

PAJZSTETŰ FAJOK MORFOLÓGIAI ÉS MOLEKULÁRIS ÖSSZEHAJONLÍTÓ VIZSGÁLATA

Hoffmann Viktória Zsanett¹, Sojnóczki Annamária¹, Fetykó Kinga², Kozár Ferenc² és Tóbiás István²

¹Budapesti Corvinus Egyetem, Kertészettudományi Kar, Rovartani Tanszék, 1118 Budapest, Ménesi út 44.

²MTA ATK Növénývédelmi Intézet, 1022 Budapest, Herman Ottó u. 15.

A pajzstetvek széles körben elterjedt növényi kártevők. A fajok meghatározása ivarérett nőtényből készült mikroszkópi preparátum alapján történik. Molekuláris módszerekkel a fajsztintű azonosítás nemcsak nőtény egyedek, hanem tojások, lárvák vagy hím egyedek esetében is lehetséges. Munkánk során morfológiai és molekuláris összehasonlító vizsgálatokat végeztünk az eperfa-pajzstetű *Pseudaulacaspis pentagona* (Targioni-Tozzetti, 1886) (Diaspididae) és két *Planococcus* (*Pseudococcidae*) fajon. Célunk, hogy a *P. pentagona* faj esetében mikropopulációs különbségeket, a *Planococcus* nemzetség esetében pedig a fajok közti genetikai eltéréseket tegyük láthatóvá molekuláris markerek segítségével. Molekuláris módszerekkel meghatároztuk a riboszomális DNS ITS2 szakasz bázissorrendjét. A kapott eredmények alapján feltételezhető, hogy a mikropopulációkat nagyobb mértékben befolyásolják a területi elkülönülések, mint a tápnövény. Az ITS2 régió alkalmas a két *Planococcus* faj elkülönítésére, melyek a szekvenciák alapján rajzolt törzsfán egyértelműen elkülönülnek egymástól. A molekuláris és morfológiai vizsgálatok mindkét faj esetében ugyanarra az eredményre vezettek. A molekuláris módszer alkalmas mind hím, mind nőtény imágók esetében a fajok elkülönítéséhez.

Kulcsszavak: *Pseudaulacaspis pentagona*, *Planococcus citri*, *Pl. vovae*, ITS 2, molekuláris markerek

A pajzstetvek világszerte elterjedt kártevők, melyek jelentős termés- és nyereségkiesést okoznak a mezőgazdaságban, szabadföldön és üvegházban egyaránt. Szívogatásukkal gyengítik a gazdanövényt, ez sok esetben a növény pusztulásához vezet. Közvetett kártételük még inkább nemkívánatosá teszi jelenlétüket az ültetvényekben; károsításuk nyomán erős mézharmat ürítés figyelhető meg, mely a növények disztóértékét csökkenti, és lehetőséget ad a korompenész megtelepedésére. Rejtett életmódjuk és kis méretük megnehezíti az ellenük való védekezést. Az integrált növényvédelem és a szelektív rovarölő szerek használatának terjedésével a pajzstetvek által okozott károk valószínűleg súlyosbodni fognak. Terjedésüket és megtelepedésüket a klímaváltozás nagymértékben segítheti (Kozár 1997).

Jelen cikkben két, egyazon módszer alapján elkészített munka eredményeit foglaltuk össze. Vizsgálatainkat az eperfa-pajzstetű *Pseudaulacaspis pentagona* (Diaspididae) (Sojnóczki Annamária), és a viaszos pajzstetvek (*Pseudococcidae*) *Planococcus* nemzetségének két faján végeztük (Hoffmann Viktória Zsanett).

A *Pseudaulacaspis pentagona* (Targioni-Tozzetti) erősen polifág, kozmopolita kagylós pajzstetű faj. A dísz- és gyümölcsfákon károsító pajzstetű fajok közül az egyik legveszélyesebb. Tápnövényeinek száma 100 körüli, melyek több mint 50 növény családból származnak (Ben Dov és mtsai 2013). A leginkább veszélyeztetett dísznövények a japánakác, az eperfa, az orgona, az ostorfa, míg a gyümölcsfák közül hazánkban károsítja az őszibarackot, a diót,

alkalmanként akár a szőlőt is (Kozár 1999). Az eperfa-pajzstetű őshazája feltehetően Kína. Európában először 1886-ban jelezték Olaszországból, de Magyarországra csak az 1920-as évek környékén kerülhetett be, feltehetően Baranya és Somogy megyébe. A faj hazai lassú és folyamatos, észak és északkeleti irányú terjedését a klímaváltozás is elősegíti (Kozár 2009). Az eperfa-pajzstetű terjedésének lehetséges útvonalára választ adhat a különböző tápnövényeken és területeken előforduló mikropopulációk közötti morfológiai és genetikai szintű különbségek vizsgálata.

