

Poznatky k slovenskej populácii *Dothistroma pini*

KATARÍNA ADAMČÍKOVÁ, EMÍLIA ONDRUŠKOVÁ, MAREK KOBZA, RADOVAN OSTROVSKÝ,
ZUZANA JÁNOŠÍKOVÁ

Ústav ekológie lesa SAV, v.v.i., Oddelenie fytopatológie a mykológie, Akademická 2, Nitra
katarina.adamcikova@ife.sk

Dothistroma pini je jeden z dvoch patogénov spôsobujúcich červenú sypavku borovíc. Tento druh bol definovaný v roku 2004 a následne zaznamenaný vo viacerých európskych krajinách. Na Slovensku bol prvýkrát zaznamenaný vo vzorkách odobratých z 2 plantáží *Pinus nigra* v juhozápadnej časti krajiny v roku 2013. V nasledujúcich rokoch (2014–2017) bolo identifikovaných 8 nových záznamov, z ktorých iba 2 boli porasty s väčším počtom infikovaných stromov, zatiaľ čo zvyšok (6 lokalít) predstavovali individuálne infikované stromy. Ďalšie skúmanie prítomnosti patogénu priamo v ihliciach borovíc pomocou druhovo špecifických primerov odhalilo v roku 2018 na Slovensku 17 nových stanovišť výskytu *D. pini*. Posledný prieskum šírenia patogéna zistil ďalších 15 lokalít.

Takmer všetky infikované stanovištia sú mestské výsadby alebo plantáže *P. nigra*, ktorý je dominantným hostiteľským druhom *D. pini* na Slovensku. Hostiteľské spektrum huby spolu zahŕňa 13 taxónov (*P. aristata*, *P. armandii*, *P. cembra*, *P. coulteri*, *P. densiflora*, *P. flexilis*, *P. jeffreyi*, *P. nigra*, *P. mugo*, *P. ponderosa*, *P. sylvestris*, *P. ×schwerinii*, *Picea abies*).

Tieto záznamy *D. pini* dokazujú jej postupné šírenie, potvrdzujú vyššie riziko napadnutia prevažne mestských plantáží a odhaľujú kolonizáciu nových typov porastov a hostiteľských druhov. Nové geografické záznamy zo severnej a východnej časti Slovenska poukazujú na expanziu patogéna, jeho geografický rozsah sa ukazuje byť väčší, ako sa pôvodne očakávalo.

U 105 izolátov zozbieraných z 10 lokalít a siedmich hostiteľov sme stanovili populačnú štruktúru, genetickú diverzitu a spôsob reprodukcie. Celkovo bolo identifikovaných 15 unikátnych multi-locusových haplotypov (MLH) a 3 ITS haplotypy. Tri nezávislé metódy (DAPC, STRUCTURE, EDENetwork) rozdelili izoláty do dvoch odlišných populačných klastrov zodpovedajúcich ITS haplotypom. Zaznamenali sme vysokú úroveň klonality, čo naznačuje, že konídie sú primárnym zdrojom šírenia patogéna. Nízka genetická diverzita, prevažne nepohlavný spôsob reprodukcie patogéna a skutočnosť, že väčšina izolátov bola zozbieraná z introdukovaných druhov stromov a pôvodných druhov v umelo vysadenej mestskej zeleni, podporuje hypotézu, že *D. pini* bola na Slovensko introdukovaná nedávno, pravdepodobne v dôsledku šírenia sprostredkovaného človekom a v súvislosti aj s klimatickou zmenou.

Tento výskum bol finančne podporený grantom VEGA 2/0132/22 a COST CA20132.