez hasonlóan, a potrohvégen elhelyezkedő feromonmirigyben, palmitinsavból keletkezik egy módosult zsírsav-bioszintézis során láncrövidítés (β -oxidáció), kettős kötés kialakulása (deszaturáció), majd alkohollá történő redukció és észterifikáció (acetilezés) révén (Roelofs et al., 1987).

Mivel a kétféle feromon összetétel miatt kialakult fajon belüli viselkedési izoláció folytán az elmúlt évtizedekben a fajkeletkezéssel foglalkozó kutatásoknak egyik modellállatává vált (Lassance, 2010), valamint a gazdasági jelentőséggel bíró tápnövény választása is kapcsolatba hozható a feromontermeléssel (Thomas et al., 2003), a kukoricamoly feromon bioszintézisének molekuláris mechanizmusa az érdeklődés homlokterébe került. Ebbe a kutatási vonulatba kapcsolódott be a mi csoportunk. A kukoricamoly szexferomonnal csalétkezett csapdákkal két probléma volt: nem működtek kellő hatékonysággal a kukoricamoly szabadföldi monitorozása során (Maini és Burgio, 1999; Szőcs és Babendreier, 2011), valamint – a hatásmechanizmusukból adódóan – a nőstényeket nem vonzzák. Fennállt tehát az igény, hogy molekuláris markerek segítségével gyors és megbízható, polimeráz láncreakció (PCR) alapú kimutatási módszer legyen elérhető a kukoricamoly két feromon

törzsének megkülönböztetésére. Lassance és munkatársai (2010) meghatározták a kukoricamoly szexferomon bioszintézisében részt vevő, az *E*- és *Z*-vonallal közti különbségért felelős zsírsav-koenzim-A-reduktáz gén szekvenciáját. Igazolták, hogy két allélváltozatban fordul elő, és a köztük lévő néhány aminosavnyi eltérés a felelős a feromonösszetételben mutatkozó különbségért. Azonban csak néhány pontmutáció (SNP) áll ennek háttérében, ezért meghatározásuk PCR technikával körülményes. Előzetes eredményeink arra engedtek következtetni, hogy a feromon bioszintézis egyik kulcsenzime, a delta-11-deszaturáz génje már lárvakorban is kifejeződik, és ami rendkívül fontos, az *E*- és *Z*-vonallal megkülönböztetésére alkalmas diagnosztikai markernek bizonyulhat, mert jelentős génexpressziós különbséget lehetett tapasztalni az *E*- és *Z*-vonallalhoz tartozó lárvákban az *E*-vonallal javára (Király és Szócs, 2009).

Erre a korábbi eredményünkre alapozva állítottuk össze ezt a projektet, hogy más kukoricamoly populációkban és egyedi szinten is ellenőrizzük a marker előfordulását. Ezért a szexferomon bioszintézisében kulcsfontosságú szerepet játszó enzimek, elsősorban a delta-11-deszaturáz kódoló szekvenciáinak összehasonlítását, valamint mRNS-szintű expressziós vizsgálatát tűztük ki célul különböző kukoricamoly populációkban és egyedekben, mindkét nemben és valamennyi fejlődési állapotban. Meg kell jegyezni, hogy a hernyók nemét a nőstény kukoricamolyban előforduló W-kromoszómán (a hímek ZZ, a nőstények ZW ivari kromoszómákkal rendelkeznek) elhelyezkedő mikroszatellit marker segítségével állapítottuk meg a lárvákból kivont genomi DNS-en végzett PCR vizsgálat során a Coates és Hellmich (2003) által közölt szekvenciákra tervezett primerekkel.