A *Planococcus citri* (Risso 1813) Ázsia trópusi területeiről származó kozmopolita (Pellizzari és Germain 2010) viaszos pajzstetű faj. Magyarországon szabadföldi körülmények között nem telet át, azonban a lakásokban, üvegházakban egész évben folyamatosan megtalálható. Mintegy 70 növény család fajait károsítja, kártétele több országban is jelentős déligyümölcs és szőlő ültetvényekben (Kozár 1998, Williams 1992, Sforza és mtsai 2003).

A *Planococcus vovae* (Nasonov 1908) boróka viaszospajzstetű palearktikus elterjedésű. Hazánkban feltételezhetően egynemzedékes és lárva alakban telet át (Fetykó 2010). Főleg a *Cupressaceae* család tagjait, a *Thuja*, *Juniperus*, *Chamaecyparis* fajokat károsítja (Ben-Dov és mtsai 2013). Hazánkban, az utóbbi években megnövekedett a nyitvatermők népszerűsége, így a boróka viaszospajzstetű fertőzések száma is emelkedik.

A pajzstetű fajok elkülönítésére két eljárás ismert: a morfológiai bélyegek alapján, illetve molekuláris vizsgálatok segítségével. Mindkét módszernek megvannak a maga előnyei és hátrányai, viszont a jövőben valószínűleg szervesen kiegészítik majd egymást.

A pajzstetvek fajsztintű azonosítása a kifejlett nőstények morfológiai bélyegei alapján történik, melyeket mikroszkópi preparátumok segítségével vizsgálnak. A fajsztintű, pontos azonosítás szükségessé válhat pajzstetű tojások, lárvák vagy hím imágók esetében is, például inváziós viaszos pajzstetű fajok rendszeres felderítésekor. További nehézséget jelent a fajok azonosításában, hogy a monitorozásra használt

szexferomon csapdák kizárólag kifejlett hím egyedeket vonzanak.

Az elmúlt évtizedekben igen sok, részletesen kidolgozott eljárás vált elérhetővé a nukleinsavak vizsgálatához. A molekuláris vizsgálatok a pajzstetvek kutatási területét sem kerülik el. A pontos diagnosztizálást nagymértékben segítené egy megbízható molekuláris azonosítási módszer kidolgozása. A filogenetikai kutatások szerves részét képezik a riboszomális DNS vizsgálatok, a különböző régiók – polimorfizmusuk mértékétől függően – markerként rendkívül sokoldalúan felhasználhatók (Hillis and Dixon 1991). Nagy variabilitása végett az ITS régió vizsgálata megfelelő lehet alacsonyabb szintű rendszertani kapcsolatok valamint populációk tanulmányozására (Bakker és mtsai 1992; Dumont és mtsai 2005). Komoly előnye, hogy az ITS régiók határán nagymértékben konzervált kódoló szekvenciák találhatóak, így ezekre univerzális primerek tervezhetők.

Anyag és módszer

A *Pseudaulacaspis pentagona* esetében 7 helyszínről származó mintákat vizsgáltunk: Aszód, Gödöllő, Martonvásár, Vecsés, Japán (csak hím egyedek) és Kecskemét (Kecskemét1 és Kecskemét2). A feldolgozott minták egy része saját gyűjtés, de felhasználtunk az MTA ATK Növényvédelmi Intézet kollégái által begyűjtött mintákat és Japánból származó feromon csapdás anyagból származó hím egyedeket is. Morfológiai és molekuláris vizsgálatot az aszódi, gödöllői, kecskeméti és martonvásári mintákon (*1. táblázat*), míg a japán, a vecsési és a kecskeméti egyedeken molekuláris markerezést végeztünk.

