

A felvételezési eredményeink szerint a kukorica vetések három meghatározó gyomnövénye továbbra is a kakaslábfű (*Echinochloa crus-galli*), a parlagfű és a fehér libatop (*Chenopodium album*). Eddigi eredményeink szerint úgy látszik, hogy a kakaslábfű nemcsak nyár elején a legjelentősebb gyomnövény, hanem nyár végére is megőrizheti első helyét, bár borítása ekkorra már csak kismértékben haladja meg a parlagfűt (eredményeink még nem teljes körűek). Több magról kelő egyszikű gyomfaj előretörését figyeltük meg az Ötödik Országos Szántóföldi Gyomfelvételezés idején. Közülük a fakó muhar (*Setaria pumila*) és a zöld muhar (*Setaria viridis*) borítása továbbra is nagyon magas, sőt a pirók ujjasmuhar (*Digitaria sanguinalis*) felszaporodása tovább folytatódott.

A Negyedik Országos Szántóföldi Gyomfelvételezés óta a parlagfű szántóföldjeink legfontosabb gyomnövénye. Az elmúlt évi felvételezési eredményeink alapján őszi búza vetésekben és tarlókon, valamint kukoricavetésekben egyaránt jelentősen csökkent a parlagfű borítása, viszont összességében megőrizte az első helyét a szántóföldjeinken. A tarlók és a kukoricavetések kedvező életteret jelentenek a parlagfű és a többi allergén gyomfajok számára ahhoz, hogy hosszú ideig pollent szórjanak, ezért fontos a tarlókon a tarlólántás minél korábbi elvégzése, a tarlók ápolása és a kukoricában a hatékony gyomirtási technológiák alkalmazása.

A felvételezéseket nem gyomirtott területeken végezzük, így nem az egyes gyomnövényekkel ténylegesen fertőzött területek nagyságára kapunk adatokat, hanem arra, hogy milyen fertőzöttek lennének a területeink gyomirtás hiányában.

A parlagfű biológiai sajátosságaira épülő integrált védekezési eljárások

KAZINCZI GABRIELLA

Kaposvári Egyetem, AKK, Növénytudományi Intézet, Kaposvár

Az ürömlevelű parlagfű (*Ambrosia artemisiifolia* L.) intenzív terjedését számos tényező segíti, melyek közül a legfontosabbak az alábbiak: 1. Szántóföldi talajaink parlagfűmaggal erősen fertőzöttek. A 80-as években történő országos felméréshez viszonyítva a szántóföldi talajaink parlagfűmag készlete többszörös növekedést mutat. 2. Szabadföldi kelése elhúzódó, aminek az a következménye, hogy a talajherbicidek tartamhatásának megszűnése után is lesz kelés; a levélherbicidek viszont nem minden esetben „találkoznak” a parlagfűvel. Az egy időben eltérő fejlettségű egyedek megjelenése is rontja a posztemergens kezelések hatékonyságát. 3. A magvak túlnyomó többsége nyugalmi állapotban van, így a faj hosszú távú fennmaradása térben és időben is biztosított. 4. Nagyfokú morfológiai-genetikai, életciklusbeli változékonysága miatt jól tud alkalmazkodni különböző stresszhelyzetekhez (pl. neoténia). A porzós fészkek eltávolítása után és rövid nappalos körülmények között pl. csak termős fészkek fejlődnek. Hazánkban az utóbbi években megfigyeltük az *A. artemisiifolia* var. *artemisiifolia* fokozottabb elterjedését, amely előbb virágzik, mint a hagyományos biotípus, ennek pedig az a következménye, hogy a pollenszórási időszak kb. három héttel meghosszabbodik. 5. A növény mechanikai sérülés esetén (pl. szártörés) képes a hajtásból járulékos gyökereket képezni. 6. Intenzív kezdeti növekedés, nagy biomassza produkció jellemzi (RGRmax értéke a vegetáció elejére esik). 7. Jó szárazságtűrő- és tápanyaghasznosító képességgel rendelkezik. Szubletális víztelítettségi deficitje 70% fölötti, és képes inhibitor

hatású donor növényfajok kivonatait, hajtásmaradványait is tápanyagforrásként hasznosítani. 8. Széles ökológiai amplitúdója miatt igénytelen a környezeti tényezőkkel szemben (kivétel a fényigény). 9. A világon számos herbiciddel szembeni ellenálló biotípusát leírták már (nálunk eddig még csak a triazinrezisztenciája bizonyított, de a „gyanú” már több herbicidcsoport esetében felmerült).

Az ellene történő védekezési eljárások fő célja a virágzás és a magképzés megakadályozása. Az integrált gyomszabályozási módszerek egyes elemeinek (agrotechnikai, mechanikai, fizikai, kémiai, biológiai) következetes alkalmazásával 3–5 év alatt populációja jelentősen csökkenthető. A védekezés típusát az élőhely (mezőgazdasági terület, ruderalia, vonalas létesítmény, belterület, lakóhelyek környéke, természetes- és természetközeli társulások) alapvetően meghatározza. Szántóföldön elsősorban a herbicidektől várhatunk jó hatást (a különböző talajművelési eljárások egyidejű, vagy különböző időben történő alkalmazása mellett). Új elem a napraforgó vegyszeres gyomirtásában a halauxifen hatóanyag alkalmazása. Természetes, természetközeli élőhelyeken leginkább csak a bolygatás következtében jelenik meg, majd fokozatosan kiszorul és szerepét egyéb fajok (elsősorban élő fűfélék) veszik át.

A kutatás a TÁMOP-4.2.4.A/2-11/1-2012-0001 azonosító számú Nemzeti Kiválóság Program – hazai hallgatói illetve kutatói személyi támogatást biztosító rendszer kidolgozása és működtetése konvergencia program című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.

A publikáció/prezentáció/poszter elkészítését a EFOP-3.6.3-VEKOP-16-2017-00008 számú projekt támogatta. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósult meg.

Génvadászat a parlagfűben

TALLER JÁNOS

Pannon Egyetem, Georgikon Kar, Növénytudományi és Biotechnológiai Tanszék,
Keszthely

Pannon Egyetem, Festetics Imre Bioinnovációs Központ, Keszthely

Az ürömlevelű parlagfű (*Ambrosia artemisiifolia* L.) a mezőgazdasági művelés alatt álló területeink legelterjedtebb gyomnövénye, mely gazdasági károkozása mellett a legjelentősebb pollenallergén növényünk is egyben. A parlagfű a mérsékelt éghajlati övezet számos régiójában okoz egészségügyi problémákat, valamint károkat a mezőgazdaságban. Kiemelkedő jelentősége ellenére néhány allergén gént leszámítva, nem sok molekuláris genetikai ismeret áll rendelkezésre e növényről.

Kutatási programunk célja az ürömlevelű parlagfű virágzásbiológia genetikai hátterének feltárása, valamint a gyomkontrollt érintő molekuláris genetikai alapismeretek feltárása.

A növényanyagot természetes parlagfű populációkból gyűjtöttük. Vizsgálatainkat elsősorban ún. új generációs szekvenálási (*next generation sequencing* – NGS) technikákra építettük, HiSeq és NextSeq (Illumina, USA) platformokat alkalmazva. A kísérletek eredményeit bioinformatikai módszerekkel értékeltük ki.