Első lépésben állandó tenyészeteket hoztunk létre *E*- és *Z*-vonallal kukoricamolyokból az MTA ATK Növényvédelmi Intézet Állattani Osztályán. Egy feltételezhetően *Z* feromon törzsbe tartozó kukoricamoly populációból gyűjtöttünk kukoricaszárból áttelelő hernyókat a Tolna megyei Kéty község közelében. A feltételezhetően *E* feromon törzsbe tartozó kukoricamolyokat a szlovéniai Celje közelében gyűjtötték, szintén kukoricáról. A begyűjtött hernyókból laboratóriumi tenyészeteket alapítottunk. A tenyésztett állatok feromon törzsbe sorolását először hagyományos módon, azaz feromonmirigy kivonatok elemzésével végeztük el. Ehhez a kivonatokot gázkromatográfhoz kapcsolt elektroantennográfiás detektorral (GC-EAD) vizsgáltuk. A feromonkomponenseket retenciós idejük (szintetikus elegyhez viszonyítva), valamint az általuk kiváltott csápválasz alapján azonosítottuk. Beigazolódott az előzetes feltételezés, mert a szlovéniai eredetű tenyészet példányai az *E*-vonallalhoz, míg a Tolna megyéből származó állatok a *Z* feromon törzshöz tartoznak. Áttelelő lárvákat gyűjtöttünk Hódmezővásárhely mellett (Csongrád megye) és Romhány közelében (Nógrád

mege) is. Ezekből az állatokból csak addig tartottunk fenn laboratóriumi tenyészeteket, amíg begyűjtöttük a molekuláris vizsgálatokhoz és a feromonösszetétel meghatározásához szükséges mintákat. Áttelelő lárvákat és imágókat gyűjtöttünk még Martonvásár és Bicske közelében (Fejér megye) is. A szabadföldről behozott, illetve a hernyókból kinevelt nőstények feromon főkomponensét GC-EAD segítségével meghatároztuk, és a vizsgálatba bevont valamennyi magyarországi gyűjtésből származó kukoricamoly esetében a (Z)-11-tetradecenil-acetát bizonyult a fő összetevőnek. Időközben Svédországból, a svéd növényvédelmi szolgálat gyűjtéséből kaptunk néhány kukoricamoly lárvát, azzal a kéréssel, hogy állapítsuk meg, lehetőleg még hernyó stádiumban, hogy melyik feromontörzsbe tartoznak. Ez azért volt számukra fontos, mivel kukoricáról gyűjtötték a hernyókat, és a kártevő skandináviai várható terjedése, valamint a kockázatelemzés szempontjából is fel kellett készülniük arra, hogy melyik feromontörzs fordul elő Svédországban. A feromon törzsi hovatartozást az *E*- és *Z*-vonatra jellemző zsírsav-koenzim-A-reduktáz gén 3' nem kódoló régiójában előforduló eltérések alapján, Lassance és munkatársai által 2010-ben közölt PCR eljárás segítségével állapítottuk meg a lárvákból kivont DNS mintákon (Lehmhus et al., 2012). Szlovéniából is megkerestek hasonló kéréssel: 71 darab, fénycsapdával begyűjtött, száraz állapotban lévő kukoricamoly imágót kaptunk. Ezek közül 66-ról állapítottuk meg, hogy *E*-vonalhoz tartozik, kettő volt köztük *Z*, egy pedig hibrid (két esetben nem sikerült az azonosítás). A zsírsav-reduktáz 3' nem kódoló régiójára tervezett specifikus primerekkel azonban nem minden esetben volt sikeres a két allél elkülönítése a nem kódoló szakaszok változékonysága miatt. Néhány kukoricamoly vizsgálata ezzel a módszerrel eredménytelen volt, ezekben az esetekben konzervált régiókra tervezett primerekkel végzett PCR és a kapott termékek szekvenálása tette lehetővé az allélvariánsok azonosítását. Így kellett eljárunk a Martonvásár és Bicske mellett gyűjtött állatok, és részben az Adanában (Törökország) szexferomoncsapdával fogott hím kukoricamoly imágók esetében is. Érdeemes megjegyezni, hogy a kétféle allél kódoló szakaszán előforduló SNP-k alapján Coates és munkatársai (2013) 98%-os biztonsággal működő PCR-RFLP (restrikciós fragmenthossz-polimorfizmus) eljárást dolgoztak ki az *E* és *Z* típus megkülönböztetésére.

