

Genetisk diversitet hos vetedvärgviruset

Jon Ramsell

Vetedvärgvirus orsakar periodvis stora skador på höstvetet i Sverige. Viruset tillhör familjen *Geminiviridae* och släktet *Mastrevirus* och dess arvs massa består av enkelsträngat DNA, vilket är ovanligt hos växtinfekterande virus. Infekterade vetepantor blir dvärgväxta med gula missfärgningar och tomma ax, vilket resulterar i reducerad skörd. Viruset sprids av insekten randig dvärgstrit (*Psammotettix alienus*) och värst skador fås om höstvetet sås för tidigt så att insekten hinner infektera plantorna redan på hösten. Två olika varianter av vetedvärgviruset är kända, en som i huvudsak förekommer i vete, vetestammen, och en som i huvudsak förekommer i korn, kornstammen. I Sverige har endast vetestammen hittats men i många delar av Europa förekommer båda stammarna.

Prover från vete, randig dvärgstrit och vilda gräs samlades in från olika delar av mellersta Sverige. Totalt samlades över 1000 prov av vilda gräsarter in. Proverna analyserades för att se hur vanligt förekommande vetedvärgvirus är hos vilda gräs. Endast åtta gräsprover var infekterade. De infekterade proverna kom från arterna flyghavre, åkerven och ängsgröe. Den låga frekvensen av viruset hos vilda gräs tyder på att gräs ej är randig dvärgstrits viktigaste källa till virus. Infektion i vilda gräs kan dock ha betydelse för virusets epidemiologi då viruset antagligen kan klara sig i gräs i ett område även om vete inte odlas.

För att undersöka den genetiska variationen hos vetedvärgvirus från Sverige och jämföra den med andra delar av Europa och världen, så analyserades för ungefär 40% av virusets DNA sekvens från olika isolat. Virus från vete, rågvete, randig dvärgstrit, flyghavre, åkerven och ängsgröe, samlade i Sverige, sekvensbestämde. Från Finland sekvensbestämde även ett isolat från vete. Med hjälp av sekvenserna från de olika isolaten konstruerades ett fylogenetiskt träd i vilket man kan se släktskapet mellan olika isolat. Det visade sig att alla isolat från Sverige och Finland tillhörde vetestammen oberoende om de hittats i vete, insekter eller i vilda gräs. Dessutom så var den genetiska variabiliteten låg och inga tydliga skillnader kunde ses på virus från olika delar av Sverige eller världen.

Utöver isolaten från vetestammen sekvensbestämde även hela arvs massan för två kornstammsisolat, ett från Turkiet och ett från Ungern. Diversiteten hos kornstammsisolaten visade sig vara större än för vetestammsisolaten. Fylogenetisk analys med isolaten från denna studie och med isolat från andra studier visade att kornstammen kunde delas upp i tre grupper: centraleuropeiska isolat (Tjeckien, Tyskland och Ungern), spanska isolat och turkiska isolat.

Det är inte känt vad det är hos de två olika stammarna av vetedvärgvirus som gör att de föredrar olika värdväxter. För att kunna studera detta så gjordes två stycken viruskonstruktioner, ett för kornstammen och ett för vetestammen. Med hjälp av bakterien *Agrobacterium tumefaciens* kan man använda viruskonstrukten till att infektera växter under laboratorieförhållanden. Fördelen med att använda dessa viruskonstrukter är bland annat att man kan göra försök för att bestämma vilka delar av arvs massan som bestämmer värdspecificiteten. En annan fördel är att man inte är beroende av randig dvärgstrit när man vill infektera växter, randig dvärgstrit kan vara svår att hålla vid liv i fångenskap.

Slutligen utvecklades metoder för att snabbt kunna detektera vetedvärgvirus och dvärgskottsvirus i insekter. För att effektivt kunna förutspå ifall det finns risk för virusangrepp i sådden och i så fall hur allvarliga angreppen kan tänkas bli är det viktigt att veta ifall insekterna i området verkligen bär på viruset. Metoden är baserad på så kallad PCR, vilket innebär att en del av virusets arvs massa kopieras upp, dessa kopior kan sedan synliggöras och man kan se om insekten bär på viruset.