

AZ INVÁZIÓS TÖLGY CSIPKÉSPOLOSKA (*CORYTHUCHA ARCUATA*) POPULÁCIÓ GENETIKAI VIZSGÁLATÁNAK EDDIGI EREDMÉNYEI

Tóth Viktória¹, Csóka György², Tuba Katalin¹, Kalocsai Angéla¹,
Szőke-Wittich Réka³, Lakatos Ferenc¹

1, SoE Erdőmérnöki Kar Erdő- és Természeti Erőforrás-gazdálkodási Intézet

2, SoE Erdészeti Tudományos Intézet, Erdővédelmi Osztály

3, Országos Erdészeti Egyesület

TARTALMI KIVONAT

Az észak-amerikai eredetű tölgy csipkéspoloska (*Corythucha arcuata* Say, 1832) az elmúlt több mint 20 év alatt az európai tölgyesek egyik jelentős károsítójává vált. Eddig 27 tölgyfajt azonosítottak, mint potenciális tápnövényét, így hazánkban közel 600 ezer hektárnyi tölgyes szolgálhat tápnövényeül, ezáltal nagy ökológiai és ökonómiai jelentőséggel bír. Az inváziós fajok sikerességének megértéséhez és ezáltal hatékonyabb növényvédelmi, illetve erdővédelmi stratégiák kidolgozásában egyre szélesebb körben alkalmaznak genetikai módszereket.

Kutatásunk során a tölgy csipkés poloska 18 európai és kis-ázsiai populációjából származó 73 egyedét vizsgáltuk meg molekuláris genetikai módszerekkel. Összesen 10 haplotípust mutattunk ki az COI 546bp hosszú génszakaszáról. Olaszországból, Svájc-ból és Szlovéniából összesen 3 haplotípust azonosítottunk, míg Törökországból 8-at. Amíg az első betelepülési esemény helyszínei genetikai mintázat alapján is elkülöníthetők (Olaszország, Svájc és Szlovénia az egyik, Törökország a másik), addig a kettő közötti terület (Balkán, Közép-Európa) pontosabb feltáráshoz további populációkra és új módszerek alkalmazására lesz szükség.

KULCSSZAVAK: tölgy csipkéspoloska, inváziós faj, tölgyek, populáció genetika

BEVEZETÉS

A tölgy csipkésposloska európai inváziójának története jól dokumentált (Gy. Csóka et al. 2020). Megtelepedése egymástól függetlenül két helyszínen is bekövetkezett, először 2000-ben Olaszországban, majd 2002-ben Törökországban. A kontinensen átívelő gyors terjeszkedése csak 8-10 évvel később indult meg. A tölgy csipkésposloska Észak-Amerikában őshonos, ahol Kanada déli részén, valamint az USA keleti felén széleskörben elterjedt (Drake and Ruhoff 1965). Széles tápnövény spektrummal rendelkezik, melyek közül a tölgy fajok (*Quercus* sp.) a fő tápnövényei (Gy. Csóka et al. 2020).

A faj biológiájáról viszonylag kevés ismeretanyag áll rendelkezésre, mivel őshazájában ökológiai, valamint gazdasági jelentősége csekély. Ezzel szemben Európában gyors terjeszkedésével, és szaporodásával hamar inváziós fajjá vált és jelentős károkat okoz az őshonos tölgyesekben. Az imágók és a nimfák májustól szeptemberig a levelek fonákán szívogatnak, ami a levelek elszíneződéséhez vezet és a korai lombhullást okoz (Gy. Csóka et al. 2020). A nőtények a levél fonáki oldalán helyezik el tojásaikat. Kifejlődésükhöz kb. 30-45 nap szükséges. Európában 2-4 generációjuk lehet évente. Imágó alakban telelnek át a kéregrepedésekben, valamint a meglazult kéregdarabok alatt. Az ellenük való védekezés lehetőségeit több megközelítésben kutatják (F. Bălăcenoiu et al. 2021; M. Kovač et al. 2020).

