

STRESZCZENIE

Grzyby z rodzaju *Fusarium* stanowią zagrożenie dla roślin, zwierząt i ludzi na całym świecie. Produkują szereg toksycznych metabolitów wtórnych, tzw. mykotoksyn, które mogą kumulować się w tkankach organizmów żywych, z czasem wywołując stany patologiczne a nawet śmierć. Fumonizyny są jednymi z najgroźniejszych mykotoksyn, produkowanych przez grzyby *Fusarium*, a *Fusarium proliferatum* jest jednym z głównych ich producentów. Ostatnio pojawiły się informacje o coraz częstszym występowaniu tego gatunku, a także o nowych gatunkach roślin uprawnych przez niego atakowanych.

Zasadniczym celem prowadzonych badań było scharakteryzowanie zróżnicowania genetycznego populacji genotypów *F. proliferatum* pochodzących z różnych żywicieli, określenie ich potencjału toksynotwórczego, oraz określenie zmian w metabolizmie grzyba pod wpływem ekstraktów z tkanek potencjalnych żywicieli. Szczepy *F. proliferatum* wyizolowane z tkanek różnych żywicieli identyfikowano przy pomocy obserwacji mikroskopowej morfologii grzybni oraz technikami molekularnymi. Zróżnicowanie genetyczne populacji określono na podstawie analiz filogenetycznych, wykazując znaczną zmienność wewnątrzgatunkową.

Grzyby hodowano *in vitro* na podłożu płynnym z dodatkiem ekstraktów z tkanek żywicieli: ananasa, szparaga, kukurydzy, czosnku i grochu. Materiał zbierany w trakcie hodowli posłużył m.in. do analizy korelacji między akumulacją fumonizyn w podłożu oraz zebranych po 14 dniach grzybniach, a aktywnością transkrypcyjną genu *FUM1* wchodzącego w skład klastra warunkującego ich biosyntezę.

W tych samych grzybniach dwóch szczepów zbadano zmiany na poziomie proteomu, zachodzące pod wpływem ekstraktów roślinnych, na podstawie analizy różnicowej białek rozdzielonych dwukierunkowo w żelach SDS-PAGE. Wytypowano indukowane białka, które zostały zidentyfikowane przy pomocy spektrometrii mas.

Uzyskane wyniki wskazują na dużą zmienność wewnątrzgatunkową populacji *F. proliferatum* i umożliwiają badania nad ewolucją gatunku w aspekcie genomu, a w szczególności klastrów genów warunkujących biosyntezę mykotoksyn. Ponadto charakterystyka metaboliczna i proteomiczna szczepów *F. proliferatum* poddanych działaniu ekstraktów roślinnych daje możliwość poznania ścieżek sygnałowych patogena uruchamianych podczas interakcji z gospodarzem.

SUMMARY

Fungi of the *Fusarium* genus are serious threats to plants, animals and human worldwide. They produce a number of toxic metabolites (mycotoxins) which accumulate in tissues over time, causing pathological states and even death. Fumonisin are among the most dangerous mycotoxins produced by *Fusarium* fungi, and *Fusarium proliferatum* is one of the main fumonisin producers. Recently, fair amount of data on increasing occurrence of this species, as well as its ability to colonize new crop plants has been published.

The main objective of the study was to characterize the genetic diversity of the *F. proliferatum* genotypes originating from different hosts, to determine their toxigenic potential, and to analyse the changes in fungal metabolism caused by the extracts obtained from the tissues of potential hosts. *F. proliferatum* strains isolated from different hosts were identified using microscopic observation of mycelia morphology and molecular techniques. Genetic diversity of the population was determined based on phylogenetic analyses, and showed significant intraspecific variability.

Fungi were cultured *in vitro* using a liquid medium supplemented with host tissues' extracts made from pineapple, asparagus, maize, garlic and pea. Material samples collected during the cultures was analysed to find the correlation between the accumulation of fumonisins in the medium and mycelia collected after 14 days of cultivation and the transcriptional activity of the *FUM1* gene which is a part of the fumonisin biosynthetic cluster.

In the mycelia of two selected strains changes in the proteome under plant extracts' addition were analysed based on the differential analysis of 2D-electrophoresed protein gels. Induced proteins were selected and identified by mass spectrometry.

The results obtained show a large intraspecific variability among the population of *F. proliferatum* genotypes and allow to study the evolution of the species in terms of the genome's divergence and, in particular, the gene clusters responsible for mycotoxin biosynthesis. In addition, the metabolic and proteomic characteristics of the *F. proliferatum* strains treated with plant extracts provide the opportunity to understand the signaling pathways involved in interaction with the host.