Az *E*- és *Z*-vonathoz tartozó lárvák és imágók esetén a feromontermelésben szerepet játszó delta-11-deszaturáz cDNS teljes kódoló régióját PCR és klónozás után szekvenáltattuk, és az így nyert adatokat összevetettük egymással. Megállapítottuk, hogy az enzim két, egymástól három aminosavban eltérő változatban fordul elő mind az *E*, mind a *Z* feromon törzsbe tartozó populációkban. Mindkét allél megtalálható mindkét vonalban, tehát nem minősül megkülönböztető bélyegnek, ami egybevág Geiler és Harrison (2010) által közölt

eredménnyel. A két allél előfordulási gyakorisága azonban eltérő lehet a különböző populációkban. A szekvenálás segítségével azt is meg lehetett állapítani, hogy ugyanaz a gén átíródik a lárvákban és a nőstény imágókból nyert feromonmirigyekben is.

A delta-11-deszaturáz mRNS-szintű expresszióját valós idejű PCR módszerrel határoztuk meg, először a Király és Szócs (2009) által gyűjtött, 20-20 lárvát tartalmazó összesített mintákban, melyek két korábbi, időközben már felszámolt *E* és *Z* kukoricamoly tenyészetből származtak. Igazolódott a korábbi, hagyományos PCR technika és agaróz gélen történt elválasztás után kapott eredmény, és szignifikáns különbséget tapasztaltunk az *E*- és *Z*-vonalhoz tartozó lárvákban az *E*-vonal javára. Ennek a molekuláris markernek a használata gyorsabb és olcsóbb lenne a szekvenálásnál, amit több esetben kénytelenek voltunk alkalmazni az *E* és *Z* típusú zsírsav-koenzim-A-reduktáz megkülönböztetésére. Ezt követően elvégeztük ezt a PCR-vizsgálatot a jelenleg fenntartott tenyészetekből származó, *E* és *Z* törzshöz tartozó kukoricamoly lárvákon is. Az összesített (20-20 hernyó) mintákban nem kaptunk eltérést az *E*- és *Z*-vonal delta-11-deszaturáz génjének expressziójában. Ezután az egyedekből külön-külön vontunk ki RNS-t, és a valós idejű PCR vizsgálatok azt mutatták, hogy a hernyókban a delta-11-deszaturáz mRNS expressziója 3 nagyságrenddel alacsonyabb, mint az imágókból izolált feromonmirigyekben, s emellett jelentős egyedi különbségek fordulnak elő mindkét vonalban. Ez alapján arra következtettünk, hogy nem alkalmas a kukoricamoly két feromon törzsének lárvakori megkülönböztetésére a delta-11-deszaturáz mRNS-szintű expressziójának meghatározása. Az enzim funkciója a lárvákban nyitott kérdés maradt. Mivel a hernyókban az átíródás mértéke a feromonmirigyben mérthez képest rendkívül alacsony, valószínűleg csak a génextpressziós szabályzás sajátosága („lötyögése”) miatt fennálló alapszintű génátírást detektáljuk. Ezzel szemben a delta-11-deszaturáz génbe retrotranszpozonok beékelődésével létrejött ezi-alfa (Xue et al., 2007) típusú delta-11-deszaturáz mRNS jelentős mértékben kimutatható volt a korai (1–4) lárvastádiumokban, szintúgy az ezi-béta típusú delta-11-deszaturáz mRNS a késői, 6. lárvastádiumban. Az ezi típusú delta-11-deszaturázokat kódoló génekről a szakirodalom úgy tartja, hogy nem íródnak át róluk működőképes enzimek (Xue et al., 2007) Ez az álláspont részben azon alapszik, hogy az ezi típusú delta-11-deszaturázok expressziója mRNS szinten nem mutatható ki az imágókban. Nincs arra utaló szakirodalmi adat, hogy lárvákban hasonló vizsgálatra sor került volna. Izoláltuk a lárvákból az ezi-alfa és ezi-béta delta-11-deszaturázokat kódoló cDNS-eket is, majd pYES2/NT expressziós vektorba klónoztuk, melyben kifejeződésük az indukálható GAL-promóter kontrollja alatt áll. Funkciójuk, ha van egyáltalán, nem a feromontermeléssel lehet kapcsolatos, mert a lárvákból, mint az (nagyon kivételes eseteket leszámítva) várható