A genetikai módszerek hasznos információkkal szolgálnak az inváziós fajok sikerességének megértésében (Kirichenko et al. 2017). Ezek a módszerek segítenek az inváziós fajok forráspopulációinak, az alapító populációnak azonosításában, valamint az inváziós útvonalakat feltárásában, és nem utolsósorban a betelepedések számának meghatározásában (Estoup & Guillemaud 2010; Kirichenko et al. 2017). Ezen ismeretek birtokában hatékonyabb növényvédelmi stratégiákat alakíthatunk ki. Kutatásunk célja 1) a tölgy csipkésposloska betelepedések számának meghatározása; 2) az inváziós útvonalak és 3) az inváziós területen belül kimutatható genetikai mintázat feltárása mitokondriális DNS markerekkel.

ANYAG ÉS MÓDSZERTAN

A tölgy csipkés posloska egyedeit 9 európai ország (Olaszország, Svájc, Szlovénia, Magyarország, Románia, Horvátország, Bulgária, Görögország és Törökország) 18 különböző földrajzi helyszínéről gyűjtöttük be. A mintákat feldolgozásig 4 °C-on 96%-os alkoholban tároltuk. A DNS kivonást Gen Elute Mammalian Genomic DNA Miniprep Kit (Sigma-Aldrich) segítségével gyártói protokoll szerint hajtottuk végre. A kinyert DNS-t -20°C-on tároltuk. A COI génszakasz felszaporításához az S1718 és A2411 primerpárokat használtuk (Jordal et al. 2011). A minták szekvenálását a Macrogen Laboratóriumában (Amsterdam, Hollandia) végezték.

A leolvasási eredményeket Finch TV 1.4.0 programmal ellenőriztük le és a ClustalX programmal illesztettük (Thompson et al. 1997). A genetikai távolságot Kimura 2-paraméterrel a MEGA 5.02 szoftver segítségével számoltuk (Tamura et al. 2007).

EREDMÉNYEK ÉS MEGVITATÁS

A tölgy csipkés posloska 73 egyedének mitokondriális COI génjének 546bp hosszú szakaszáról összesen 10 haplotípust mutattunk ki. A variábilis pozíciók száma 11 (2,02%), ahol az egyes haplotípusok 1-5 pontmutációban tértek el egymástól. A leggyakoribb haplotípus a HT2 (49,3%), HT1 (13,7%), és a HT6 (13,7%) volt. A HT6-ot csak Görögországból és Bulgáriából sikerült kimutatnunk. A HT8-as unikális az olasz, svájci, valamint a magyar populációkra. A legtöbb haplotípust Törökországból került elői (ezek közül a HT3-5, HT9-10 szingletonok). Olaszországból, Svájcból és Szlovéniából összesen három haplotípust mutattunk ki, míg Törökországból nyolcat. Amíg az első betelepülési esemény helyszínei genetikai mintázat alapján is jól elkülöníthetők (Olaszország, Svájc és Szlovénia az egyik, Törökország a másik), addig a kettő közti

terület (Balkán, Közép-Európa) pontosabb feltárásához további populációkra és új módszerekre lesz szükségünk.

Lakatos és munkatársai (2022) a platán csipkés poloska esetén hasonló hosszúságú DNS szakaszokat vizsgálva jóval magasabb egyedszám mellett is csupán két haplotípust mutatott ki Európából. A tölgycsipkés poloska esetén kimutatott haplotípus szám jelentőségét növeli, hogy a két csipkés poloska faj különböző időléptékű inváziós háttérrel rendelkezik. Míg a platán csipkés poloskának megközelítőleg 60 év állt rendelkezésre, addig a tölgy csipkés poloska alig több mint 20 éve van jelen Európában.

