

Vývoj vnitrodruhové diverzity *Phytophthora ×alni* v oblasti povodí Vltavy

ŠTĚPÁN PECKA¹, ONDŘEJ KOUKOL², GABRIELA ŠRÁMKOVÁ², DANIEL ZAHRADNÍK¹, KAREL ČERNÝ¹

¹ Výzkumný ústav pro krajinu, v.v.i., Květnové nám. 391, 252 43 Průhonice

pecka@vukoz.cz

² Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Benátská 2, 128 00 Praha 2

Phytophthora alni s.l., invazní patogen olší (*Alnus* spp.), zahrnuje tři druhy. Nejčastějším a zároveň nejvíce patogenním z nich je triploidní hybridní druh *P. ×alni*, který vykazuje značnou vnitrodruhovou variabilitu s dominancí genotypu Pxa-1, přičemž další desítky vzácných genotypů jsou od něj většinou odvozené ztrátou heterozygoty. Lokální populace tohoto patogenu jsou vysoce proměnlivé, avšak jejich populační struktura a dlouhodobý vývoj zůstávají stále nedostatečně prozkoumané.

V našem výzkumu jsme porovnali dva soubory izolátů *P. ×alni* získaných ze stejných lokalit v povodí Vltavy (Česká republika) – během epidemické fáze (2005–2010) a postepidemické fáze (2020–2024). Pomocí analýzy mikrosatelitů a testování biologické zdatnosti (produkce sporangii, růst a virulence) jsme analyzovali 151 izolátů *P. ×alni* reprezentujících 23 multilokusových genotypů. Naše výsledky ukazují, že po skončení epidemie došlo k významnému poklesu genetické diverzity a zároveň ke zvýšení zastoupení genotypu Pxa-1. Tento genotyp byl jako jediný opakovaně izolován ze stejných lokalit, zatímco vzácné genotypy jím byly často nahrazeny. Výskyt odvozených (vzácných) genotypů i míra jejich genetické odlišnosti od Pxa-1 v čase výrazně poklesla.

Testování vybraných genotypů ukázalo, že vzácné genotypy mají výrazně nižší fitness než dominantní Pxa-1 – čím více genetických změn (zejména ztrát alel) daný genotyp měl, tím horší byly jeho schopnosti růstu, sporulace i virulence.

Získané výsledky nám umožňují formulovat hypotézu o vývoji populací *P. ×alni* v evropském měřítku: po počátečním zavlečení dominantního genotypu (nejčastější) do prostředí s vysokou hustotou citlivých hostitelů (olše) dochází k jeho rychlému asexuálnímu šíření a následné tvorbě odvozených genotypů, z nichž se však dlouhodobě udrží pouze ty s vyšší fitness, která se projeví jako výhoda až v prostředí, kde hostitelů významně ubylo. V postepidemické fázi tak dochází ke snížení genotypové diverzity a opětovnému posílení dominance Pxa-1.

Tento vývoj má zásadní ekologické důsledky. Přetrvávání nejvíce patogenního genotypu i v pozdních fázích invaze znamená, že riziko dalšího poškození přeživších populací olší nadále trvá. Vzhledem k tomu, že *P. ×alni* se šíří především vodou a jeho invaze je vázána na jednotlivá povodí, je pravděpodobné, že v jiných oblastech Evropy probíhá podobný scénář s různým časovým posunem. Výsledky zdůrazňují nutnost dlouhodobého sledování invazních patogenů nejen na úrovni druhové přítomnosti, ale také na úrovni populační genetiky, neboť tyto procesy mohou zásadně ovlivnit další dynamiku šíření i rozsah škod.

Projekt byl finančně podpořen grantem Technologické agentury ČR SS05010191.