



VII Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne

METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK

MATERIAŁY KONFERENCYJNE



Lublin, 20-21 czerwca 2023

Sympozjum zostało dofinansowane ze środków budżetu państwa w ramach programu **Ministra Edukacji i Nauki** pod nazwą „**Doskonała Nauka – Wsparcie konferencji naukowych**” nr projektu DNK/SP/549541/2022 kwota dofinansowania **90 200,00 zł**
całkowita wartość projektu **109 200,00 zł**

KSIĄŻKA ABSTRAKTÓW I POSTERÓW

ISBN: 978-83-89969-79-8

Published sheets: 16,71

WYDAWCA

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego

Polskiej Akademii Nauk,

ul. Doświadczalna 4

20-290 Lublin

KOMITET ORGANIZACYJNY

Przewodnicząca Komitetu Organizacyjnego

prof. dr hab. Magdalena Frać (IA PAN, Lublin)

Członkowie Komitetu Organizacyjnego

dr hab. Anna Gałązka, prof. Instytutu (IUNG-PIB, Puławy)

dr hab. Agnieszka Wolińska, prof. KUL (KUL, Lublin)

dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ścisel, prof. UMCS (UMCS, Lublin)

dr Agata Goryluk-Salmonowicz (SGGW, Warszawa)

Członkowie Sekretariatu Sympozjum

dr Agata Gryta (IA PAN, Lublin)

dr inż. Dominika Siegieda (IA PAN, Lublin)

dr Karolina Oszust (IA PAN, Lublin)

dr inż. Michał Pylak (IA PAN, Lublin)

dr Mateusz Mącik (IA PAN, Lublin)

dr inż. Jacek Panek (IA PAN, Lublin)

dr Giorgia Pertile (IA PAN, Lublin)

mgr inż. Wiktoria Maj (IA PAN, Lublin)

mgr Klaudia Szpilska (IA PAN, Lublin)

VII OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE „METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”

Lublin, 20-21 czerwca 2023

ORGANIZATORZY

Zakład Badań Systemu Gleba-Roślina, Instytut
Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego
Polskiej Akademii Nauk



Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut
Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa
Państwowy Instytut Badawczy



Katedra Biologii i Biotechnologii
Mikroorganizmów, Wydział Medyczny
Katolicki Uniwersytet Lubelski



Katedra Mikrobiologii Przemysłowej
i Środowiskowej, Wydział Biologii
i Biotechnologii, Instytut Nauk Biologicznych
Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej



Katedra Biochemii i Mikrobiologii, Instytut
Biologii, Szkoła główna Gospodarstwa
Wiejskiego



Komitet Nauk Agronomicznych
Polskiej Akademii Nauk



CEL I ZAKRES KONFERENCJI

Celem konferencji jest przedstawienie najnowszych osiągnięć metagenomiki, metataksonomiki, metatranskryptomiki, metabolomiki, mikrobiologii i mykologii w kontekście współczesnych, europejskich i światowych trendów związanych z rolnictwem i ogrodnictwem, w tym jakością środowiska, bioróżnorodnością oraz fitopatologią. Konferencja ma na celu promowanie badań dotyczących mikrobiomów i mykobiomów, głównie w agroekosystemach, wpisując się w nową koncepcję rośliny, według której roślina jest holobiontem, czyli gospodarzem współistniejących z nią organizmów, które dzięki współpracy metabolicznej, wymianie sygnałów i składników odżywczych zapewniają prawidłowe funkcjonowanie i odporność roślin, co jest niezwykle ważne dla zachowania stanu równowagi ekologicznej i ochrony przed stanami dysbiozy.

Celem sympozjum jest również dyskusja naukowa i pokazanie najnowszych metod badania mikroorganizmów obejmujących genomikę, genetykę i biologię molekularną, które pozwalają poznać lepiej biochemię i fizjologię bakterii i grzybów, a także ich znaczenie w ochronie środowiska i rolnictwie. Podczas sympozjum prezentowane będą techniki oraz wyniki badań „omicznych” w analizie próbek środowiskowych, które umożliwiają poznawanie nowych mikrobiomów, monitorowanie składu konsorcjum mikroorganizmów oraz badanie możliwości ich wykorzystania w rolnictwie i ochronie środowiska. Sympozjum będzie miejscem wymiany doświadczeń, nawiązywania kontaktów do realizacji wspólnych projektów badawczych oraz wydarzeniem naukowym na temat kompleksowego rozpoznania bioróżnorodności mikroorganizmów w różnych środowiskach i najnowocześniejszych metod badawczych stosowanych w naukach przyrodniczych. Kontynuacja organizacji Sympozjum pozwoli na integrację i zacieśnienie kontaktów środowiska naukowego z obszaru nauk rolniczych, biologicznych, środowiskowych i biotechnologicznych, zwłaszcza w zakresie prowadzenia interdyscyplinarnych badań nad bioróżnorodnością mikroorganizmów różnych środowisk, uwzględniając najnowsze narzędzia badawcze i wpisując się doskonale w cele aktualnych dokumentów strategicznych, takich jak Europejski Zielony Ład czy Strategia na rzecz Bioróżnorodności do 2030 roku.

