

Zróżnicowanie molekularne gatunków kompleksu *Fusarium fujikuroi* powodujących fuzariozę kolb kukurydzy

Emilia Jabłońska¹, Krzysztof Piątek¹, Marcin Wit¹, Ewa Mirzwa-Mróż¹, Wojciech Wakuliński¹

¹ Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Instytut Nauk Ogrodniczych, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii, ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa

e-mail: emilia_jablonska@sggw.edu.pl

Etiologię fuzariozy kolb kukurydzy determinują w dużej mierze warunki środowiska występujące podczas uprawy tej rośliny. W typowym dla Polski klimacie umiarkowanym dominującą formą tej choroby jest tzw. różowa zgnilizna kolb (ang. *pink ear rot*) powodowana przez gatunki kompleksu *Fusarium fujikuroi* Nirenberg (*Fusarium fujikuroi* species complex, FFSC).

Celem przeprowadzonych badań była ocena zróżnicowania genetycznego populacji FFSC uzyskanej z porażonych kolb kukurydzy. Ocenę tę przeprowadzono na podstawie sekwencji nukleotydowych genów locus MAT oraz za pomocą techniki losowej amplifikacji polimorficznego DNA, RAPD (ang. *Random Amplified Polimorphic DNA*) opartej na łańcuchowej reakcji polimerazy (PCR). W badaniach zastosowano 17 starterów RAPD. Efektywność zastosowanej techniki RAPD oceniono wyliczając m.in. współczynnik informacji o polimorfizmie, Marker Index oraz zdolność rozdzielczą starterów.

W toku prowadzonych badań z porażonych kolb kukurydzy uzyskano izolaty trzech gatunków kompleksu *Fusarium fujikuroi*: *F. verticillioides*, *F. subglutinans* sensu stricto oraz *F. temperatum*.

W profilach amplifikacyjnych RAPD obserwowano duży udział prążków polimorficznych (46,1%). Zróżnicowanie genetyczne w obrębie całej przebadanej populacji *Fusarium* spp. kształtowało się na dość wysokim poziomie, na co wskazują wartości różnorodności genowej (0,303) i indeksu Shannon-Weaver'a (0,463). Największe zróżnicowanie odnotowano w obrębie populacji izolatów *F. verticillioides* (różnorodność genowa - 0,180), zaś najmniejszą zmiennością charakteryzowały się izolaty *F. subglutinans* sensu stricto (różnorodność genowa - 0,098).

Określono także sekwencje nukleotydowe trzech genów idiomorfy MAT1-1 (MAT1-1-1, MAT1-1-2 i MAT1-1-3) i dwóch genów idiomorfy MAT1-2 (MAT1-2-1, MAT1-2-3) badanych izolatów *Fusarium* spp. Na tle sekwencji regionów genomu powszechnie stosowanych w diagnostyce grzybów, geny locus MAT odznaczają się bardzo wysokim zróżnicowaniem nukleotydowym. Spośród trzech badanych gatunków najwyższe zróżnicowanie sekwencji wszystkich genów MAT odnotowano u izolatów gatunku *F. verticillioides*. Geny idiomorfy MAT1-1 wyróżniał wyższy niż w przypadku genów idiomorfy MAT1-2 polimorfizm sekwencji, przy czym sekwencje niekodujące genów locus MAT charakteryzowały się wyższym poziomem zróżnicowania nukleotydowego niż sekwencje kodujące.

Molecular diversity of the *Fusarium fujikuroi* species complex associated with ear rot of maize

Emilia Jabłońska¹, Krzysztof Piątek¹, Marcin Wit¹, Ewa Mirzwa-Mróż¹, Wojciech Wakuliński¹

¹Warsaw University of Life Sciences, Institute Of Horticultural Sciences, Department of Plant Protection, Division of Plant Pathology, 159 Nowoursynowska Str., 02-776 Warsaw

e-mail: emilia_jablonska@sggw.edu.pl

The etiology of *Fusarium* ear rot is largely determined by the environmental conditions that occur during maize cultivation. In the temperate climate, typical of Poland, the dominant type of this disease is the so-called pink ear rot caused by *Fusarium fujikuroi* species complex (FFSC).

The purpose of the study was to assess the genetic diversity in the FFSC population obtained from infected corn cobs. For this purpose the analysis of the nucleotide sequences of the MAT locus genes and the Random Amplified Polimorphic DNA (RAPD) technique were used. Seventeen selected RAPD primers were used in the study. Several indexes, such as polymorphism information content, the Marker Index, the resolving power of the primers and others, were used to assess the effectiveness of the RAPD technique.

In the study, isolates of the three species of the *Fusarium fujikuroi* complex were obtained from infected corn cobs: *F. verticillioides*, *F. subglutinans* sensu stricto and *F. temperatum*.

A large proportion of polymorphic bands (46.1%) was observed in the RAPD amplification profiles. As evidenced by the values of gene diversity (0.303) and the Shannon-Weaver index (0.463), the genetic diversity within the analysed *Fusarium* spp. strains is at a fairly high level. *Fusarium verticillioides* was the most heterogenous species (genetic diversity - 0.180), while the least heterogenous one was *F. subglutinans* sensu stricto (genetic diversity - 0.098).

The nucleotide sequences of the three MAT1-1 idiomorph genes (MAT1-1-1, MAT1-1-2 and MAT1-1-3) and the two MAT1-2 idiomorph genes (MAT1-2-1, MAT1-2-3) were determined as well. In contrast to the sequences of the most commonly used genomic markers for *fungi*, the MAT locus genes are characterized by a very high nucleotide diversity. Among the three studied species, the highest sequence diversity of all MAT genes was noted in the *F. verticillioides* strains. The genes of the MAT1-1 idiomorph were distinguished by higher sequence polymorphism than in the case of the MAT1-2 idiomorphs, with the non-coding sequences of the MAT locus genes characterized by a higher level of nucleotide diversity than the coding sequences.