

AZ ITS-RÉGIÓ EVOLÚCIÓJA A FEHÉR FAGYÖNGY (*VISCUM ALBUM*) HIPERPARAZITA KÓROKOZÓJÁNAK (*PHAEOBOTRYOSPHAERIA VISCI*) HAZAI POPULÁCIÓJÁBAN: AZ ITS2 MÁSODLAGOS SZERKEZETÉNEK JELENTŐSÉGE

Varga Ildikó^{1,2} és Poczai Péter¹

¹ Department of Biosciences, University of Helsinki, Helsinki, Finland.

² Pannon Egyetem, Georgikon Kar, Keszthely.



1. ábra:

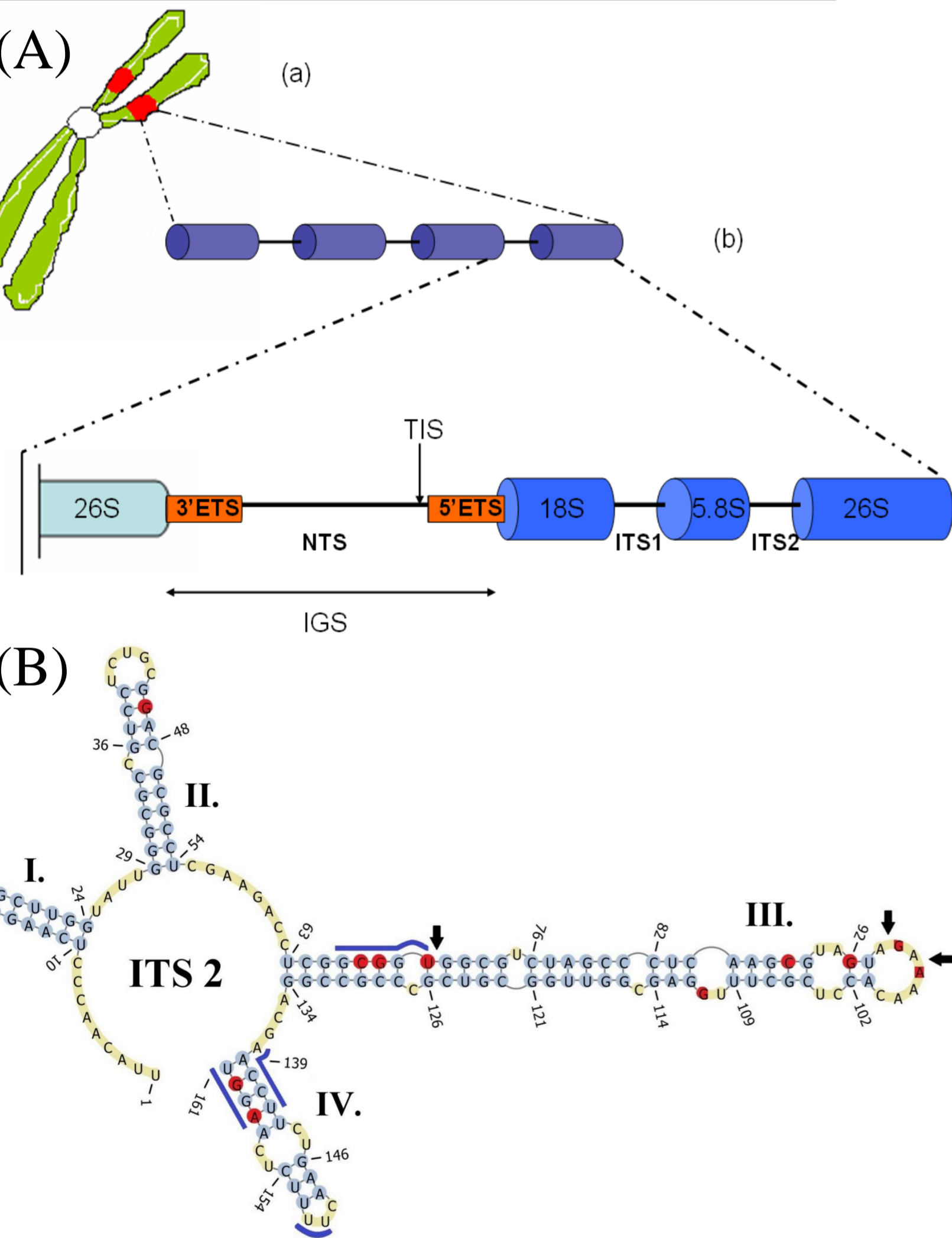
Ph. visci tünetei fehér fagyöngy hajtásain.