A *Planococcus citri* faj esetében terepről begyűjtött, majd tenyészetbe vitt élő nőstény, valamint szexferomon csapdák által fogott hím egyedeket vizsgáltunk, míg a *Planococcus vovae* faj esetében terepről begyűjtött élő nőstény és feromon csapdából származó hím egyedeket tanulmányoztuk.

A morfológiai és molekuláris vizsgálatot mindig egyazon egyedeken végeztük. A mor-

***Pseudaulacaspis pentagona* nőtény egyedek morfológiai jellemzőinek adatai**

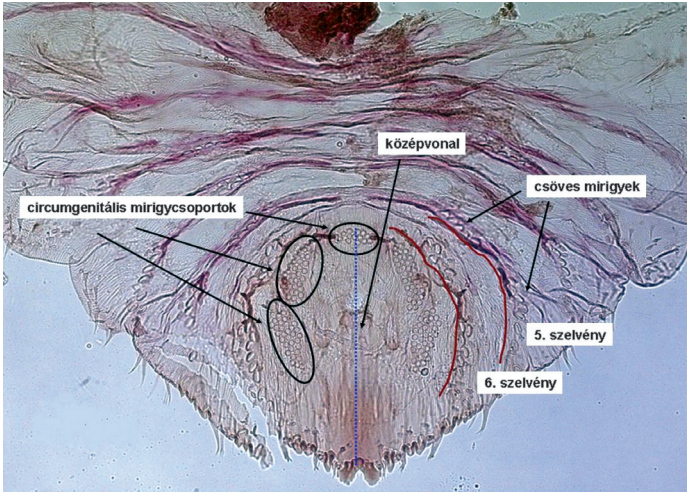
Morfológiai jelleg Gyűjtési helyszínek	Circumgenitális mirigy csoportok (db)					Csöves mirigyek (db)				Középvonal	Tápnövény
						5. potroh szelvény		6. potroh szelvény			
	Közép-ső	Bal felső	Jobb felső	Bal alsó	Jobb alsó	Bal	Jobb	Bal	Jobb		
Aszód	17	33	32	40	37	13	11	10	13	225,6	<i>Catalpa bignoides</i>
Gödöllő	16	33	36	32	35	12	13	14	14	240	<i>Sophora japonica</i>
Kecskemét	17	32	28	34	38	9	9	9	9	230,4	<i>Catalpa bignoides</i>
Martonvásár	14	26	23	24	26	8	7	8	10	204	<i>Syringa vulgaris</i>
Átlag	16	31	29,75	32,5	34	10,5	10	10,25	11,5	225	

fológián alapuló fajazonosításhoz csak a megfelelően preparált kültakaró szükséges. A DNS kivonáshoz, a preparálás folyamán eltávolított belső részeket használtuk. A mikroszkópi preparátumok Kosztarab és Kozár (1978) módszerével készültek. A feromon csapdából származó hímek esetében az egész testet felhasználtuk a molekuláris vizsgálatokhoz. A DNS kivonáshoz a REDEExtract-N-Ampl™ Tissue PCR Kitet (Sigma) használtuk.

Az ITS2 régiót a CAS5p8sFc és CAS28sB1d primerpárral szaporítottuk fel (Kim and Lee 2008). A polimeráz láncreakciót Eppendorf-PCR (Eppendorf Mastercycler Gradient) készülékben végeztük. A PCR sikerességét gélelektroforézissel ellenőriztük, majd a fragmenteket a PCR DNA Fragment Extraction Kit (Geneaid) segítségével tisztítottuk. A terméket a Fermentas utasításai szerint 1 µl Clonjet klónozó vektorba ligáltuk, a klónozáshoz *Escherichia coli* DH5α kompetens sejtet használtunk. A plazmidot a High-Speed Plasmid Mini Kit (Geneaid) segítségével tisztítottuk ki. A *Pseudaulacaspis pentagona* esetében a filogenetikai fát a CLC Sequence Viewer szoftver segítségével, a *Planococcus* fajok esetében a MEGA 3.1 szoftverrel végeztük.