Sympozjum jest jedynym w Polsce, cyklicznym wydarzeniem, obejmującym, promującym i rozpowszechniającym wykorzystanie technik wysokoprzepustowego sekwencjonowania do zastosowania w rolnictwie i ogrodnictwie, w szczególności kompleksowego rozpoznania bioróżnorodności mikroorganizmów w agroekosystemach, a wśród sesji tematycznych znajduje się miejsce również na prezentacje z zakresu bioinformatyki i analizy danych, co jest nierozdzielnie związane z zastosowaniem technik „omicznych” w badaniach środowiskowych i zapewnia podejmowanie interdyscyplinarnych

działań naukowych oraz integrację społeczności naukowej. Niniejsza konferencja jest również doskonałym miejscem, dającym możliwość zaprezentowania wyników badań przez młodych adeptów nauki. W każdej dotychczasowej edycji Sympozjum uczestniczyło ponad 100 naukowców, będących specjalistami i ekspertami z zakresu ekologii mikroorganizmów, fitopatologii, genetyki, mikrobiologii, bioinformatyki, ochrony środowiska oraz rolnictwa.

Niniejsza konferencja będzie okazją do spotkania badaczy wykorzystujących w pracy różne techniki sekwencjonowania i umożliwi kontynuację dyskusji nad skutecznością i wiarygodnością stosowanych metod metagenomicznych w analizie próbek środowiskowych.

Sympozjum otrzymało dofinansowanie ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Edukacji i Nauki pod nazwą „Doskonała Nauka” – nr projektu DNK/SP/549541/2022 – kwota dofinansowania 90 200,00 zł, całkowita wartość projektu 109 200,00 zł



Ministerstwo
Edukacji i Nauki

Patronat honorowy



Minister
Edukacji i Nauki



**Doskonała
Nauka**

KOMITET NAUKOWY

prof. dr hab. Wiesław Barabasz, Państwowa Wyższa Szkoła Wschodnioeuropejska,
Przemysł

Prof. Gabriele Berg, Graz University of Technology, AUT

prof. dr hab. Mieczysław Błaszczyk, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego,
Warszawa

dr hab. Lidia Błaszczyk, Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań

prof. dr hab. Jerzy Długoński, Uniwersytet Łódzki

Prof. Joana Falcao Salles, University of Groningen, NLD

lek. wet. Magdalena Gajdzińska, European Commission, BE

prof. dr hab. inż. Dariusz Grzebelus, Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja
w Krakowie

Dr. Emilia Silja Hannula, Leiden University, NLD

prof. dr hab. Katarzyna Hrynkiewicz, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

dr hab. Sylwia Jafra, **prof. UG**, Uniwersytet Gdański

prof. dr hab. Monika Janczarek, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

prof. dr hab. Adam Jaworski, Uniwersytet Łódzki, Społeczna Akademia Nauk,
Łódź

prof. dr hab. Stefania Jezierska-Tys, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka, Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii
Nauk, Poznań

dr hab. Jolanta Joniec, **prof. uczelni**, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

prof. dr hab. Jan Kucharski, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

prof. dr hab. Marlena Lembicz, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

prof. dr hab. Małgorzata Mańka, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

dr hab. Andrzej Mazur, **prof. UMCS**, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej
w Lublinie

dr hab. Justyna Możejko-Ciesielska **prof. UWM**, Uniwersytet Warmińsko-
Mazurski w Olsztynie

prof. dr hab. Maria Niklińska, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

dr hab. Aleksandra Obrępańska-Stęplowska, **prof. IOR-PIB**, Instytut Ochrony
Roślin PIB, Poznań

dr hab. Anna Pawlik, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

dr hab. Julia Pawłowska, Uniwersytet Warszawski

prof. dr hab. Zofia Piotrowska-Seget, Uniwersytet Śląski w Katowicach

dr hab. Tomasz Plociniczak, **prof. UŚ**, Uniwersytet Śląski w Katowicach

dr hab. Piotr Rozpądek, **prof. UJ**, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

dr hab. Sylwia Różalska, **prof. uczelni**, Uniwersytet Łódzki

prof. dr hab. Lidia Sas-Paszt, Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach, PIB

prof. dr hab. Anna Skorupska, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

prof. dr hab. Łukasz Stępień, Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk,
Poznań

dr Sławomir Sułowicz, Uniwersytet Śląski w Katowicach

dr hab. inż. Justyna Szulc, Politechnika Łódzka

prof. dr hab. Zofia Szweykowska-Kulińska, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza
w Poznaniu

dr hab. Krzysztof Treder, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB, Oddział
w Boninie

prof. dr hab. Katarzyna Turnau, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

dr hab. Marta Wrzosek, **prof. UW**, Uniwersytet Warszawski

prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

dr hab. Aleksandra Ziemińska-Buczyńska, **prof. uczelni**, Politechnika Śląska

REFERATY PLENARNE I ZAPROSZONE WYGŁOSZA

prof. dr hab. Wiesław Barabasz, Państwowa Wyższa Szkoła Wschodnioeuropejska,
Przemyśl