Bevezetés

A fehér fagyöngy (*Viscum album* L.) a fagyöngyfélék (Viscaceae [synonym: Santalaceae sensu lato]) családjába tartozó virágos élősködő, mely mára egész Európában elterjedt és jelentősen felszaporodott. Megtelepedése nyomán a gazdafák életképessége csökken, tömeges fertőzés esetén azok mortalitása jelentősen megemelkedik.

A félpazita elleni eredményes védekezés szempontjából a (*Phaeobotryosphaeria visci* (KALCHBRENNER) AJL PHILLIPS & CROUS) kórokozó tűnik perspektivikusnak. Vizsgálataink során a *Ph. visci* hazai populációjában kerestük az ITS2 szerkezetében bekövetkező infraspecifikus változásokat, valamint az adott változások populáción belüli eloszlását is vizsgáltuk.



2. ábra: Az rDNS egységes szerkezetének és a kromoszómán való elhelyezkedésének sematikus ábrázolása (A). Az ITS2-RNS másodlagos szerkezete (B).

A *Ph. visci* izolátumok ITS2 régiója 139 konzervált bázispárt tartalmazott, míg a többi a riboszóma biogeneziséhez nem szükséges bázis elég változatos volt ahhoz, hogy az izolátumokat jellemezzük. A *Ph. visci* izolátumok rekonstruált másodlagos szerkezete megegyezett a négy hélixen alapuló modellel.

Ezek közül a legtöbb változás a III. és IV. hélixben történt, amelyek nem idéztek elő további kompenzáló (CBC) vagy hemi-kompenzáló (hemi-CBC) bázisváltozásokat.

Az 5.8S riboszómális alegységet követő ITS2-régió másodlagos szerkezete fontos szerepet tölt be a riboszómák maturációjában, valamint abban, hogy az endonukleolitikus enzimeket a megfelelő vágási helyre irányítsa. Az ITS2 másodlagos szerkezete általában négy hélixből áll és erősen konzervált struktúrával rendelkezik.

Az ITS2-régiók másodlagos szerkezetében kimutatható eltérések taxonómiai szinten fontos információval szolgálhatnak, hiszen nem csupán az egyes fajok elkülönítésben, hanem a rokonsági viszonyok, vagy egy adott populáció genetikai struktúrájának feltérképezésében is segíthet.

Az elemzések során összesen 130 mintát használtunk fel, melyekből PCR eljárással felszaporítottuk a sejtmagi riboszómális köztes átíródó szakaszokat (rDNS-ITS). Az ampikonokat mindkét irányban szekvenáltuk, majd a szekvenciákat annotáltuk és kivágtuk az ITS2-szakaszokat. A helyes ITS2-szerkezeteket egy Needleman-Wunsch algoritmuson alapuló Hidden Markov-modellt alkalmazó adatbázis segítségével rekonstruáltuk. A másodlagos szerkezetben bekövetkező változásokat egy egyedi molekuláris morfometriai kódolás segítségével kódoltuk, illetve a molekulák struktúra-szekvencia jellemzőit egy 12 tagú pszeudofehérjére is átfordítottuk. Ezeket az információkat egyesítve a szekvencia adatokkal parszimónia, Bayes és maximum likelihood alapú filogenetikai elemzéseket végeztünk.

Az ITS2 modellezett szerkezetének változásait görög betűkkel elkülönített típusokba soroltuk (α - ϵ). A *Ph. visci* magyarországi populációjában a leggyakoribb az α alaptípus, míg az egyes specifikus változásokat tartalmazó ITS2-szerkezetek előfordulása egybeesik a filogenetikai elemzések során azonosított kládokkal. Összefoglalva megállapítható, hogy az ITS2-szerkezet modellezése segíthet a *Ph. visci* izolátumainak pontosabb elkülönítésében, illetve nagymértékben javítja a filogenetikai elemzések pontosságát.

Köszönetnyilvánítás

A kutatást a Magyar Állami Eötvös Ösztöndíj támogatta (MÖB/101-1/2013).

Anyag és módszer

Eredmények

Bevezetés

Eredmények