

ÁRPÁRÓL SZÁRMAZÓ PYRENOPHORA TERES IZOLÁTUMOK GENETIKAI VÁLTOZÉKONYSÁGAFICSOR ANITA¹, TÓTH BEÁTA², BAKONYI JÓZSEF³, KÓTAI ÉVA² ÉS VARGA JÁNOS⁴¹Jász-Nagykun-Szolnok Megyei Kormányhivatal Növény- és Talajvédelmi Igazgatóság, Szolnok²Gabonakutató Nonprofit Közhasznú Kft., Szeged³MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, Budapest⁴Szegedi Tudományegyetem, TTIK, Szeged

Árpán és egyéb gabonaféléken számos kórokozó idézhet elő – akár súlyos termésesökkenéssel járó – levélfoltosságokat szerte a világon. Magyarországon egyik legismertebb, de kevésbé tanulmányozott árpabetegség a *Pyrenophora teres* gomba által okozott levélfoltosság. A *P. teres* izolátumait két faj alatti kategóriába sorolják: a rövid hossz- és keresztirányú nektrózisok alkotta hálózatos tüneteket okozóknak a *P. teres* f. *teres* (PTT), míg a kissé változatos alakú egynemű levélfoltokat kiváltóknak a *P. teres* f. *maculata* (PTM) neveket adták. Munkánk átfogó célja a *P. teres* hazai populációjának tanulmányozása, többek között a genetikai változékonyság vizsgálata.

Ennek érdekében árpa levélfoltokról gyűjtött 84 egyspórás *P. teres* izolátumot tanulmányoztunk RAPD-analízissel. Összesen 30 random indítószekvenciával sokszorosított 205 DNS-szakasz jelenlétét, illetve hiányát értékeltük izolátumainkban, melyek rokonsági fokát végül dendrogramon ábráztuk. Emellett megállapítottuk tenyészetek párosodási típusát és faj alatti besorolását specifikus PCR-tesztekben. A kórokozó szaporodási módjának megállapítása érdekében többlokuszú asszociációs indexet számoltunk és fahossz permutációs teszteket végeztünk.

Összesített RAPD-mintázataik alapján valamennyi vizsgált izolátum elkülönült egymástól 2 PTT, valamint 2 PTM kládba csoportosulva. Az egyes kládokban az izolátumok száma 3 és 66, illetve 3 és 12 volt. Az asszociációs index értéke 5.83425 volt. Ezt az értéket összevetettük 1000 mesterségesen generált adatmátrix esetében észlelt értékekkel, melyek szignifikánsan alacsonyabbak voltak (-0.02079 [$P < 0.01$]), ami arra utal, hogy a *P. teres* elsősorban aszexuálisan szaporodik hazánkban. A fahossz permutációs tesztek során az észlelt fahosszt összehasonlítottuk 1000 mesterségesen létrehozott rekombinációt szimuláló fa hosszeloszlásával. Klonális szaporodás esetén az észlelt fahossznak szignifikánsan rövidebbnek kell lennie, mint a rekombinálandó adatmátrixok átlagos fahossza. Az észlelt fahossz 1001 volt, míg az 1000 rekombinálandó adatsor átlagos fahossza 1416. Fentiek alapján valószínű, hogy a hazai *P. teres* populáció elsősorban ivartalanul szaporodik. Hasonló eredményeket kaptunk az összes PTT izolátum, illetve a 66 PTT izolátumot tartalmazó klád analízise során is. A *P. teres* heterotallikus faj. Mivel a párosodási típusok eloszlása közel egyenlő volt a populációban (39 MAT1, 43 MAT2 és 2 ismeretlen), az ivartalan szaporodás feltételezett dominanciája nem a MAT gének aránytalan eloszlásának következménye. Az előadásban további populációgenetikai számítások segítségével jellemezzük a kórokozó hazai csoportjait.

A kutatást a Bolyai János Kutatási Ösztöndíj (Tóth B.), és az NKTH DTR_2007 pályázatok támogatták.