

Rizsfajták molekuláris genetikai és kórtani vizsgálata új, gazdaságilag értékes génforrások azonosítására az FVM/GCP együttműködés keretében

Jancsó Mihály¹, Claire Billot², Didier Tharreau²

¹*Halászati és Öntözési Kutatóintézet, H-5540 Szarvas, Anna liget 8.*

²*CIRAD - Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement, 34398 Montpellier Cedex 5*

E-mail: jancsom@haki.hu

A rizs (*Oryza sativa* L.) a világelelmezés egyik legfontosabb növénye, ezért az értékes génforrások megőrzése és felmérése kiemelt fontosságú. Magyarország az európai rizstermesztés északi határán fekszik, ezért csak a speciális klimatikus adottságokhoz alkalmazkodni képes, hazai nemesítésű fajtákat termesztünk. A rizs egyik legveszélyesebb kórokozója a pirikuláriózis (*Magnaporthe grisea* (Herbert) Barr), amely képes fertőzni a rizs valamennyi vízfelszín fölé nyúló szövetét. A gomba elleni leghatékonyabb védekezés a rezisztens fajták előállítása, ehhez fontos megismernünk a különböző genotípusok genetikai hátterét.

A 2007-ben indult FVM/CGIAR Generation Challenge Program (GCP) együttműködés keretében a szarvasi Halászati és Öntözési Kutatóintézetben (HAKI) fenntartott rizs fajtagyűjteményből választottunk ki 72 genotípust, amelyekkel növénykórtani és genetikai vizsgálatokat végeztünk a fajták közötti genetikai variabilitás felmérésére a franciaországi Montpellier-ben.

A növénykórtani vizsgálatokat a CIRAD UMR-BGPI üvegházaiban végeztük el. A korábban begyűjtött fertőzött növényi szövetekről izoláltuk a gomba konídiumait, majd egy konídiumból kiindulva készítettük el az izolátumokat a hosszú távú megőrzésre.

A CIRAD pirikulária gyűjteményéből nyolc izolátumot választottunk ki a növények rezisztenciájának tesztelésére (FR14, FR94, FR137, PR9, PR14, IT10, HN1), ezek közül a HN1-et korábban Magyarországon gyűjtött mintákról izolálták. A -20°C-on tárolt gombamintákat rizsliszttel kiegészített táptalajon szélesztettük (15 g rizsliszt, 20 g agar, 2,5 g élesztőkivonat/1000ml), majd ezekből a fertőzések előtt közvetlenül készítettük elő a konídiumokat ($5 \cdot 10^4$ /ml) tartalmazó szuszpenziókat (steril víz és 1 g/l zselatin). A fertőzés után a gombák fejlődéséhez az optimális körülményeket pára- majd klímakamrában biztosítottuk. A növények ellenálló-képességét a tünetek típusai szerint (6 fokozat) értékeltük és hasonlítottuk az ismert rezisztenciagéneket hordozó standard fajtákhoz.

A molekuláris genetikai analízisnek a Genotipizálási Platform adott otthont, ahol a genotípusokat mikroszatellit markerekkel (SSR) vizsgáltuk. A markereket az EUROGENE program keretében fejlesztették ki. A kapott PCR termékeket LI-COR DNS szekvenálókval választottuk el, majd SAGA Generation 2 program segítségével elemeztük.

Az adatok további elemzésére a CIRAD DarWin5 programját, illetve a PowerMarker programot használtuk.

A vizsgált SSR markerek alapján meghatároztuk a hazai fajtasortiment feltételezett rokonsági kapcsolatait. A markerek alapján a köztermesztésben lévő fajták genetikai változatossága alacsony mértékű, jelentős eltéréseket csak a vizsgálatban szereplő távol-keleti, brazil és iráni fajtákhoz viszonyítva találtunk. A növénykórtani vizsgálatok alapján a genotípusok között öt olyat találtunk, amelyek nem mutatták a fertőzés tüneteit egyetlen izolátum esetében sem, ezek további vizsgálata szükséges ahhoz, hogy a rezisztencia genetikai hátterét és szélességét pontosan meghatározzuk.