

Zasadność wynikająca z potrzeby przeprowadzenia badań opisanych w niniejszym projekcie wynika głównie z pilnej potrzeby zrozumienia potencjału adaptacyjnego *Fusarium graminearum* sensu stricto (F.g. s.s.). F.g. s.s. jest głównym gatunkiem powodującym Fuzariozę kłosów zbóż na całym świecie. W wyniku ankiety przeprowadzonej wśród szerokiej gamy fitopatologów z różnych badawczych ośrodków międzynarodowych, gatunek ten został zakwalifikowany do dziesięciu najważniejszych patogenów roślin o globalnym znaczeniu. F.g. s.s. stanowi duże zagrożenie dla zdrowia człowieka i zwierząt poprzez zanieczyszczanie ziarna wysoce szkodliwymi mykotoksynami.

Dotychczasowy stan wiedzy na temat procesów ewolucyjnych oraz cech genomowych odpowiedzialnych za dywergencję F.g. s.s. jest ograniczony do badań dotyczących populacji polowych z obszaru Ameryki Północnej.

Innowacyjny charakter niniejszych badań dotyczy celu badawczego jakim jest odkrycie struktury populacji oraz zidentyfikowanie selekcji w europejskich populacjach F.g. s.s.

Wyniki uzyskanych badań będą stanowić znaczny wkład w rozwój takich obszarów badawczych jak fitopatologia, hodowla roślin, genetyka i biologia grzybów, itd. Uzyskane wyniki badań, dzięki zidentyfikowaniu mechanizmów selekcji oraz odkryciu regionów genomowych odpowiedzialnych za dywergencję populacji, mogą stanowić źródło informacji dla przyszłych funkcjonalnych badań.

Regionalne zróżnicowanie w dystrybucji poszczególnych genotypów trichotecenowych w Europie sugerują istnienie metapopulacji oraz innych odrębnych (lokalnie występujących) populacji F.g. s.s. charakteryzujących się ograniczonym przyptywem genów. W niniejszym wniosku wysunięto hipotezę stanowiącą, że ewolucja europejskich populacji F.g. s.s. ma odmienny charakter niż tego samego gatunku patogenu w innych szerokościach geograficznych. F.g. s.s. w Europie prawdopodobnie składa się z pojedynczej, rekombinującej na szerszą skalę metapopulacji składającej się głównie z genotypów trichotecenowych 15ADON oraz innych lokalnie występujących i koegzystujących populacji składających się głównie z genotypów 3ADON i NIV. Jedynie analizy genomowe szczepów pozyskanych z różnych rejonów geograficznych, zarówno z Europy (Polska, Włochy, Rosja, Niemcy, Francja i Holandia) jak i innych kontynentów (Ameryka Płn., i Płd., Azja, Afryka) na zweryfikowanie w/w hipotezy badawczej.

Fungicydy syntetyczne, w szczególności z grupy azoli, odgrywają szczególnie istotną rolę w ochronie zbóż przed fuzariozą kłosów. Jednakże, w wielu różnych rejonach geograficznych stwierdzono zróżnicowaną wrażliwość F.g. s.s. na azole. Należy zaznaczyć, że nie ma obecnie bardziej efektywnych metod ochrony przed grzybami z rodzaju *Fusarium* niż właśnie stosowanie azoli. Dotyczy to zarówno obszaru rolnictwa jak i medycyny. Z uwagi na powyższe istnieje duża potrzeba zrozumienia mechanizmów adaptacyjnych F.g. s.s. na te fungicydy. W niniejszym wniosku wysunięto hipotezę stanowiącą, że predominacja genotypu 15ADON w Europie może być związana z większym potencjałem adaptacyjnym tego genotypu na azole. Aby to potwierdzić, zaplanowano badania mające na celu ocenę zróżnicowania europejskich szczepów F.g. s.s. na tebukonazol, który jest jednym z najczęściej stosowanych fungicydów azolowych w Europie. Niniejsze badania obejmują również analizy transkryptomowe, w wyniku których nastąpi identyfikacja mechanizmów adaptacyjnych F.g. s.s. na azole.

W wyniku niniejszych badań zostanie przeanalizowanych 105 różnych szczepów F.g. s.s. Odpowiednio adnotowane genomy posłużą do zrealizowania poszczególnych zadań badawczych na które składać się będzie: wykrywanie polimorfizmu pojedynczego nukleotydu, ustalanie różnic demograficznych na poziomie genomowym europejskich i amerykańskich populacji *Fusarium*, wykrywanie selekcji w populacjach grzybów, porównywanie zasobu genowego pomiędzy szczepami, analizy wzbogacenia zbiorów genów, ocena różnic adaptacyjnych szczepów względem tebukonazolu oraz analizy transkryptomowe.