volt, nem tudtunk feromont kimutatni. Működésük vizsgálatát élesztő expressziós rendszerben folytatjuk.

Az NCBI génbankban elérhető lepke szekvenciák alapján tervezett degenerált primerek segítségével kíséreltük meg néhány további, a feromontermelésben fontos szerepet betöltő gén izolálását a kukoricamolylból. A zsírsav bioszintézisben részt vevő zsírsav-szintáz és acetyl-koenzim-A-karboxiláz gének, valamint az észterifikációt katalizáló acetyl-transzferáz egy-egy szakaszát sikerült így elsőként meghatározni. Ezekre a szakaszokra specifikus primereket terveztünk, és mRNS-szintű kifejeződésük szintjét a delta-11-deszaturáz és a zsírsav-koenzim-A-reduktáz gének expressziójával együtt valós idejű PCR segítségével határoztuk meg. Az eredményeink szerint az acetyl-transzferáz, zsírsav-szintáz és acetyl-koenzim-A-karboxiláz génexpresszió hasonló szintű volt a különböző szöveti mintákban, illetve a különböző fejlődési állapotokban. Velük ellentétben a delta-11-deszaturáz és a zsírsav-koenzim-A-reduktáz mRNS mennyisége csak a feromonmirigyben volt jelentős. A feromonmirigy kivonatokból gázkromatográfiás elválasztással kombinált tömegspektrometria (GC-MS) segítségével a feromon mennyiségének jellegzetes napszakos ritmusa volt kimutatható (v.ö. Kárpáti et al, 2007), amit a feromon bioszintézist aktiváló neuropeptid (PBAN) szabályoz. A szakirodalomban egymásnak ellentmondó következtetések olvashatók arra nézve, hogy a PBAN szabályozza-e a delta-11-deszaturázt és a zsírsav-reduktázt vagy sem. Egy részletes vizsgálatot terveztünk, melyben a bábból való kelés után kilenc napon át mértük a nőstény imágókban a *de novo* szintetizált szexferomon főkomponensének mennyiségét GC-MS módszerrel, és vele párhuzamosan a delta-11-deszaturáz és a zsírsav-koenzim-A-reduktáz mRNS-szintű expresszióját valós idejű PCR segítségével. A vizsgálatokat először nem a kukoricamolylon, hanem a káposzta bagolylepken (*Mamestra brassicae*, Lepidoptera; Noctuidae) végeztük. Azért választottuk ezt a modellállatot, mert a kukoricamolylétől nem tér el jelentős mértékben a feromon főkomponense (cis-11-hexadecenil-acetát), és vele azonos napszakos ritmusban termeli. Azonban a kukoricamolylhoz viszonyítva sokkal nagyobb a testtömege, a feromonmirigye és a termelt feromon mennyisége is, így a méretbeli különbség miatt a mérésekhez szükséges mintamennyiséget ebből az állatból egyszerűbb volt előállítani (kukoricamolylból jóval több feromonmirigyre lett volna szükség). A káposzta bagolylepke laboratóriumi tenyésztete az MTA ATK Növényvédelmi Intézet Állattani Osztályán rendelkezésre állt. Azonosítottuk a káposzta bagolylepke delta-11-deszaturáz és zsírsav-koenzim-A-reduktáz cDNS szekvenciáját és vizsgáltuk az mRNS expresszióját. Megállapítottuk, hogy a génkifejeződés feromonmirigy-specifikus, a test többi szövetében nem jelentős. A feromontermelésben meglévő napi ritmus egyik gén esetében sem

