

Webinarium Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego

26 marzec 2021 r.

Pochodzenie i rozprzestrzenianie się *Dothistroma septosporum* w Polsce i na świecie.

Dr hab. inż. Piotr Boroń

**Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Wydział Leśny
Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie**

Czerwona plamistość igieł sosny, powodowana przez *Dothistroma septosporum* i *D. pini*, jest jedną z najgroźniejszych chorób sosen na świecie. Występuje ona w całym naturalnym i sztucznym zasięgu sosen i dotyka co najmniej 95 taksonów z rodzaju *Pinus* (gatunków, podgatunków i odmian). Pierwszy ze sprawców, tj. *D. septosporum* jest gatunkiem szeroko rozpowszechnionym - stwierdzany jest na całym świecie w miejscach występowania sosen. *D. pini* jest gatunkiem bardzo blisko spokrewnionym, jednak zasięg jego występowania jest mniejszy i obejmuje Stany Zjednoczone i kraje Europy południowej od Hiszpanii po Rosję.

W Polsce czerwona plamistość igieł sosny została po raz pierwszy zaobserwowana na plantacji doświadczalnej sosny czarnej w Nadleśnictwie Miechów na początku lat dziewięćdziesiątych. Od tego czasu choroba bardzo szybko zwiększała swój zasięg występowania i do dnia dzisiejszego jest spotykana na terenie całej Polski. Początkowo była ona obserwowana jedynie na sośnie czarnej, tj. gatunku obcego pochodzenia choć ciągle często spotykanym w polskich lasach. Sosna czarna jest jednym z najbardziej podatnych gatunków na infekcję *Dothistroma* spp. co w połączeniu ze stresem wynikającym z występowania poza naturalnym zasięgiem ułatwiło postęp choroby w Polsce. Do chwili obecnej na terenie kraju stwierdzono obecność *D. septosporum* - brak doniesień na temat obecności *D. pini* pomimo występowania tego gatunku w krajach sąsiednich.

Celem prezentowanego cyklu badań była zatem szczegółowa analiza występowania i zróżnicowania genetycznego *D. septosporum* w Polsce i na świecie z wykorzystaniem molekularnych metod identyfikacji gatunkowej i wysokozmiennych markerów mikrosatelitarnych. W szczególności, badania polegały na 1) dokumentacji występowania *Dothistroma* spp. w Polsce i na świecie, 2) określeniu potencjału polskich populacji *D. septosporum* do rozmnażania płciowego, 3) określeniu źródeł introdukcji i sposób rozprzestrzeniania się *D. septosporum* w Polsce na podstawie danych genetycznych, 4) prześledzeniu ewolucji zmienności genetycznej najstarszej znanej populacji *D. septosporum* w Polsce oraz 5) ustaleniu pochodzenia *D. septosporum* na świecie. Wyniki powyższych analiz zaprezentowano w postaci czterech oryginalnych prac badawczych oraz dwóch prac przeglądowych:

1. Bulman L.S., Bradshaw R.E., Fraser S., Martín-García J., Barnes I., Musolin D.L., La Porta N., Woods A.J., Diez J.J., Koltay A., Drenkhan R., Ahumada R., Poljakovic-Pajnik L., Queloz V., Piškur B., Doğmuş-Lehtijärvi H.T., Chira D., Tomešová-Haataja V., Georgieva M., Jankovský L., Anselmi N., Markovskaja S., Papazova-Anakieva I., Sotirovski K., Lazarević J., Adamčíková K., **Boroń P.**, Bragança H., Vettraino A.M., Selikhovkin A.V., Bulgakov T.S., Tubby K. 2016. A worldwide perspective on the management and control of *Dothistroma* needle blight. *Forest Pathology* 46(5): 472-488.
2. Drenkhan R., Tomešová-Haataja V., Fraser S., Bradshaw R.E., Vahalík P., Mullett M.S., Martín-García J., Bulman L.S., Wingfield M.J., Kirisits T., Cech T.L., Schmitz S., Baden R., Tubby K., Brown A., Georgieva M., Woods A., Ahumada R., Jankovský L., Thomsen I.M., Adamson K., Marçais B., Vuorinen M., Tsopeles P., Koltay A., Halasz A., La Porta N., Anselmi N., Kiesnere R., Markovskaja S., Kačergius A., Papazova-Anakieva I., Risteski M., Sotirovski K., Lazarević J., Solheim H., **Boroń P.**, Bragança H., Chira D., Musolin D.L., Selikhovkin A.V., Bulgakov T.S., Keča N., Karadžić D., Galovic V., Pap P., Markovic M., Poljakovic Pajnik L., Vasic V., Ondrušková E., Piškur B., Sadiković D., Diez J.J., Solla A., Millberg H., Stenlid J., Angst A., Queloz V., Lehtijärvi A., Dogmuş-Lehtijärvi H.T., Oskay F., Davydenko K., Meshkova V., Craig D., Woodward S., Barnes I. 2016. Global geographic distribution and host range of *Dothistroma* species: a comprehensive review. *Forest Pathology* 46(5): 408-442.
3. **Boroń P.**, Lenart-Boroń A., Mullett M. 2016. The distribution of *Dothistroma septosporum* and its mating types in Poland. *Forest Pathology* 46(5): 489-496
4. **Boroń P.**, Lenart-Boroń A., Mullett M., Kraj W., Grad B., Kowalski T. 2019. Temporal changes in the population structure of *Dothistroma septosporum* in the first recorded outbreak site in Poland. *Plant Pathology* 68(2): 383-391.
5. Mullett M.S., Drenkhan R., Adamson K., **Boroń P.**, Lenart-Boroń A., Barnes I., Tomšovský M., Jánošíková Z., Adamčíková K., Ondrušková E., Queloz V., Piškur B., Musolin D.L., Davydenko K., Georgieva M., Schmitz S., Kačergius A., Ghelardini L., Kranjec Orlović J., Müller M., Oskay F., Hauptman T., Halász Á., Markovskaja S., Solheim H., Vuorinen M., Heinzemann R., Hamelin R.C., Konečný A. 2021. Worldwide Genetic Structure Elucidates the Eurasian Origin and Invasion Pathways of *Dothistroma septosporum*, Causal Agent of *Dothistroma* Needle Blight. *Journal of Fungi* 7(2): 10.3390/jof7020111.
6. **Boroń P.**, Lenart-Boroń A., Mullett M., Grad B., Nawrot-Choroabik K. 2021. Population structure of *Dothistroma septosporum* in Poland: revealing the genetic signature of a recently established pathogen. *Plant Pathology* – przyjęta do druku.