

Charakterystyka multiomiczna oraz detekcja rozprzestrzeniającego się grzyba fitopatogenicznego - *Pilidium lythri*

Globalne zmiany klimatu są głównym czynnikiem powodującym rozprzestrzenianie się patogenów grzybowych w umiarkowanych strefach klimatycznych. W konsekwencji, występowanie szkodliwych mikroorganizmów w regionach, w których nie są one rodzime, powoduje nieprzewidziane straty w rolnictwie na większą skalę. Rodzi to potrzebę dokładnego zbadania cech grzybów patogenicznych w celu lepszego zrozumienia mechanizmów związanych z ich patogenicznością. Takim grzybem patogenicznym, który zidentyfikowaliśmy jako patogen truskawki po raz pierwszy w Polsce, jest *Pilidium lythri*. Mikroorganizm ten był wcześniej opisywany głównie jako grzyb powodujący choroby roślin w cieplejszych strefach klimatycznych, ale najwyraźniej rozprzestrzenianie się tego patogenu w umiarkowanych strefach klimatycznych ma miejsce i wymaga szybkich i zdecydowanych działań.

Na początku projektu wybierzemy najbardziej szkodliwe szczepy grzyba za pomocą eksperymentu doniczkowego, w którym sztucznie zainfekujemy rośliny truskawek grzybem *Pilidium lythri*. Scharakteryzujemy również zmiany liczebności wszystkich grzybów i bakterii w glebie i na roślinach w miarę postępu choroby. Pozwoli to na wyłonienie mikroorganizmów, które będą mogły być wykorzystane w biopreparatach wzbogaconych mikrobiologicznie, co poprawi zdrowotność roślin rolniczych.

Następnie porównamy aktywność metaboliczną szczepów grzybów, które będą hodowane w dwóch temperaturach (~21°C i ~27°C). Eksperyment ten pozwoli odkryć, jak znacząco zmiana temperatury wpływa na rozwój grzyba. Dodatkowo, ten etap eksperymentu pozwoli na wyselekcjonowanie substancji, które w przyszłości będą mogły być wykorzystane jako inhibitory wzrostu *Pilidium lythri*, chroniące uprawy przed jego szkodliwym wpływem.

Następnie dowiemy się, jakie geny są wykorzystywane przez patogen w dwóch temperaturach, co pomoże nam zrozumieć, w jaki sposób temperatura zmienia transkryptom grzyba. Uzyskamy również odpowiedź na pytanie, czy istnieje różnica w działaniu tych genów w różnych warunkach temperaturowych, powodujących zagrożenie w większej liczbie krajów ze względu na ocieplenie klimatu.

Przeprowadzimy również sekwencjonowanie całego genomu grzyba *P. lythri* wraz z bioinformatyczną analizą danych, co pozwoli odkryć, jakie znane geny odpowiedzialne za produkcję toksyn i/lub alergenów są obecne w genomie tego grzyba. Pomoże nam to zrozumieć, czy mikroorganizm ten stanowi zagrożenie tylko dla rolnictwa, powodując straty ekonomiczne, czy też może być również zagrożeniem dla jakości mikrobiologicznej produktów rolnych i żywności, stanowiąc zagrożenie dla zdrowia ludzi.

Wreszcie, opracujemy skuteczną metodę identyfikacji patogenu z zastosowaniem technik biologii molekularnej. Zoptymalizowana metoda detekcji, która pozwala na jednoznaczną identyfikację jeszcze przed wystąpieniem objawów chorobowych na roślinie jest bardzo ważne, ponieważ *P. lythri* atakuje nie tylko truskawkę, ale także wiele kwiatów i innych roślin o znaczeniu rolniczym. Co więcej, objawy chorobowe są podobne do antraknozy powodowanej przez *Colletotrichum* sp., co utrudnia prawidłową identyfikację patogenu występującego na danej plantacji. Tylko prawidłowe rozpoznanie patogenu powodującego chorobę na danej plantacji pozwoli na wdrożenie odpowiednich zabiegów ochronnych i ograniczy szkody wyrządzane przez choroby grzybowe.

Dane uzyskane w trakcie badań w znacznym stopniu poszerzą wiedzę na temat pojawiającego się, dotychczas słabo opisanego fitopatogenicznego grzyba *Pilidium lythri*. Zaproponowane w projekcie podejście pozwoli na dokładne przedstawienie i zrozumienie mechanizmów związanych z patogenicznością tego mikroorganizmu. Wyniki badań uzyskane w trakcie realizacji projektu będą publikowane w formie raportów, referatów i posterów podczas konferencji naukowych, sympozjów i spotkań w kraju i za granicą. Wyniki badań zostaną również opublikowane w międzynarodowych recenzowanych czasopismach naukowych w celu rozpowszechnienia zdobytej wiedzy. Dodatkowo, uzyskany genom patogenu zostanie opublikowany w międzynarodowej bioinformatycznej bazie danych, co pozwoli naukowcom z całego świata na dalszą analizę wyników.