Prof. Gabriele Berg, Graz University of Technology, AUT

Prof. Joana Falcao Salles, University of Groningen, NLD

lek. wet. Magdalena Gajdzińska, European Commission, BE

Dr. Emilia Silja Hannula, Leiden University, NLD

prof. dr hab. Katarzyna Hryniewicz, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

dr hab. Sylwia Jafra, **prof. UG**, Uniwersytet Gdański

prof. dr hab. Adam Jaworski, Uniwersytet Łódzki, Społeczna Akademia Nauk,
Łódź

prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka, Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii
Nauk, Poznań

dr hab. Andrzej Mazur, **prof. UMCS**, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej
w Lublinie

dr hab. Julia Pawłowska, Uniwersytet Warszawski

dr hab. Tomasz Płociniczak, **prof. UŚ**, Uniwersytet Śląski w Katowicach

dr hab. inż. Justyna Szulc, Politechnika Łódzka

prof. dr hab. Zofia Szweykowska-Kulińska, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza
w Poznaniu

dr hab. Marta Wrzosek, **prof. UW**, Uniwersytet Warszawski

PREZENTACJE ARTYSTYCZNE I INSPIROWANE BADANAMI NAUKOWYMI

prof. dr hab. Joanna Hoffmann, Uniwersytet Artystyczny w Poznaniu

WYSTAWY MYKOLOGICZNE W RAMACH PROJEKTU MYKOTEKA PTMyk

dr inż. Katarzyna Patejuk, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu
dr hab. Małgorzata Ruszkiewicz-Michalska, Uniwersytet Łódzki
mgr Sebastian Piskorski, Uniwersytet Łódzki

*Projekt MYKOTEKA dofinansowany ze środków Ministerstwa Edukacji i Nauki
w ramach programu Społeczna Odpowiedzialność Nauki, umowa nr
SONP/SN/514458/2021, wysokość dofinansowania 106 700,00 PLN*

PATRONAT HONOROWY

prof. dr hab. Cezary Sławiński, Dyrektor IA PAN, Lublin
prof. dr hab. Artur Zdunek, Zastępca Dyrektora ds. Naukowych IA PAN, Lublin
prof. dr hab. Wiesław Oleszek, Dyrektor IUNG-PIB, Puławy
prof. dr hab. Teresa Doroszewska, Zastępca Dyrektora IUNG-PIB, Puławy
ks. prof. dr hab. Mirosław Kalinowski, Rektor Katolickiego Uniwersytetu
Lubelskiego Jana Pawła II, Lublin
dr hab. Maciej Masłyk, prof. KUL, Dyrektor Instytutu Nauk Biologicznych, KUL,
Lublin
prof. dr hab. Radosław Dobrowolski, Rektor Uniwersytetu Marii Curie-
Skłodowskiej w Lublinie
prof. dr hab. Anna Jarosz-Wilkolazka, Dyrektor Instytutu Nauk Biologicznych,
UMCS, Lublin
dr hab. Joanna Czarnecka, prof. UMCS, Dziekan Wydziału Biologii
i Biotechnologii, UMCS, Lublin
prof. dr hab. Agnieszka Gniazdowska, Dyrektor Instytutu Biologii, SGGW,
Warszawa
Przewodnicząca Zarządu Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego
prof. dr hab. Małgorzata Mańka oraz Zarząd Główny PTFit
Honorowy Patronat Marszałka Województwa Lubelskiego Jarosława
Stawiarskiego
Patronat Honorowy Prezesa Polskiej Akademii Nauk prof. dra hab. Marka
Konarzewskiego
Patronat Honorowy Ministra Edukacji i Nauki
Patronat Honorowy Prezydenta Miasta Lublin dra Krzysztofa Żuka
Polskie Towarzystwo Mikrobiologów

PATRONAT NAUKOWY

Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne



Polskie Towarzystwo Genetyczne



Polskie Towarzystwo Gleboznawcze



Polskie Towarzystwo Mikrobiologów



Polskie Towarzystwo Mykologiczne



Inicjatywa microBIOME Agro Living Lab



Komisja ds. Biologii Gleby Międzynarodowej
Unii Towarzystw Gleboznawczych



Komitet Nauk Agronomicznych Polskiej
Akademii Nauk

Komitet Nauk Agronomicznych PAN



PATRONAT MEDIALNY

Biotechnologia.pl



Laboratorium - Przegląd
Ogólnopolski



Polskie Radio Lublin



Grupa Tipmedia



LEDBIM



PARTNERZY WYDARZENIA



*Partnerem wydarzenia jest Województwo Lubelskie
„Lubelskie Smakuj Życie!”*



Partnerem wydarzenia jest Miasto Lublin

SPONSORZY





VII Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne
„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”
Lublin, 20-21 czerwca 2023