volt jellemző a génkifejeződés szintjén. A két gén expressziója a kelés előtt álló bábokban még nem volt jelentős, de a kelés után gyorsan emelkedett, és az első nap végére elérte a maximum értékét, ami további szignifikáns változás nélkül állandó szinten maradt a kilenc napos vizsgálat végéig, noha akkorra a feromontermelés már drámai módon visszaesik. További kísérleteket is beállítottunk, melyben a hímekkel párosodott, illetve a dekapitált (a PBAN-termelést ily módon akadályoztuk meg) nőstény lepkékben drasztikusan lecsökkent feromontermelést állítottuk helyre az állatokba injektált PBAN segítségével. Ezek az eredmények is azt támasztják alá, hogy sem a zsírsav-reduktáz, sem a delta-11-deszaturáz mRNS-szintű expressziója nem áll a PBAN szabályozása alatt. Ez arra enged következtetni, hogy a feromontermelésben részt vevő legfontosabb enzimek szabályozása valószínűleg a translációt követően történik. A delta-11-deszaturázra vonatkozó eredményeket a *General and Comparative Endocrinology* című folyóiratban közzeltük (Köblös et al., 2015), a zsírsav-koenzim-A-reduktázzal kapcsolatos eredményeket egy másik cikkben tervezzük bemutatni.

A káposzta bagolylepkében megbízhatóan beállított GC-MS és valós idejű PCR vizsgálatokat később elvégeztük a *E*- és *Z*-vonalba tartozó kukoricamoly feromonmirigy mintákon is, de szűkebb időhatárok között, bábállapotban és a keléstől kezdve 3 napon keresztül. A zsírsav-koenzim-A-reduktáz és a delta-11-deszaturáz mRNS szintje, mint a káposzta bagolylepké esetében is láttuk, a kelést követően nem követte a feromontermelésben bekövetkező változásokat. Sem annak jellegzetes napszakos ritmusa, sem a párosodás, sem a dekapitáció hatása nem mutatkozott a génextpresszió szintjén. Az *E* törzs esetében három-négyszeres mennyiségű feromon mutatható ki, mint a *Z*-vonal nőstényeiből. Ezzel párhuzamosan két-háromszor nagyobb mRNS expresszió volt kimutatható az *E*-vonalban a delta-11-deszaturáz és a zsírsav-koenzim-A-reduktáz esetében egyaránt.

Következő lépésként a két feromon törzset kétszer kereszteztük egymással úgy, hogy közben a partnerek nemét felcseréltük. A GC-MS mérések azt mutatták, hogy a *cis*-*trans* izomerek aránya a feromonban 2:3 volt mindkét F1 populáció esetében, de az *E/Z* hibridekben ugyanakkora volt az (*E*)-11-tetradecenil-acetát mennyisége, mint az *E*-vonalban, és viszont, a *Z/E* hibridekben a (*Z*)-11-tetradecenil-acetát mennyisége nem különbözött szignifikánsan a *Z*-vonalban mért értékektől. Ez arra enged következtetni, hogy a feromontermelés mennyisége a női ivari (W) kromoszómához kapcsolt tulajdonság. Mivel a delta-11-deszaturáz és a zsírsav-koenzim-A-reduktáz génje is autoszómás (Zhu et al., 1996; Geiler és Harrison, 2010), más szabályozó gének hatása alapvető lehet ezeknek az enzimeknek a működése során.