Eredmények és megvitatásuk***Pseudaulacaspis pentagona* morfológiai és molekuláris vizsgálata**

A kagylós pajzstetvek nőtényeinek a fajszintű azonosító bélyegei a test úgynevezett farlemezen vagy pigidiumán találhatóak, ezért a mikroszkópi preparátumot csak a harántirányban kettévágott test e részéből készítettük. Az összehasonlításhoz jól felismerhető és könnyen számszerűsíthető morfológiai bélyegeket kerestünk: (I) hasi oldalon az ivarnyílás körüli 5 tömör, korong alakú mirigyekből álló úgynevezett circumgenitális mirigyképlet; (II) a háti oldalon, kettős kitenperemmel rendelkező csöves mirigyeket; (III) középvonal hossza az elülső mirigy csoport felső vonalától a pigidium végéig (1. ábra). A vizsgált egyedek morfometriai adatait az 1. táblázat foglalja össze. Az eperfa-pajzstetű irodalomból ismert circumgenitális mirigyképlete a következő: 6–20 (felső-középső mirigy csoport) 24–38 (felső) 18–30 (alsó) (Kosztarab és Kozár 1978). Megállapítottuk, hogy a kisebb eltérésektől eltekintve az általunk mért morfometriai adatok a fajra jellemzőek a vizsgált egyedeknél. A morfológiai összeha-



1. ábra. *Pseudaulacaspis pentagona* farlemezének mikroszkópi preparátuma, a megfigyelt morfológiai jegyekkel feltüntetve

sonlítás alapján, a *Syringa vulgaris* növényről származó martonvásári egyed tért el jelentősen az átlagtól és a legkisebb értékek jellemezték (ivarnyílás körüli mirigy csoportok és a csöves mirigyek száma). A két *Catalpa bignoides* fáról gyűjtött egyed közel azonos morfometriai adatokkal rendelkezett. A középvonal mérési értékei esetében a *S. vulgaris*-ról gyűjtött martonvásári minta rendelkezik a legkisebb (204 μm) értékkel, míg a leghosszabb középvonallal (240 μm) a *Sophora japonica* növényről gyűjtött (Gödöllő) egyed rendelkezik.

A molekuláris vizsgálat során felszaporított ITS2 szekvenciák 703 és 748 bázispár hosszú-

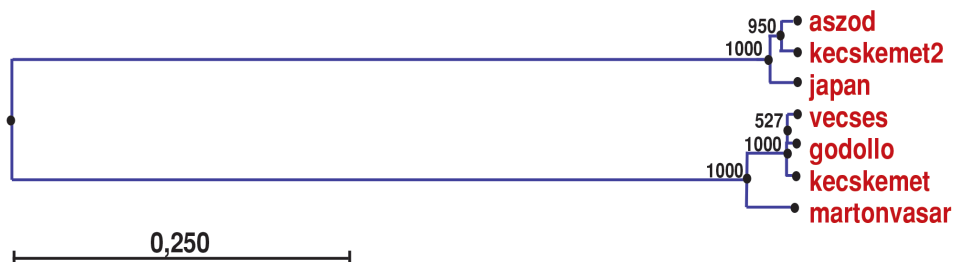
ság közt változtak. Csak a japán és martonvásári minták rendelkeztek szekvencián belüli inzert szakaszokkal. A vizsgált ITS-2 szekvenciákat páronként összehasonlítottuk (2. táblázat). Az ITS-2 szekvenciák összehasonlítása után 1000-szeres bootstrap analízissel törzsfát készítettünk (2. ábra). Az összehasonlítás során két jól elkülöníthető csoportot figyelhetünk meg. Az aszódi és kecskeméti 2 nőstény egyed, és külön ágon a japán him egyedek alkotnak egy csoportot, valamint a vecsési, gödöllői, kecskeméti nőstények egy külön csoportot és belül külön ágat képez a martonvásári egyed.