PROGRAM KONFERENCJI

20.06.2023 (wtorek) (Lubelskie Centrum Konferencyjne - LCK, Sala S2, I piętro, ul. Grotgiera 2, 20-605 Lublin)	
8:30 – 09:30	Rejestracja uczestników konferencji
SESJA PLENARNA	
prof. dr hab. Magdalena Frąc (IA PAN, Lublin); dr hab. Anna Gałazka, prof. Instytutu (IUNG-PIB, Puławy); dr hab. Agnieszka Wolińska, prof. KUL (KUL, Lublin); dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ścisel, prof. UMCS (UMCS, Lublin); dr Agata Goryluk-Salmonowicz (SGGW, Warszawa)	
9:30 – 10:15	Uroczyste otwarcie VII Ogólnopolskiego Sympozjum Mikrobiologicznego „METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK” – powitanie gości przez organizatorów i przedstawicieli władz Instytutu oraz prezentacja artystyczna inspirowana badaniami naukowymi
	prof. dr hab. Joanna Hoffmann (Uniwersytet Artystyczny w Poznaniu) Interdyscyplinarny projekt artystyczny „ <i>Labirynt Zmiannych Tożsamości</i> ”
SESJA INAUGURACYJNA	
prof. dr hab. inż. Dariusz Grzebelus (Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie) prof. dr hab. Anna Skorupska (Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie) prof. dr hab. Jan Kucharski (Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie)	
10:15 – 10:45	REFERAT INAUGURACYJNY: <i>Grzyby – śmiertelnie groźne królestwo</i> prof. dr hab. Adam Jaworski (Uniwersytet Łódzki, Społeczna Akademia Nauk, Łódź)
10:45 – 11:15	WYKŁAD PLENARNY: <i>Rola metabolizmu RNA w kształtowaniu odpowiedzi rośliny na wyzwania środowiskowe: przypadek jęczmienia i regulacji krwawienia</i> prof. dr hab. Zofia Szwejkowska-Kulińska (Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu)
11:15 – 11:30	Przerwa kawowa
SESJA I	
MIKROBIOMY I MYKOBIOMY W BADANIACH NAUKOWYCH	
prof. dr hab. inż. Piotr Sobiczewski (Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach – Państwowy Instytut Badawczy) dr hab. Aleksandra Obrępańska-Stepłowska, prof. IOR-PIB (Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań)	
11:30 – 12:00	WYKŁAD PLENARNY: <i>Soil and plant microbiome as the future of biocontrol and ecosystem health</i> „Wykład realizowany przy wsparciu finansowym Gminy Lublin, w ramach Programu Visiting Professors in Lublin” Wykład w formie streamingu będzie ogólnodostępny dla mieszkańców Lublina Prof. Gabriele Berg (Graz University of Technology, AUT)
	REFERATY ZAPROSZONE
12:00 – 12:20	Prof. Joana Falcao Salles (University of Groningen, NLD): <i>The ecology of bacterial invasions</i>
12:20 – 12:40	Dr. Emilia Silja Hannula (Leiden University, NLD): <i>Fungi in multifunctional soils</i>
12:40 – 13:00	Lek. wet. Magdalena Gajdzińska (European Commission, BE): <i>Research and innovation for microbiomes</i>
13:00 – 13:30	PANEL DYSKUSYJNY – SESJA POSTEROWA (LCK, Atrium, parter)
13:30 – 14:00	Przerwa obiadowa (LCK, Sala S5, III piętro)
SESJA Pico PREZENTACJI	
prof. dr hab. Maria Niklińska (Uniwersytet Jagielloński, Kraków) dr hab. Lidia Błaszczuk (Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań) prof. dr hab. Mieczysław Błaszczuk (Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa)	
14.00 – 14.10	Beata Wielkopolan, Alicja Szabelska-Beręsewicz, Aleksandra Obrępańska-Stepłowska: <i>Insektycydy z różnych klas chemicznych zmieniają strukturę, bioróżnorodność bakterii związanych ze skrzypionką</i>
14.10 – 14.20	Sławomir Sulowicz, Anna Markowicz, Mateusz Dulski, Anna Nowak, Kinga Bondarczuk, Sławomir Borymski: <i>Zastosowanie sekwencjonowania nowej generacji (NGS) genu 16S rRNA do oceny toksyczności nanocząstek tlenku cynku i miedzi względem mikroorganizmów glebowych</i>
14.20 – 14.30	Danuta Cembrowska-Lech, Milena Jawor, Anton Kutsevych: <i>Mikrobiom nasion – różnorodność mikroorganizmów w kielkowaniu nasion jęczmienia</i>
14.30 – 14.40	Anna Duber, Roman Zagrodnik, Natalia Gutowska, Filip Brodowski, Mateusz Łężyk, Mateusz Szczygiełda, Piotr Oleśkiewicz-Popiel: <i>Ewaluacja struktury i dynamiki mikrobiomu w procesie fermentacji organicznej frakcji odpadów komunalnych do produkcji średniołańcuchowych kwasów karboksylowych</i>



**VII Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne
„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”
Lublin, 20-21 czerwca 2023**