A feromon bioszintézis szabályozásában meghatározó jelentőségű neuropeptidet, a PBAN-t még nem írták le a kukoricamolyból, de a káposzta bagolylepkéből már ismert volt

(Jacquin-Joly et al., 1998). Ezzel szemben a PBAN-receptor a kukoricamoly esetében volt ismert (Nusawardani et al., 2013), a káposzta bagolylepke esetében nem. Mivel a PBAN és a PBAN-receptor szerkezetének, működésének megismerése lehetőséget teremt agonista és/vagy antagonisták kifejlesztésére, melyek alkalmasak lehetnek a kártevő lepkék elleni specifikus védekezésre, szerettük volna meghatározni a kukoricamoly PBAN és a káposzta bagolylepke PBAN-receptor szerkezetét. A nőstény kukoricamoly imágók agyából izolált nukleinsavak elemzése alapján feltártuk, hogy a kukoricamoly PBAN gén hat exont és öt intront tartalmaz. A kódolt poliproteinből a transzlációt követően endoproteolitikus hasítás következtében öt, C-terminálisan amidált oligopeptid képződése valószínűsíthető: egy 24 aminosavból álló diapauza hormon, egy 37 aminosavból álló PBAN és három rövidebb neuropeptid, melyek funkciója még nem tisztázott. Más lepkék génbankban található szekvenciáival összevetve jelentős hasonlóságot találtunk, legnagyobb mértékben családon belül (87% és 75% egyezés aminosav szinten a két másik ismert Crambidae, az *Omphisa fuscidentalis* és a *Maruca vitrata* szekvenciákhoz viszonyítva).

A PBAN-t amidált formában megszintetizáltattuk, és *E*- és *Z*-vonalú dekapitált nőstény kukoricamolyokba injektáltuk különböző dózisban. A feromon összetevőinek mennyiségi változásait GC-MS segítségével határoztuk meg. A dekapitálás miatt fellépő PBAN-hiány leállítja a szexferomon-termelést, de a mesterségesen előállított PBAN 1,5–6 pikomol/állat dózisban újra a normál értékre képes azt emelni mindkét vonal esetében, az injektálást követő egy órán belül. Ezzel igazoltuk, hogy a feltételezett PBAN gén bázissorrendje alapján meghatározott oligopeptid az általunk keresett, aktív hormon.

A PBAN gén mRNS-szintű kifejeződését valós idejű PCR módszerrel mértük a kukoricamoly tenyészetekből származó RNS-mintákban, és megállapítottuk, hogy az expresszió nemcsak nőstényekben, hanem hímekben is magas, és csak az agyi mintákban jelentős. Az még nem tisztázott, hogy a hímek esetében mi lehet a funkciója. A kelés előtt a bábok agyában már viszonylag jelentős génkifejeződést tapasztaltunk, ami legalább egy nagyságrendet emelkedett a kelést követően. Az *E*- és *Z*-vonalú állatokban a PBAN mRNS szint nem mutatott jelentős eltérést. A kukoricamoly PBAN gén izolálását és molekuláris biológiai vizsgálatát konferenciákon ismertettük (9th International Congress of Comparative Physiology and Biochemistry. Krakow, Lengyelország, 2015, és a 62. Növényvédelmi Tudományos Napok, Budapest, 2016). A folyóiratban való közlés azért húzódott, mert a PBAN gént több, rövid, közepes méretű és hosszú allélváltozatban is megtaláltuk, melyek elterjedtségét fel kívántuk mérni a különböző kukoricamoly populációkban. Jelenleg a kéziratot közlésre előkészítettük.

