

ВАРИАЦИИ ВО МИТОХОНДРИАЛНАТА ДНК НА *MELIODOGYNE INCOGNITA*, *M. JAVANICA* / *M. ARENARIA*

Македонка Даутова^{1,2} and F.J. Gommers¹

¹Лабораторија за Нематологија, Wageningen UR, Wageningen - Холандија

²ИРЕ Институт за Земјоделие, Струмица - Македонија

1999, Гент, Белгија, 51ви Интернационален Симпозиум за Заштита на растенијата, Зборник на абстракти, Стр.: 54.

Вариациите на кратките последователни повторувани ДНК сегменти во митохондриалната ДНК (mtDNA), најчесто дуплицирани со различен број на копии, резултира во различни mtDNA молекули (VNTRs – variable number tandem repeats) и нудат можност да се употребат како маркери за популациски изучувања на организми како што се *Meloidogyne* видовите. Во овој труд изучувана е дистрибуцијата на 63-bp VNTRs во 16 *M. incognita*, *M. javanica* и *M. arenaria* популации кои потекнуваат од различни делови на светот со генотипирање на индивидуални нематоди.

Популациите беа пропагирани на корени од компир на воден агар во петриевки. Бројот на копии и фреквенциите на алелите беа испитувани во PCR амплифицирани продукти од дванаесет до пееесет ларви (L₂) по популација и процентот на генетски вариации беше проценет во (Ci) и помеѓу индивидуите (Cip), и помеѓу популациите (Cps). Највисоката фреквенција на хомоплазмични индивидуи во популациите од *M. incognita*, *M. javanica* и *M. arenaria* беше 34, 67 и 83%, додека хетероплазмиската вариација во индивидуите беше 68, 48 и 49%. Генетските вариации помеѓу индивидуите во популациите беше ниска додека помеѓу популациите *M. incognita* беше најхомогена (9%) во однос на *M. javanica* (17%) и *M. arenaria* (33%). Во основа хетероплазмичните нематоди имаат повисок број на копии во однос на хомоплазмичните.

Наследувањето на 63-бп VNTRs во *M. incognita* беше следено во три последователни генерации добиени од единечни женки. И покрај мајчинското наследување на mtDNA и облигаторното партеногенетско размножување, генетските вариации помеѓу индивидуите од јајните маси во трите последователни генерации се зголеми од 5% во првата на 6% во втората до 9% во третата генерација.

Клучни зборови: генетски вариации, митотска партеногенеза, растително паразитни нематоди, галови нематоди, тандемни повторувања.