A különböző tápnövényről (*Catalpa bignoides* és *Sophora japonica*) származó egyedek között esetünkben nem találtuk számottevő különbséget. A *Catalpa bignoides* fajról származó egyedek páronkénti összehasonlítás alapján nagyobb homológiát mutattak a *Sophora japonica* fajról származó egyeddel, mint egymással. Ezen eredményeink alapján nem lehet elvetni azt a feltevést, hogy a különböző fásszárú tápnövényeken élő mikropopulációk között nincs különbség, hiszen a *Syringa vulgaris* növényről származó egyed mind ITS-2 szekvencia mind a morfológiai vizsgálatok alapján is jól elkülöníthető volt a többi egyedtől. A földrajzilag távoli, Japán-

2. táblázat

A *Pseudaulacaspis pentagona* egyedek szekvenciáinak páronkénti összehasonlítása során kapott százalékos adatok

Gyűjtés helye	Tápnövény	Aszód	Gödöllő	Japán	Kecske-mét	Kecske-mét2	Marton-vásár
		Catalpa	Sophora	Tea	Catalpa	Morus	Syringa
Gödöllő	Sophora	98					
Japán	Tea	96	97				
Kecske-mét1	Catalpa	97	99	96			
Kecske-mét2	Morus	98	99	96	98		
Martonvásár	Syringa	96	97	97	97	96	
Vecsés	Syringa	98	98	98	98	98	96



2. ábra. *Pseudaulacaspis pentagona* egyedek ITS2 szekvenciái alapján készített filogenetikai törzsfá

ból származó minta ITS-2 szekvenciája viszont nagy homológiát mutatott az aszódai nőtény és kecskemét2 him egyedek ITS-2 szekvenciájával. Ez alátámasztja, hogy a nőtényeket és hímeiket is egyaránt lehet használni a molekuláris vizsgálatokhoz. Érdekes, hogy a vecsesi, gödöllői és kecskeméti nőtény egyedek nagyfokú homológiával jellemezhetőek annak ellenére, hogy különböző tápnövényről származnak. Feltételezhetően a mikropopulációkat nagyobb mértékben befolyásolják a területi elkülönülések, mint a változatos tápnövények.

Eddigi eredményeink alapján mindkét vizsgálati módszer megfelelőnek bizonyult. Mivel a különböző eperfa-pajzstetű mikropopulációkat érintő morfológiai és molekuláris vizsgálatoknak nincsenek hazai és külföldi előzményei, érdemesnek tartjuk a vizsgálatok folytatását nagyobb mintaszám és több vizsgálati helyszín (akár a terjedés feltételezett útvonalát követve) valamint a

leggyakoribb tápnövények bevonásával, him és nőtény egyedeket egyaránt vizsgálva.

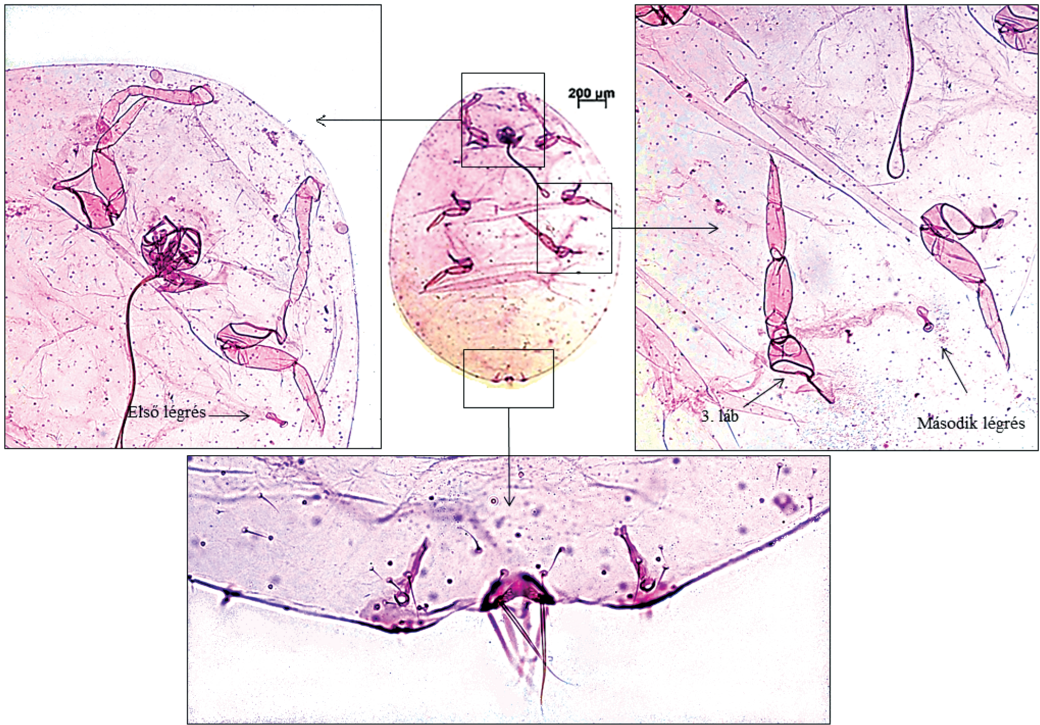
Planococcus fajok morfológiai és molekuláris vizsgálata