PROGRAM KONFERENCJI

14.40 – 14.50	Beata Gutarowska , Sara Socci, Justyna Szulc, Michał Komar, Tomasz Ruman: <i>Wykorzystanie metod -omicznych w ocenie biofilmów hetero- i fototroficznych zabytkowego drewna</i>
14.50 – 15.00	Artur Trzebny , Anna Słodkiewicz-Kowalska, Mirosława Dabert: <i>Różnorodność mikrosporydiów i ich relacje ekologiczne u komarów (Culicidae)</i>
SESJA II	
METAGENOMY I BIORÓZNOBODNOŚĆ ŚRODOWISKA GLEBOWEGO	
prof. dr hab. Stefania Jezierska-Tys (Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie) prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska (Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie) dr hab. Krzysztof Treder (Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Państwowy Instytut Badawczy Oddział w Boninie)	
15:00 – 15:30	WYKŁAD PLENARNY: Wpływ grzybów mykoryzowych na zdrowe i porażone PVY rośliny <i>Solanum tuberosum</i> L. prof. dr hab. Katarzyna Hryniewicz (Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu)
15:30 – 15:50	REFERAT ZAPROSZONY: Metatranskryptom gleby ko-zanieczyszczonej metalami ciężkimi i węglowodorami w trakcie fitoremediacji wspomaganiej szczepem <i>Pseudomonas qingdaonensis</i> ZCR6 oraz dodatkiem mączki kostno-mięsnej dr hab. Tomasz Płociniczak, prof. UŚ (Uniwersytet Śląski w Katowicach)
15:50 – 16:10	Sebastian W. Przemieniecki, Magdalena Oćwieja, Anna Gorczyca : <i>Struktura mikrobiomu ryzosfery kukurydzy traktowanej nanocząstkami srebra o różnych właściwościach powierzchniowych</i>
16:10 – 16:30	Marta Kujawska , Maria Rudawska, Tomasz Leski: <i>Mykobiom glebowy towarzyszący <i>Ulmus laevis</i> rosnącym w siedliskach leśnych i nieleśnych</i>
16:30 – 17:00	Przerwa kawowa
SESJA Pico PREZENTACJI	
Panel inicjatywy microBIOME AGRO LIVING LAB dr hab. Jolanta Joniec, prof. uczelni (Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie) dr hab. Justyna Możejko-Ciesielska, prof. UWM (Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie) prof. dr hab. Łukasz Stępień (Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań)	
17:00 – 17:20	REFERAT ZAPROSZONY: Genomika strukturalna i funkcjonalna bakterii glebowych dr hab. Andrzej Mazur, prof. UMCS (Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie)
17:20 – 17:30	Weronika Babińska-Wensierska , Agata Motyka-Pomagruk, Marco Fondi, Alessi Mengoni, Ewa Łojkowska: <i>Czy mikrobiom gleby uprawnej wpływa na rozwój chorób czarnej nóżki i mokrej zgnilizny wywołanych przez bakterie pektynolityczne z rodzaju <i>Dickeya</i> i <i>Pectobacterium</i>?</i>
17:30 – 17:40	Krzysztof Treder , Anna Pawłowska, Dorota Michałowska, Janusz Urbanowicz, Jerzy Osowski, Jacek Panek, Magdalena Frąc, Joana Falcao-Salles: <i>Wpływ naturalnego mikrobiomu glebowego na reakcję wybranych odmian ziemniaka na stres abiotyczny i biotyczny</i>
17:40 – 17:50	Robin Wilgan , Marta Kujawska, Tomasz Leski: <i>Wpływ inwazyjnych gatunków drzew: robinii akacjowej, czeremchy amerykańskiej oraz dębu czerwonego na strukturę metagenomiczną zbiorowisk grzybów glebowych w borach sosnowych</i>
17:50 – 18:00	Weronika Kosowicz , Agnieszka Domka, Roman Jędrzejczyk, Piotr Rozpądek: <i>Rola glukozyolanów w mutualistycznej interakcji endofitycznego grzyba <i>Sporobolomyces ruberrimus</i> z rośliną modelową <i>Arabidopsis thaliana</i></i>
18:00-19:00	CZAS WOLNY
UROCZYSTA KOLACJA	
19:00	(HOTEL VICTORIA: Prezydenta Gabriela Narutowicza 58/60, 20-016 Lublin) Panel inicjatywy microBIOME AGRO LIVING LAB prof. dr hab. Magdalena Frąc (Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, Lublin)
REFERAT ZAPROSZONY: Profesor Adam Jaworski twórca polskiej szkoły metagenomiki środowiskowej prof. dr hab. Wiesław Barabasz (Państwowa Wyższa Szkoła Wschodnioeuropejska, Przemysł)	
NIEFORMALNIE O NAUCIE dr hab. Aleksandra Ziemińska-Buczyńska, prof. uczelni (Politechnika Śląska): <i>Naukowiec też człowiek</i> dr Sławomir Sulowicz (Uniwersytet Śląski w Katowicach): <i>Trudno być naukowcem</i>	



VII Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne
„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”
Lublin, 20-21 czerwca 2023



