

A búza szárrozsdá újbóli megjelenése Magyarországon

**Tar Melinda^{1*}, † Csősz Lászlóné, Cséplő Mónika³, Vida Gyula³, Kapás Mariann²
és Purnhauser László²**

¹NAIK Növénytermesztési Önálló Kutatási Osztály, 6726 Szeged, Alsó kikötő sor 9.

²Gabonakutató Nonprofit Közhasznú Kft., 6726 Szeged, Alsó kikötő sor 9.

³MTA ATK, Mezőgazdasági Intézet, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

*e-mail: tar.melinda@noko.naik.hu

Összefoglalás

A szárrozsdá (*Puccinia graminis* f.sp. *tritici*) világszerte egyike a legveszélyesebb búzabetegségeknek. Magyarországon az 1990-es évektől napjainkig nem vagy csak helyenként fordult elő. 2016-ban Szegeden és Martonvásáron természetes szárrozsdá fertőzést azonosítottunk egyes búza genotípusokon. A rasszazonosítást követően megállapítottuk, hogy a szicíliai durumbúzákat érintő szárrozsdá járvány uralkodó rassza (TTTTF) hazánkban is megjelent.

Abstract

Stem rust (*Puccinia graminis* f.sp. *tritici*) is one of the most dangerous wheat diseases around the world. From the 1990s to the present there was no stem rust occurred sporadically in Hungary. In 2016 natural infection was identified on some wheat genotypes in Szeged and Martonvásár. After pathotype identification it was found that the main race of Sicilian durum wheat stem rust epidemic (TTTTF) appeared in Hungary as well.

Bevezetés

A szárrozsdá (*Puccinia graminis* f.sp. *tritici*) világszerte egyike a legveszélyesebb búzabetegségeknek. Súlyos járvány kialakulása esetén akár 100 %-os termésveszteséget is okozhat, hiszen a teljes növényt képes megtámadni jelentősen befolyásolva ezzel az anyagcsere-folyamatokat. A rezisztens, *Sr31* rezisztencia gént hordozó búzafajták világszerte történt meghonosításának és a köztesgazda (*Berberis* fajok) gyérítésének köszönhetően az 1950-es

évektől ez a rozsdafaj nem okozott jelentős gazdasági problémát. 1998-ban azonban egy új, agresszív szárrozsda rassz (Ug99) jelent meg Ugandában, amely az addig rezisztens búzafajtákat is megfertőzte. Az Ug99 megjelenéséig nem azonosítottak olyan szárrozsda rasszt, amellyel szemben a legtöbb, a termesztett fajtákban elterjedt rezisztencia gén hatástalannak bizonyult (Pretorius és mtsai 2000). A kórokozó változékonyságát mutatja, hogy napjainkig több, mint 13 ismert variáns létezik az Ug99 rasszcsoporton belül, és Dél-Afrikától Kelet-Afrikán át a betegség jelen van Jemenben és Iránban is. A probléma súlyosságát növeli, hogy az utóbbi évek szélsőséges időjárási viszonyainak köszönhetően Szicília szigetén 2016-ban egy új rasszal (TTTTF) a szárrozsda több ezer hektárnyi durumbúzát fertőzött meg (Bhattacharya 2017). Ezzel több, mint 50 év után a betegség visszatért Európába, veszélyeztetve a világ legnagyobb búzatermő területeit. Hazánkban az első nagy szárrozsda járványt 1873-ban jegyezték fel, amely a probléma súlyosságának felismerésével egyidőben a magyar rezisztencianemesítés kezdetét is jelentette. Az utolsó országos járványt 1972-ben írták le, és az 1990-es évektől napjainkig nem, vagy csak helyenként fordult elő (Manninger 2008). A változást a rozsdapopuláció rasszainak évenkénti azonosítása, a korai fajták nemesítése és nagyarányú elterjedése, a fungicidek megfelelő alkalmazása, valamint két, magyarországi körülmények között hatékony szárrozsda rezisztencia gén (*Sr31* és *Sr36*) nemesítésben történő alkalmazása idézte elő. Munkánk célja a 2015. és 2016. években Martonvásáron és Szegeden különböző búzafajtákról gyűjtött szárrozsda minták patotípus meghatározása volt.

Anyag és módszer

2015. és 2016. évben mesterséges (üvegházi és szántóföldi minták) és természetes szárrozsda fertőzött búzánövényekről származó uredospórákat gyűjtöttünk Szegeden és Martonvásáron. A monospóras izolátumok előállítása és vizsgálata évenként üvegházban történt Szegeden. Az izolátumok rassz-meghatározása a BGRI nemzetközi differenciáló vonalak felhasználásával történt, amely az alábbi rezisztencia géneket tartalmazza: *Sr5*, *6*, *7b*, *8a*, *9a*, *9b*, *9d*, *9e*, *9g*, *10*, *11*, *17*, *21*, *24*, *30*, *31*, *36*, *38*, *Tmp* és *Mcn*. Az infekciós típusok meghatározása Stakman és mtsai (1962) által kidolgozott értékelési skála (0-4 infekciós típus) alapján történt. A rasszok leírását a Roelfs és Martens (1988) által kidolgozott betűkódok alapján végeztük (1. táblázat).