A káposzta bagolylepkéből három PBAN-receptort azonosítottunk, egy rövid (A) és két hosszú (B és C) változatot, melyek az mRNA alternatív szerkesztődése révén íródnak át. A receptorok szerkezetük alapján a hét transzmembrán doménnel rendelkező G-fehérjéhez-kapcsolt receptorok családjába tartoznak. Aminosav szinten több mint 97%-os egyezést mutatnak a káposzta bagolylepkével egy családba (Noctuidae) tartozó lepkék hasonló receptoraival. A valós idejű PCR eredmények arra utalnak, hogy a hosszú változatok mRNA expressziója jelentősebb a feromonmirigyben, mint a rövid változatoké. Bábállapotban még viszonylag alacsony, a kelés után gyors emelkedést mutat a receptorok mRNA szintje, mint azt a PBAN esetében is láttuk. A PBAN receptorokat pIB/(StuI)-Venus expressziós vektorba klónoztuk. Működésük vizsgálata Sf9 sejtvonalon történik, előzetes eredményekről konferencián számoltunk be (28th Conference of European Comparative Endocrinologists, Leuven, Belgium, 2016).

A projektben részt vevő egyik fiatal kutató, Köblös Gabriella egy magyar-francia TÉT együttműködés keretében a káposzta bagolylepke hímjeinek csápján elhelyezkedő feromon receptor molekuláris szintű azonosításában és jellemzésében vett részt. Az eredményekről készült poszter „Young Investigator Award” díjat nyert (28th Conference of European Comparative Endocrinologists, Leuven, Belgium, 2016).

A kutatásban részt vevő személyekben bekövetkező változások

A projekt keretében két fiatal kutatót foglalkoztattunk, egyet a molekuláris biológia, egyet a rovartenyészetekkel és a feromon meghatározásokkal kapcsolatos feladatok ellátására. Köblös Gabriella tudományos segédmunkatársként végig részt vett a projektben, és négy évig, 2012. március 8-tól 2016. február 29-ig a projekt támogatás költségén állt alkalmazásban. Ő a molekuláris biológiai vonalat képviselte. A szabadföldi mintagyűjtés, lepketenyészetek létrehozása és fenntartása, a GC-MS, GC-EAD mérések területén kényszerű személyi változásokra került sor több alkalommal. Nyiri Andrea 2012. október 1-től 2013. január 31-ig asszisztensként, majd 2013. augusztus 16-ig, távozásáig tudományos segédmunkatársként vett részt a projektben. A helyére 2013. szeptember 9-től Lakatos András került, szintén tudományos segédmunkatársi beosztásban. Ő 2014. augusztus 31-én munkahely változtatás miatt kilépett, feladatát a projekt egy másik résztvevője, Bozsik Gábor tudományos segédmunkatárs vette át. Az ő alkalmazása projekt költséget nem terhelt. Előre nem tervezett módon foglalkoztattuk a projekt terhére Rohm Csilla asszisztentst 2013. július 1-től 2015. március 31-ig. Évi 490 ezer Ft bérkiegészítést kapott, amit költségátcsoportosítással fedeztünk. Kincsesné Gyurkovics Judit tudományos segédmunkatárs 2015. november 1-től 2016. augusztus 31-ig állt alkalmazásban a projekt költségén. A rovartenyészetek fenntartásában és a két feromon vonal keresztezésében, vizsgálatában vett részt.