A *Planococcus citri* nőtények morfológiai azonosítását Cox (1983), Cox és Ben-Dov (1986), Williams és de Willink (1992) valamint Williams (2004) munkája alapján végeztük. A számszerűsített morfológiai bélyegek a következők voltak: (I) első és második légrés körüli csöves mirigyek száma; (II) első légrés fölötti soksejtű mirigyek száma; (III) a harmadik pár láb csípőjén (coxa) levő átlátszó pórusoknak a jelenléte vagy hiánya; (IV) anális serte hossza (3. táblázat). Az általunk vizsgált egyedek morfológiai jellemzői megfelelnek a *Planococcus citri* szakirodalomban szereplő fajeírásának (3. ábra).

3. táblázat

***Planococcus citri* minták morfológiai jellemzőinek adatai**

Morfológiai jelleg Gyűjtési helyszínek	Első légrés				Második légrés		Harmadik láb csípője	Fejtor	Anális nyúlványszerű
	Csöves mirigy (db)		Soksejtű mirigy (db)		Csöves mirigy (db)		Áttetsző pórusok (van/nincs)	Gomba alakú csöves mirigy (db)	Hossz (µm)
	jobb	bal	jobb	bal	jobb	bal	+ / -		
Füvészkert-áruda	10	9	1	3	1	5	+	18	273,6
Gödöllő	6	3	0	0	1	2	+	7	(letört)
Pomáz	8	7	2	0	4	3	+	8	266,4
Füvészkert, szaporító ház	7	7	0	0	4	6	+	6	235,2
BCE	4	6	0	0	2	3	+	7	232,8



3. ábra. *Planococcus citri* mikroszkópi preparátuma

Planococcus vovae esetében csupán egy mikroszkópi preparátum állt rendelkezésre. A két vizsgált *Planococcus* faj közt igen kevés morfológiai eltérés van. A *P. vovae* egyedei a testen található gomba alakú csöves mirigyek alapján különböznek a *P. citri* faj nőstényeitől.

Mindkét faj esetében megfelelő mennyiségű és minőségű DNS-t nyertünk ki élő, 90%-os alkoholban tárolt nőstény imágókból, valamint a szexferomon csapdákból származó hím egyedekből is. Az alkalmazott primerpár alkalmas az ITS2 régiók felszaporítására és megfelelően használható a két *Planococcus* faj molekuláris vizsgálatához.

A *Planococcus citri* esetében 774 vagy 775 bázispár hosszúságú fragmenteket kaptunk. Tóbiás és mtsai. (2011) hasonló eredményeket értek el, az általuk feldolgozott *P. citri* mintákban a felszaporított ITS2 szekvenciák 773 bázispár hosszúságúak voltak. A *P. citri* szex feromon csapdák feldolgozásakor a befogott hím egyedek közül több is a *Planococcus vovae* fajhoz

tartozott. A két faj hímjei sztereomikroszkóppal alig megkülönböztethetők. A különbségre a molekuláris vizsgálatok során derült fény. Ezután a *P. vovae* fajnak egy nőstény és egy feromon csapdával fogott hím egyedét vizsgáltuk. A hím esetében 781, a nősténynél 788 bázispár hosszúságú allélt kaptunk. A kapott fragmenteket párosával összehasonlítottuk az NCBI (National Center for Biotechnology Information) honlapján található BLASTN 2.2.27 program segítségével (Stephen és mtsai 1997). A két *P. vovae* minta egymástól genetikailag alig különbözik, a bázispárok sorrendje 99,64%-os azonosságot mutatott. A bázissorrendet összevettem az NCBI honlapjára feltöltött szekvenciákkal is. Az egyezés az adatbázisban szereplő *P. vovae* szekvenciákkal minden esetben 94% feletti volt.