1. táblázat. A szárrozsda differenciáló vonalakban szereplő gének csoportosítása és betűkódja

(forrás: www.fao.org)

	rezisztencia gének				
	Sr5	Sr21	Sr9e	Sr7b	Set1
	Sr11	Sr6	Sr8a	Sr9g	Set2
	Sr36	Sr9b	Sr30	Sr17	Set3
	Sr9a	Sr9d	Sr10	SrTmp	Set4
Betűk	Sr24	Sr31	Sr38	SrMcn	Set5
B	L	L	L	L	
C	L	L	L	H	
D	L	L	H	L	
F	L	L	H	H	
G	L	H	L	L	
H	L	H	L	H	
J	L	H	H	L	
K	L	H	H	H	
L	H	L	L	L	
M	H	L	L	H	
N	H	L	H	L	
P	H	L	H	H	
Q	H	H	L	L	
R	H	H	L	H	
S	H	H	H	L	
T	H	H	H	H	

L: alacsony fertőzöttség (0-2 infekciós típus)

H: erős fertőzöttség (3-4 infekciós típus)

B-T: a szárrozsda rasszok leírásához használt betűk

Eredmények és megvitatás

A 2015-ben és 2016-ban begyűjtött szárrozsda mintákból összesen 34 monospórási izolátumot állítottunk elő. A BGRI nemzetközi tesztzortiment alapján a 34 izolátum összesen 8 különböző rasszt (RTGPC, RKBDB, RKGNC, RKGDC, RNGDC, THTTF, RTGTF, TTTTF) képvisel. Az

azonosított rasszok mindegyike virulens volt az *Sr 5*, *Sr7b*, *Sr8a*, *Sr10*, *Sr21* és avirulens az *Sr24*, *Sr11* génekre. A 2016-ban azonosított patotípusok (TTHTF, RTGTF, TTTTF) között az *Sr36*, *Sr38* és *SrTmp* génekre virulens rasszokat is találtunk.

A 2015-2016-ban azonosított hazai szárrozsdá populáció összetétele nem homogén. A Manninger (1994) által leírt 11 és 218 rasszt nagy valószínűséggel sikerült azonosítanunk az üvegházi illetve szántóföldi mesterséges fertőzésből gyűjtött izolátumokból (RKBDB és TTHTF). Megjegyzendő azonban, hogy az 1990-es évek vizsgálatait nem terjedtek ki az *Sr9a*, *Sr9d*, *Sr10*, *SrTmp*, *Sr38* és *SrMcN* rezisztencia génekre. A 2016-ban azonosított rasszok eltérést mutattak a 2015-ben azonosítottakhoz képest, tehát ebben az évben rasszváltozás következett be a hazai szárrozsdá populációban a vizsgált helyeken. A 2016-ban azonosított TTTTF rassz megegyezik a Sziciliában járványt okozó szárrozsdá rasszal (rusttracker.cymmit.org, Dave Hodson 2017). Magyarországi megjelenése a spórák szélllel történő gyors terjedésének köszönhető. A nemesítők munkájának segítése érdekében fontos az újonnan megjelenő szárrozsdá populáció évről évre történő monitorozása, hiszen a hazai búza fajták ellenállósága két rezisztencia génen (*Sr31* és *Sr36*) alapul (Purnhauser és mtsai 2011).

Hivatkozások

- Bhattacharya, S. 2017. Deadly new wheat disease threatens Europe's crops. *Nature* 542: 145-146.
- Dave Hodson 2017. Personal communication.
- Manninger K. 1994. Survey of virulence genes in wheat stem rust in Hungary during 1989-1991. *Cereal Research Communication* 22. 3. 227-234.
- Manninger S-né 2008. Búzában előforduló rozsdagombák virulenciaváltozásai Magyarországon. *Növényvédelem* 44. 7. 328-332.
- Pretorius, Z.A., Singh, R.P., Wagoire, W.W., Payne, T.S. 2000. Detection of virulence to wheat stem rust resistance gene *Sr31* in *Puccinia graminis* f.sp. *tritici* in Uganda. *Plant Disease* 84. 203.
- Purnhauser, L., Bóna, L., Láng, L. 2011. *Identification of Sr31 and Sr36 stem rust resistance genes in wheat cultivars registered in Hungary*. *Cereal Research Communications* 39 1. 53-66.
- Roelfs, A.P., Martens, J.W. 1988. An international system of nomenclature for *Puccinia graminis* f.sp. *tritici*. *Phytopathology* 78. 526-533.
- Stakman, E.C., Stewart, D.M., Loegering, W.Q. 1962. Identification of physiologic races of *Puccinia graminis* var. *tritici* USDA, ARS, E-617. 54.