Irodalom

- Caffrey, D. J., Worthley, L. H. (1927) A progress report on the investigations of the European corn borer. USDA Agric. Bull. 1476: 155 pp. Washington, D.C., USA.
- Coates, B. S., Johnson, H., Kim, K.-S., Hellmich, R. L., Abel, C. A., Mason, C., Sappington, T. W. (2013) Frequency of hybridization between *Ostrinia nubilalis* E- and Z-pheromone races in regions of sympatry within the United States. *Ecol. Evol.* 3: 2459–2470.
- Geiler, K. A., Harrison, R. G. (2010) A $\Delta 11$ desaturase gene genealogy reveals two divergent allelic classes within the European corn borer (*Ostrinia nubilalis*). *BMC Evol. Biol.* 10: 112.
- Jacquin-Joly, E., Burnet, M., François, M.C., Ammar, D., Nagnan-Le Meillour, P., Descoins, C. (1998) cDNA cloning and sequence determination of the pheromone biosynthesis activating neuropeptide of *Mamestra brassicae*: a new member of the PBAN family. *Insect biochemistry and molecular biology*, 28: 251–258.
- Kárpáti, Z., Molnár, B., Szöcs, G. (2007). Pheromone titer and mating frequency of E- and Z-strains of the European corn borer, *Ostrinia nubilalis*: fluctuation during scotophase and age dependence. *Acta Phytopathol. Entomol. Hung.* 42: 331–341.
- Király, L., Szöcs, G. (2009) Diagnostic marker for E- and Z-strains of *Ostrinia nubilalis*, expressing differentially in larval $\Delta 11$ desaturase transcript. *J. Appl. Entomol.* 133: 272–277.
- Kochansky, J., Cardé, R. T., Liebherr, J., Roelofs, W. L. (1975) Sex pheromone of the European corn borer, *Ostrinia nubilalis* (Lepidoptera: Pyralidae), in New York. *J. Chem. Ecol.* 1: 225–231.
- Lassance, J.-M. (2010) Journey in the *Ostrinia* world: from pest to model in chemical ecology. *J. Chem. Ecol.* 36: 1155–1169.
- Lassance, J.-M., Groot, A. T., Liénard, M. A., Antony, B., Borgwardt, C., Andersson, F., Hedenström, E., Heckel, D. G., Löfstedt, C. (2010) Allelic variation in a fatty-acyl reductase gene causes divergence in moth sex pheromones. *Nature* 466: 486–489.
- Lehmhus, J., Cordsen-Nielsen, G., Söderlind, C., Szöcs, G., Lassance, J.-M., Fodor, J., Künstler, A. (2012) First records of the Z-Race of European corn borer *Ostrinia nubilalis* (Hübner, 1796) from Scandinavia. *J. Kulturpfl.* 64: 163–167.

- Maini, S., Burgio, G. (1999) *Ostrinia nubilalis* Hb. (Lep., Pyralidae) on sweet corn: relationship between adults caught in multibaited traps and ear damages. *J. Appl. Entomol.* 123: 179–185.
- Nusawardani, T., Kroemer, J. A., Choi, M.-Y., Jurenka, R. A. (2013) Identification and characterization of the pyrokinin/pheromone biosynthesis activating neuropeptide family of G protein-coupled receptors from *Ostrinia nubilalis*. *Insect Mol. Biol.* 22: 331–340.
- Roelofs, W., Glover, T., Tang, X. H., Sreng, I., Robbins, P., Eckenrode, C., Löfstedt, C., Hansson, B. S., Bengtsson, B. O. (1987) Sex pheromone production and perception in European corn borer moths is determined by both autosomal and sex-linked genes. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 84: 7585–7589.
- Szócs, G., Babendreier, D. (2011) Analysis of questionnaire regarding pheromone traps for the Z-pheromone strain of European corn borer. *IWGO Newsletter* 31: S. 4–7.
- Thomas, Y., Bethenod, M. T., Pelozuelo, L., Frérot, B., Bourguet, D. (2003) Genetic isolation between two sympatric host-plant races of the European corn borer, *Ostrinia nubilalis* Hübner. I. Sex pheromone, moth emergence timing, and parasitism. *Evolution* 57: 261–273.
- Xue, B., Rooney, A. P., Kajikawa, M., Okada, N., Roelofs, W. L. (2007) Novel sex pheromone desaturases in the genomes of corn borers generated through gene duplication and retroposon fusion. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104: 4467–4472.
- Zhu, J. W., Zhao, C. H., Lu, F., Bengtsson, M., Löfstedt, C. (1996) Reductase specificity and the ratio regulation of E/Z isomers in pheromone biosynthesis of the European corn borer, *Ostrinia nubilalis* (Lepidoptera: Pyralidae). *Insect Biochem. Mol. Biol.* 26: 171–176.