A *P. citri* minták esetében a fajon belüli variabilitás minden esetben fél százalék alatt volt. Az NCBI adatbázisában szereplő adatokkal összehasonlítva magas fokú volt az egyezés. A *P. citri* és

P. vovae fajok közti azonosság 82–90% közt mozgott. Előzetes eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a két fajon belül a variabilitás minimális, függetlenül az állat nemétől és a minta földrajzi eredetétől. A két faj közti bázissorrendbeli különbség azonban elegendő a megbízható fajmeghatározáshoz.

Eredményeinkből a MEGA 5.1 program segítségével két pajzstetű faj kölcsönös genetikai távolságát reprezentáló dendrogramot szerkesztettünk (4. ábra). A vizsgált minták két jól elkülönülő csoportot alkottak, melyek közül az egyikbe a *P. vovae* (1), másikba pedig a *P. citri* (2) egyedei kerültek. A két klád egyértelműen elkülönül, támogatottságuk 100%-os, viszont a két csoporton belül az egyes minták genetikai állománya csak kis részben tér el egymástól.

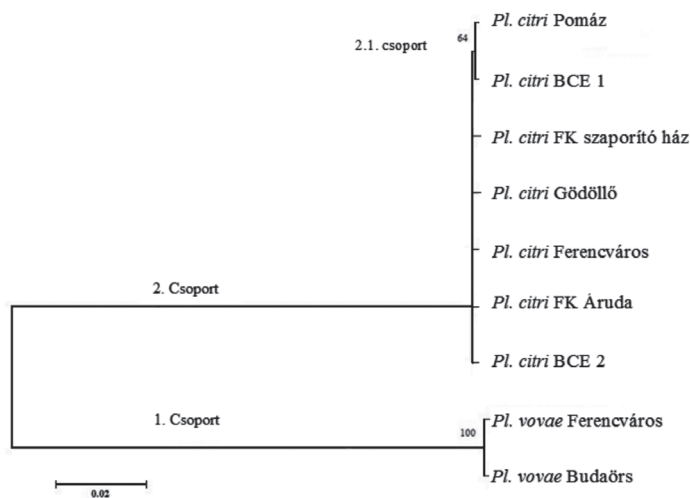
A két különböző családba tartozó pajzstetű fajokon végzett molekuláris és morfológiai vizsgálatok mindkét esetben ugyanarra az eredményre vezettek.

Köszönetnyilvánítás

A szerzők ezúton is szeretnék köszönetet mondani *Konczné Benedicty Zsuzsannának* a preparátumok elkészítésében nyújtott segítségért, valamint *dr. Péntes Bélának*, aki lehetővé tette a kapcsolatot az MTA ATK Növényvédelmi Intézetével. A kutatások pénzügyi háttérét az OTKA K75889 pályázata biztosította.

IRODALOM

- Bakker, F. T., Olsen, J. L., Stam, W. T. and van De Hoek, C.** (1992): Nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacers (ITS1 and ITS2) define discrete biogeographic groups in *Cladophora albida* (Chlorophyta). *J. Phycol.*, 28: 839–845.
- Ben-Dov, Y., Miller, D. R. and Gibson, G. A. P.** (2013): ScaleNet: a database of the scale insects of the



4. ábra. A vizsgált minták ITS2 szekvencia alapján a Nei genetikai távolságmátrixon alapuló UPGMA klaszteranalízissel készített filogenetikai törzsfája (Nei, 1978)

World. Scales in a Region Query Results. (Last accessed 16 November 2013). <http://www.sel.barc.usda.gov/scalenet/scalenet.htm>

- Cox, J.** (1983): An experimental study of morphological variation in mealybugs (Homoptera: Coccoidea: Pseudococcidae). *Syst. Entomol.*, 6: 47–53.
- Cox, J. and Ben-Dov, Y.** (1986): Planococcine mealybugs of economic importance from the Mediterranean Basin and their distinction from a new African genus (Hemiptera: Pseudococcidae). *Bull. ent. Res.*, 71: 481–489.
- Dumont, H. J., Vanfleteren, J. R., De Jonckhere, J. F. and Weekers, P. H. H.** (2005): Phylogenetic relationships, divergence time estimation, and global biogeographic patterns of calopterygoid damselflies (Odonata, Zygoptera) inferred from ribosomal DNA sequences. *Syst. Biol.*, 54: 347–362.
- Fetykó K.** (2010): Boróka-viaszospajzstetű. *Kertészet és Szőlészet*, 35: 6.
- Hillis, D.M. and Dixon, M.T.** (1991): Ribosomal DNA: Molecular evolution and phylogenetic inference. *The Quarterly Review of Biology*. 66: 411–453.
- Kim, H. and Lee S.** (2008): Molecular systematics of the genus Megoura (Hemiptera: aphididae) using mitochondrial and nuclear DNA-sequences. *Molecules and Cells*, 25: 510–522.
- Kosztarab M. és Kozár F.** (1978): Pajzstetvek – Coccoidea. In: Magyarország Állatvilága 17. Akadémia Kiadó, Budapest

