

SEWERYN FRASIŃSKI<sup>1</sup>  
ELŻBIETA CZEMBOR<sup>1</sup>  
JUSTYNA LALAK-KAŃCZUGOWSKA<sup>2</sup>  
ŁUKASZ STEPIEŃ<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików  
Zakład Traw, Roślin Motylkowatych i Energetycznych

Pracownia Traw Pastewnych i Roślin Motylkowatych

<sup>2</sup> Instytut Genetyki Roślin, Polska Akademia Nauk, Poznań

Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin

e-mail: s.frasinski@ihar.edu.pl

## Monitoring porażenia odmian kukurydzy pastewnej grzybami z rodzaju *Fusarium* spp. na terenie Polski w latach 2015–2017\*

W Polsce, powierzchnia uprawy w 2000 roku wynosiła 314 tys. ha, natomiast w roku 2017 ponad 1 150 tys. ha. Uprawy kukurydzy są narażone na infekcje wielu różnych patogenów grzybowych, wśród których istotną rolę odgrywają gatunki z rodzaju *Fusarium*. Powodowana przez nie fuzarioza kolb powoduje straty ilościowe i jakościowe sięgające 10–20% plonu. Na stopień porażenia roślin ma wpływ jej morfologia, wczesność oraz warunki pogodowe, klimatyczne i miejsce uprawy.

Dlatego celem realizowanych prac była analiza zmienności populacji grzybów z rodzaju *Fusarium* spp. zasiedlających próby ziarna gromadzone w różnych lokalizacjach Polski z odmian różniących się wczesnością i morfologią ziarna.

Próby ziarna gromadzono w latach 2015–2017. Pobierano je z odmian (6–8 genotypów, w zależności od roku) włączonych do doświadczeń porejestrowych COBORU w 11–13 lokalizacjach. Następnie, ziarniaki 188 prób wykładano na pożywkę PDA, a rosące kultury grzybów, po wstępnej identyfikacji morfologicznej, odszczepiano na pożywkę SNA.

Stwierdzono, że w 2015 roku zasiedlenie ziarniaków wynosiło 19,8%, w 2016 28,7%, a w 2017 ok. 30%. Identyfikację do gatunku prowadzono metodami molekularnymi przy

---

\* Prace były finansowane w ramach Zadania 3.5 „Monitoring zmian zdolności chorobotwórczych populacji organizmów szkodliwych kukurydzy” Obszar tematyczny 3 „Monitoring zmian zdolności chorobotwórczych populacji organizmów szkodliwych i kwarantannowych roślin uprawnych”, Program Wieloletni IHAR — PIB „Tworzenie naukowych podstaw postępu biologicznego i ochrona roślinnych zasobów genowych źródłem innowacji wsparcia zrównoważonego rolnictwa oraz bezpieczeństwa żywnościowego kraju”, 2015–2020

pomocy reakcji PCR z wykorzystaniem markerów SCAR i specyficznej gatunkowo sekwencji czynnika *tef-1α*. W latach 2016 i 2017 dominującym gatunkiem był *F. verticillioides*, którego metabolitami wtórnymi są fumonizyny (FB<sub>1</sub>, FB<sub>2</sub>, FB<sub>3</sub>) — stanowił odpowiednio 46,9% oraz 65,8% zidentyfikowanych wyosobnień. W roku 2015 wysoką frekwencję stwierdzono dla *F. proliferatum* (30,4%). W roku 2016 jego udział w populacji stanowił tylko 1,1%. Na uwagę zasługuje zmienność dla frekwencji *F. graminearum*, którego metabolitami wtórnymi są deoksyniwalenol (DON) i zearalenon (ZEA). Wpływ na to miały m.in. warunki pogodowe. Częstotliwość jego występowania: 2015 rok — 5,5%, 2016 — 15,0%. Czwartym ważnym gatunkiem na przestrzeni obu lat był *F. temperatum* (produkujący m.in. beauwerycynę BEA). Jego frekwencja wahała się w zakresie 6,7–4,5%. Analiza wyników wykazała zmienność populacji *Fusarium* pod względem odmian, warunków pogodowych i lokalizacji uprawy.