

The variability of a *Pyrenophora tritici-repentis* population as revealed by inter-retrotransposon amplified polymorphism with regard to the *Ptr ToxA* gene

LEONA LEIŠOVÁ-SVOBODOVÁ, ALENA HANZALOVÁ and LADISLAV KUČERA

Department of Molecular Biology, Crop Research Institute Prague, Drnovska 507, Prague 6 – Ruzyně, CZ – 161 06, Czech Republic;
leisova@vurv.cz

Leišová-Svobodová L., Hanzalová A. and Kučera L. (2010): The variability of a *Pyrenophora tritici-repentis* population as revealed by inter-retrotransposon amplified polymorphism with regard to the *Ptr ToxA* gene. – Czech Mycol. 61(2): 125–138.

Pyrenophora tritici-repentis (PTR) is one of the pathogens causing leaf spots in wheat. It occurs everywhere wheat is grown and forms populations with a high genetic variability. The aim of this study was to find a key to explain the relation between PTR population variability and its race spectrum. We studied the variability of a *P. tritici-repentis* population by analysing the retroelements Pyggy, TfoI, and MITE using two approaches: SSAP and IRAP. By analysing all 122 *Pyrenophora* spp. with four SSAP primer combinations and two IRAP markers, 186 polymorphic bands were detected. Cluster analysis based on molecular data showed that the variability of *P. tritici-repentis* isolates established by retrotransposon analysis cannot be explained by the race spectrum, except for race 4, or by geographic origin. A significant correlation was found, with two SSAP, three TfoI, and two MITE markers, between the presence or absence of the marker and the presence or absence of the *Ptr ToxA* gene, which is considered to be the main pathogenicity factor of this fungus. We found retrotransposons a powerful tool for the study of fungal population-genetic variability.

Key words: *Pyrenophora tritici-repentis*, *Ptr ToxA* gene, retrotransposons.

Leišová-Svobodová L., Hanzalová A. a Kučera L. (2010): Studie variability populace *Pyrenophora tritici-repentis* na základě polymorfismů amplifikovaných inter-retrotransposonových oblastí a genu *Ptr ToxA*. – Czech Mycol. 61(2): 125–138.

Pyrenophora tritici-repentis je jedním z původců listových skvrnitostí pšenice. Vyskytuje se všude tam, kde se pěstuje pšenice a tvoří značně variabilní populaci. Hlavním cílem práce bylo vysvětlit vztah mezi variabilitou populace *P. tritici-repentis* a jejím rasovým spektrem. Variabilitu populace *P. tritici-repentis* jsme studovali pomocí dvou přístupů analýzy retrotransposonů Pyggy, TfoI a MITE: SSAP a IRAP. Analýzou 122 izolátů *Pyrenophora* spp. pomocí čtyř SSAP primerových kombinací a dvou IRAP markerů jsme detekovali 186 polymorfních signálů. Klastrová analýza získaných dat ukázala, že variabilitu izolátů *P. tritici-repentis* není možné vysvětlit rasovým spektrem izolátů s výjimkou rasy 4 ani místem sběru izolátů. Statisticky významná korelace byla nalezena u dvou SSAP, tří TfoI a dvou MITE markerů mezi přítomností či nepřítomností markeru a přítomností či nepřítomností genu pro Toxin A, který je považován za hlavní faktor patogenity u tohoto druhu houby. Retrotransposony se ukázaly být účinným nástrojem ke studiu genetické variability populací hub.