- Kozár F.** (1997): Insects in a Changing World. Acta Phytopath. et Entom. Hung., 32: 129–139.
- Kozár F.** (1989): Pajzstetvek – Coccoidea. In: **Jermy T.** és **Balázs K.** (szerk.) A növényvédelmi állattan kézikönyve 2. Akadémiai Kiadó, Budapest, 193–290.
- Kozár F.** (1999): Rendkívüli eper-pajzstetű fertőzés várható, Kertészet és Szőlészet, 7: 8–9.
- Kozár F.** (2009): Pajzstetű (Hemiptera: *Coccoidea*) fajok és a klímaváltozás: vizsgálatok magyarországi autópályákon. *Növényvédelem*, 45 (11): 577–588.
- Nei, M.** (1978): Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89: 583–590.
- Pellizzari, G.** and **Germain, J-F.** (2010): Scales (Hemiptera, Superfamily Coccoidea), Chapter 9.3 *BioRisk*, (4) 1: 475–510.
- Sforza, R., Boudon-Padie, E. and Greif, C.** (2003): New mealybug species vectoring Grapevine leafroll-associated viruses-1 and -3 (GLRaV-1 and -3). *European Journal of Plant Pathology*, 109: 975–981.
- Stephen, F. A., Thomas L. M., Alejandro, A. S., Jinghui, Z., Zheng, Z., Miller, W. and David, J. L.** (1997): „Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs”. *Nucleic Acids Res.*, 25: 3389–3402.
- Tóbiás I., Kozár F. és Kaydan M. B.** (2011): Molekuláris módszerek alkalmazása néhány pajzstetűfaj azonosítására. *Növényvédelem*, 47 (7): 273–278.
- Williams, D. J. and de Willink, M. C. G.** (1992): Mealybugs of Central and South America. CAB International, London
- Williams, D. J.** (2004): Mealybugs of southern Asia. The Natural History Museum, London. Kuala Lumpur: Southdene SDN. BHD. 896 pp.

MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR STUDIES ON CERTAIN INSECTS

Viktória Zs. Hoffmann¹, Annamária Sojnóczki¹, Kinga Fetykó², F. Kozár² and I. Tóbiás²

¹Budapest Corvinus University, Department of Entomology, 1118 Budapest, Ménesi str. 44.

²Centre for Agricultural Research, Plant Protection Institute HAS, 1022 Budapest, Herman Ottó u. 15.

Scale insects are wide-spread pests. Identification of the species is possible with the use of microscope slides of adult females. Identification of eggs, larvae or males is possible by molecular markers. The subjects of morphological and molecular comparative analysis in this study were the white peach scale *Pseudaulacaspis pentagona* (Targioni-Tozzetti 1886) (*Diaspididae*) and two species from the genera *Planococcus* (*Pseudococcidae*). In this study our goals were to examine the differences among the micro-populations of *Pseudaulacaspis pentagona*, and to find genetic variance between the *Planococcus* species by molecular tools. Internal Transcribed Spacer 2 regions of the ribosomal DNA (ITS2) was used as a molecular marker. Based on the results, we claim that the area of origin affects the micro-populations of *Pseudaulacaspis pentagona* more than the host plant does. On the dendrogram representing the differences between the ITS2 sequences, specimens of *Planococcus* species formed two unambiguous clusters. The ITS2 region is an effective marker for distinguishing both male and female mealybugs of the examined species.

Keywords: *Pseudaulacaspis pentagona*, *Planococcus citri*, *Pl. vovae*, ITS 2, molecular markers

Érkezett: 2013. november 20.