PROGRAM KONFERENCJI

21.06.2023 (środa) (Lubelskie Centrum Konferencyjne - LCK, Sala S2, I piętro, ul. Grottgera 2, 20-605 Lublin)	
SESJA III	
NAUKI OMICZNE (METAGENOMIKA, METATAKSONOMIKA, METATRANSKRYPTOMIKA, METABOLOMIKA) I BIOINFORMATYKA W BADANIACH ŚRODOWISKOWYCH	
prof. dr hab. Monika Janczarek (Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie) dr hab. Piotr Rozpądek, prof. UJ (Uniwersytet Jagielloński, Kraków)	
9:30 – 9:40	Wystawa multimedialna - projekt artystyczny „RhiZones” prof. dr hab. Joanna Hoffmann (Uniwersytet Artystyczny w Poznaniu)
9:40 – 10:10	WYKŁAD PLENARNY: <i>Ten obcy: Co zmienia się w glebie gdy pojawia się w niej patogen roślinny</i> prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka (Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań)
10:10 – 10:30	REFERAT ZAPROSZONY: <i>Od metabarcodingu do funkcji: Jak bakterie wewnątrzstrzępkowe mogą wpływać na zdolności enzymatyczne grzybów?</i> dr hab. Julia Pawłowska (Uniwersytet Warszawski)
10:30 – 10:50	REFERAT ZAPROSZONY: „WOOD WIDE WEB” – prawdy i mity dr hab. Marta Wrzosek, prof. UW (Uniwersytet Warszawski)
10:50 – 11:10	Dorota M. Krzyżanowska, Magdalena Jabłońska, Małgorzata Czarwicka, Zbigniew Kaczyński, Katarzyna Macur, Sylwia Jafra: <i>Szlaki metaboliczne Pseudomonas donghuensis P482 zaangażowane w przystosowanie tej ryzobakterii do gospodarza roślinnego ujawnione w wyniku porównania odpowiedzi transkryptyomicznych na eksudaty pomidora i kukurydzy</i>
11:10 – 11:30	Anna Lenart-Boroń, Klaudia Kulik, Marek Tischner: <i>Metataksonomiczna analiza składu populacji bakterii i grzybów w powietrzu stajni na tropie czynników sprawczych nawracającej choroby obturacyjnej u koni</i>
11:30 – 12:10	PANEL DYSKUSYJNY – SESJA POSTEROWA (LCK, Atrium, parter)
SESJA IV	
METAGENOMIKA APLIKACYJNA – ZASTOSOWANIE I ZNACZENIE METAGENOMIKI W BIOTECHNOLOGII, BIOLOGICZNEJ OCHRONIE ROŚLIN ORAZ MONITORINGU JAKOŚCI ŚRODOWISKA	
prof. dr hab. Katarzyna Turnau (Uniwersytet Jagielloński, Kraków) prof. dr hab. Jerzy Długoński (Uniwersytet Łódzki)	
12:10 – 12:40	WYKŁAD PLENARNY: <i>Dobroczynne bakterie poprawiające kondycję roślin - strategie biologicznego zwalczania bakteryjnych patogenów</i> dr hab. Sylwia Jafra, prof. UG (Uniwersytet Gdański)
12:40 – 13:00	REFERAT ZAPROSZONY: <i>Metagenomika i metabolomika w ocenie biodeterioracji i zagrożeń biologicznych</i> dr hab. inż. Justyna Szulc (Politechnika Łódzka)
13:00 – 13:20	Magdalena Szczech, Beata Kowalska: <i>Ulepszone technologie bio-inokulacji i ściółkowania żywymi roślinami dla upraw integrowanych i ekologicznych - projekt BioHorti-Tech</i>
13:20 – 13:40	Damian Mielecki, Anna Detman, Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, Aleksandra Chojnacka, Anna Sikora: <i>Genom Kazachstania humilis MAW1, szczepu nie pochodzącego z zakwasów, w kontekście jego właściwości antybakteryjnych</i>
13:40 – 14:15	Przerwa obiadowa (LCK, Sala S5, III piętro)
SESJA Pico PREZENTACJI / PANEL DYSKUSYJNY	
dr hab. Anna Pawlik (Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie) dr hab. Sylwia Różalska, prof. uczelni (Uniwersytet Łódzki)	
14:15 – 14:25	Jakub Wysokiński, Piotr Koper, Andrzej Mazur: <i>Plazmidowe białka efektorowe jako hipotetyczne czynniki wirulencji bakterii Legionella lytica</i>
14:25 – 14:35	Katarzyna Kagan, Agnieszka Kuźniar, Jacek Podlewski, Agnieszka Wolińska: <i>Metagenomiczna charakterystyka biofilmów ścian w dojrzewalniach serów długo-dojrzewających i pleśniowych (Spizarnia Hrabiny Potulickiej)</i>
14:35 – 14:45	Klaudia Kulik, Anna Lenart-Boroń: <i>Metataksonomia i lekooporność bakterii w sztucznym śniegu produkowanym z wód o różnym stopniu zanieczyszczenia</i>