ÖSSZEFOGLALÁS

Kutatásaink során a tölgy csipkés poloska 73 egyedének COI génjének vizsgálata során 10 haplotípust mutattatunk ki a faj inváziós területéről. Magas a haplotípusok száma Törökországban, közepesen magas Közép-Európában. A kolonizációs útvonalak és genetikai mintázat nem fedt át teljes mértékben. A tölgy csipkés poloska jóval magasabb genetikai változatosságot mutat az inváziós területen, mint közeli rokona, a platán csipkés poloska. A továbbiakban tervezett munka: mintavételezés a természetes elterjedési területről, a minta elemszám és mintavételi helyek növelése Európából, valamint további módszerek kipróbálása (NGS).

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A minták gyűjtéséért köszönetet szeretnénk mondani Balogh Csabának, Maarten De Groot-nak és Serap Mutun-nak.

FELHASZNÁLT IRODALOM

Bălăcenoiu, F., C. Nețoiu, R. Tomescu, D. C. Simon, A. Buzatu, D. Toma, and I. C. Petrișan. 2021. 'Chemical Control of *Corythucha Arcuata* (Say, 1832), an Invasive Alien Species, in Oak Forests'. *Forests* 12 (6): 770.

- Csóka, Gy., A. Hirka, S. Mutun, M. Glavendekić, Ágnes Mikó, L. Szőcs, M. Paulin, et al. 2020. 'Spread and Potential Host Range of the Invasive Oak Lace Bug [*Corythucha Arcuata* (Say, 1832)–Heteroptera: Tingidae] in Eurasia'. *Agricultural and Forest Entomology* 22 (1): 61–74. <https://doi.org/DOI: 10.1111/afe.12362>.
- Drake, C. J., and F. A. Ruhoff. 1965. 'Lacebugs of the World: A Catalog (Hemiptera: Tingidae)'. *Smithsonian Institution, Washington, DC, United States National Museum Bulletin* 213: 634.
- Estoup, A., and T. Guillemaud. 2010. 'Reconstructing Routes of Invasion Using Genetic Data: Why, How and so What?' *Molecular Ecology* 19 (19): 4113–30.
- Jordal, B. H., A. S. Sequeira, and A. I. Cognato. 2011. 'The Age and Phylogeny of Wood Boring Weevils and the Origin of Subsociality'. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 59 (3): 708–24.
- Kirichenko, N., P. Triberti, I. Ohshima, H. Haran, B.-K. Byun, H. Li, S. Augustin, A. Roques, and C. Lopez-Vaamonde. 2017. 'From East to West across the Palearctic: Phylogeography of the Invasive Lime Leaf Miner *Phyllonorycter Issikii* (Lepidoptera: Gracillariidae) and Discovery of a Putative New Cryptic Species in East Asia'. *PLoS ONE* 12 (2): e01711104: 1-22. <https://doi.org/doi:10.1371/journal.pone.0171104>.
- Kovač, M., M. Gorczak, M. Wrzosek, C. Tkaczuk, and M. Pernek. 2020. 'Identification of Entomopathogenic Fungi as Naturally Occurring Enemies of the Invasive Oak Lace Bug, *Corythucha Arcuata* (Say)(Hemiptera: Tingidae)'. *Insects* 11 (10): 679.
- Lakatos, F., K. Tuba, B. Bender, H. Kajimura, and V. Tóth. 2022. 'Longer MtDNA Fragments Provide a Better Insight into the Genetic Diversity of the Sycamore Lace Bug, *Corythucha Ciliata* (Say, 1832) (Tingidae, Hemiptera), Both in Its Native and Invaded Areas'. *Insects* 13 (2). <https://doi.org/10.3390/insects13020123>.
- Tamura, K., J. Dudley, M. Nei, and S. Kumar. 2007. 'MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) Software Version 4.0'. *Molecular Biology and Evolution* 24 (8): 1596–99.
- Thompson, J. D., T. J. Gibson, F. Plewniak, F. Jeanmougin, and D. G. Higgins. 1997. 'The Clustal_X Windows Interface: Flexible Strategies for Multiple Sequence Alignment Aided by Quality Analysis Tools'. *Nucleic Acids Research* 25: 4876–82.