

Grzyby z rodzaju *Fusarium* stanowią główne źródło zanieczyszczenia produktów zbożowych mikotoksynami. Jednymi z najczęściej występujących jest grupa trichotecenów B stanowiących poważne zagrożenie dla zdrowia człowieka i zwierząt. W Europie, głównymi producentami tych mikotoksyn są szczepy gatunków: *Fusarium graminearum* sensu stricto i *F. culmorum*. Wysoce czuła diagnostyka tych gatunków jest metodą prognozującą stopień zanieczyszczenia materiału trichotecenami B. Wiarygodna diagnostyka patogenów roślin wymaga zastosowania specyficznych markerów diagnostycznych pozwalających nie tylko na identyfikację, ale i wysoce czułą kwantyfikację. Jest to możliwe dzięki zastosowaniu technologii qPCR (ang. quantitative PCR). Większość dotychczas opracowanych markerów qPCR przeznaczonych do kwantyfikacji grzybów toksynotwórczych została zaprojektowana w oparciu o jednokopijne geny zlokalizowane w genomach jądrowych, co często nie gwarantuje wysoce czulej kwantyfikacji. Rozwiązaniem tego problemu jest diagnostyka mitochondrialna, która opiera się na zastosowaniu markerów specyficznych gatunkowo, zaprojektowanych w oparciu o sekwencje genomów mitochondrialnych.

Celem naukowym projektu jest opracowanie wysoce czulego markera FcMito qPCR (ang. *F. culmorum* specific mitochondrial based quantitative assay) w celu specyficznej gatunkowo kwantyfikacji *F. culmorum*. Cel badań niniejszego projektu wynika z aktualnej potrzeby stosowania wysoce czułych markerów diagnostycznych w badaniach naukowych o charakterze epidemiologicznym i toksykologicznym. Na realizację powyższej części badań będzie składać się: zaprojektowanie starterów i sondy MGB w oparciu o polimorfizm sekwencji genomu mitochondrialnego, analizy specyficzności, optymalizacja i walidacja metody oraz określenie korelacji między ilością DNA *F. culmorum* a ilością trichotecenów w próbach ziarna pszenicy pochodzącej z pól uprawnych Polski i Luksemburga.

Drugi cel niniejszego projektu dotyczy określenia genetycznej zmienności międzygatunkowej gatunków z rodzaju *Fusarium* wytwarzających trichoteceny grupy B w oparciu o sekwencje genomów mitochondrialnych. Z uwagi na szybsze tempo ewolucji genomów mitochondrialnych w porównaniu z jądrowymi przypuszczamy, że sekwencje mitochondrialnych genomów mogą być bardziej informatywne do analiz zmienności międzygatunkowej tej grupy gatunków. Planujemy włączyć do analiz 30 różnych szczepów *F. culmorum*, *F. cerealis*, *F. pseudograminearum* i wszystkich dotychczas poznanych gatunków filogenetycznych kompleksu *F. graminearum*. Na realizację niniejszego zadania badawczego będą się również składać analizy bioinformatyczne polegające na składaniu sekwencji i opisie mitogenomów co zostanie wykonane we współpracy z pracownikami naukowymi ze współpracującego zagranicznego ośrodka naukowego. W wyniku analiz kompletnych sekwencji mitogenomów planujemy identyfikację potencjalnych barkodów mających zastosowanie w diagnostyce powyższych gatunków grzybów. Powyższe wyniki będą stanowić po raz pierwszy opublikowane kompletne sekwencje mitogenomów gatunków wytwarzających trichoteceny B.