VII Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne
„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”
Lublin, 20-21 czerwca 2023



PROGRAM KONFERENCJI

14:45 – 14:55	Maciej Gustab , Rafał Ważny, Roman J. Jędrzejczyk, Andrzej Kalisz, Agnieszka Domka, Michał Nosek, Krzysztof Tokarz, Piotr Rozpądek: <i>Przyspieszenie wzrostu kapust w uprawie szklarniowej z zastosowaniem innowacyjnego inokulumu bakteryjnego</i>
14:55 – 15:05	Aleksandra Gęsicka , Natalia Gutowska, Piotr Oleśkiewicz-Popiel, Mateusz Łęzyk: <i>Struktura mikrobiomu w produkcji biopolimeru PHA z metanu</i>
15:05 – 15:15	Anna Wierzbicka-Woś , Alicja Trzeciak-Ryczek, Danuta Cembrowska-Lech: <i>Analiza mikrobiomu borowiny leczniczej wydobywanej w Uzdrowisku Kołobrzeg</i>
15:15 – 15:25	Patryk Frąckowiak , Laura Kunz, Antje Dittmann, Aleksandra Obreńska-Stępińska: <i>Wpływ biostymulatorów z rodzaju benzotiadiazoli na przebieg infekcji wirusa mozaiki pomidora (ToMV) oraz wirusa ziemniaka Y (PVY) w roślinach pomidora</i>
15:25 – 15:35	Sylvia Stefanek , Grzegorz Janusz: <i>Wykorzystanie transkryptomu i proteomu <i>Cerrena unicolor</i> do poszukiwania enzymów o potencjalnym znaczeniu biotechnologicznym</i>
15:35 – 15:45	Mariusz Wróbel , Sonia Szymańska, Edyta Deja-Sikora, Katarzyna Hryniewicz, Tomasz Kowalkowski: <i>Pozyskiwanie bakterii degradujących polimery – PP, PVC, PLA i PC</i>
15:45 – 16:15	WRĘCZENIE NAGRÓD
	PODSUMOWANIE I ZAKOŃCZENIE KONFERENCJI
16:15-17:45	SPACER Z PRZEWODNIKIEM PO LUBLINIE
WYSTAWY GRZYBÓW W RAMACH PROJEKTU MYKOTEKA POLSKIEGO TOWARZYSTWA MYKOLOGICZNEGO dofinansowanego ze środków Ministerstwa Edukacji i Nauki w ramach Programu Społeczna Odpowiedzialność Nauki Umowa nr SONP/SN/514458/2021, wysokość dofinansowania 106 700,00 PLN	
20.06.2023 9.00-18.00	dr inż. Katarzyna Patejuk (Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu), dr hab. Małgorzata Ruszkiewicz-Michalska (Uniwersytet Łódzki): <i>Grzybowy zawrót głowy</i>
21.06.2023 9.30-16.30	mgr Sebastian Piskorski (Uniwersytet Łódzki): <i>Różne oblicza grzybów</i>



Symposium otrzymało dofinansowanie ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Edukacji i Nauki pod nazwą „Doskonała Nauka” – nr projektu DNK/SP/549541/2022 – kwota dofinansowania 90 200,00 zł, całkowita wartość projektu 109 200,00 zł



Patronat honorowy



SPIS POSTERÓW

Dzień pierwszy, 20 czerwca 2023

1. Justyna Gałysa, Marta Koniuszek, Ryszard Koczura, Joanna Mokracka, Integrony i geny oporności na antybiotyki β -laktamowe w wodzie i osadzie ujścia Odry
2. Łukasz Jałowiecki, Jacek Borgulat, Aleksandra Strugała-Wilczek, Grażyna Płaza, Charakterystyka metagenomu bakteryjnego wód poprocesowych z podziemnego zgazowania węgla
3. Dominika Matczuk, Anna Siczek, Mykobiom gleby: reakcja na wybrane ekstrakty roślinne
4. Mateusz Pluskota, Klaudia Kortus, Wiktoria Kapłon, Martyna Kryger, Anna Maćkowska, Joanna Mokracka, Ryszard Koczura, Potencjalnie chorobotwórcze bakterie Gram-dodatnie w powietrzu miasta Poznania
5. Weronika Goraj, Damian Oleksiak, Jacek Podlewski, Agnieszka Kuźniar, Agnieszka Wolińska, Struktura mikrobiomu powietrza dojrzewalni serów ślesieńskich ze Spizarni Hrabiny Potulickiej
6. Artur Banach, Agnieszka Kuźniar, Anna Kruczyńska, Andrzej Słomczewski, Jacek Podlewski, Sara Jurczyk, Agnieszka Wolińska, Różnorodność mikroorganizmów w funkcji właściwości fizykochemicznych gleb o różnym sposobie użytkowania i nawożenia wykorzystywanych do uprawy rzepaku
7. Agnieszka Wolińska, Agnieszka Kuźniar, Anna Kruczyńska, Jacek Podlewski, Andrzej Słomczewski, Strategia KE „Od pola do stołu” na przykładzie mikrobiomu gleb spod uprawy kukurydzy
8. Agnieszka Kuźniar, Sara Jurczyk, Anna Kruczyńska, Artur Banach, Jacek Podlewski, Andrzej Słomczewski, Agnieszka Wolińska, Wpływ dawki azotu na strukturę zbiorowisk grzybów glebowych uczestniczących w przemianach N na podstawie uprawy monokultury kukurydzy
9. Anna Kruczyńska, Agnieszka Kuźniar, Artur Banach, Sara Jurczyk, Jacek Podlewski, Andrzej Słomczewski, Anna Marzec-Grządziel, Anna Sochaczewska, Anna Gałązka, Agnieszka Wolińska, Strategiczne systemy zarządzania glebą a struktura mykobiomu - nowe perspektywy w odpowiedzi na obniżone nawożenie azotem
10. Agata Goryluk-Salmonowicz, Magdalena Popowska, Charakterystyka molekularna endofitów zasiedlających metalofit *Armeria maritima*
11. Iwona Komaniecka, Katarzyna Suśniak, Anna Gałązka, Andrzej Mazur, Mikołaj Feculał, Adam Choma, Zmiany w mikrobiomie pomidora wywołane infekcją *Agrobacterium tumefaciens* C58 - badania genomowe
12. Anna Siczek, Agata Gryta, Karolina Oszust, Beata Feledyn-Szewczyk, Magdalena Frąc, Aktywność mikroorganizmów glebowych i różnorodność

- funkcjonalna bakterii zasiedlających rośliny różnych odmian truskawki w uprawie ekologicznej
13. Agata Gryta, Karolina Oszust, Jacek Panek, Lidia Sas-Paszt, Paweł Trzciniński, Anna Lisek, Maciej Walczak, Aleksandra Burkowska-But, Stanisław Jamrozik, Beata Feledyn-Szewczyk, Anna Gałązka, Magdalena Frąc, Biopreparaty do ochrony upraw owoców miękkich przed fitopatogenami z rodzaju *Verticillium*, *Botrytis*, *Colletotrichum* oraz *Phytophthora*
 14. Karolina Oszust, Flavia Pinzari, Donati Enrica, D’Orazio Giovanni, Michał Pylak, Klaudia Szpilska, Magdalena Frąc, Analiza korelacji między powstawaniem formazanu i CO₂ w mikromacierzach fenotypowych w badaniach metabolizmu grzybów
 15. Karolina Oszust, Flavia Pinzari, Magdalena Frąc, Potencjał grzybów z rodzaju *Trichoderma* i *Verticillium* do zasiedlania nisz azotowych
 16. Jacek Panek, Dominika Siegieda, Magdalena Frąc, Sztuczna inteligencja w badaniach zdrowotności upraw truskawek
 17. Michał Pylak, Karolina Oszust, Jacek Panek, Klaudia Szpilska, Agata Gryta, Magdalena Frąc, Łącząc kropki: Macierze korelacji w analizie właściwości chemicznych gleby spod jabłoni
 18. Mateusz Mącik, Jacek Panek, Michał Pylak, Karolina Oszust, Magdalena Frąc, Kompleksowa analiza ujawniająca sekrety genomu pożytecznej bakterii *Pseudomonas* sp.
 19. Klaudia Szpilska, Karolina Oszust, Jacek Panek, Agata Gryta, Michał Pylak, Magdalena Frąc, Badanie alfa i beta różnorodności bakterii w zbiorowiskach drobnoustrojów glebowych pod jabłonią w zależności od sposobu zagospodarowania gruntu
 20. Beata Kowalska, Magdalena Szczech, Skuteczność bakterii kwasu mlekowego w hamowaniu wzrostu *Botrytis cinerea* i *Escherichia coli* w warunkach *in vitro*
 21. Lidia Sas-Paszt, Paweł Trzciniński, Anna Lisek, Sławomir Głuszek, Bożena Matysiak, Stanisław Kaniszewski, Innowacyjne konsorcja mikrobiologiczne w akwaponicznej uprawie sałaty rzymskiej
 22. Lidia Sas-Paszt, Anna Lisek, Paweł Trzciniński, Krzysztof Górnik, Beata Sumorok, Edyta Derkowska, Sławomir Głuszek, Mateusz Frąc, Magdalena Frąc, Michał Przybył, Innowacyjne biopreparaty w ekologicznej uprawie maliny i truskawki
 23. Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski, Mikrobiom gleby zanieczyszczonej o-krezolem poddanej biostymulacji *Perna canaliculus*
 24. Agata Borowik, Jadwiga Wyszowska, Magdalena Zaborowska, Jan Kucharski, Mikrobiom gleb zanieczyszczonych pyretroidami

25. Edyta Boros-Lajsner, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski, Wrażliwość bakterii glebowych oraz *Sinapis alba* L. i *Avena sativa* L. na działanie kadmu
26. Polina Pidlubna, Dominika Włoch-Salamon, Nataliia Glibovytska, Beata Klimek, Różnorodność drożdży glebowych w trzech typach lasów
27. Kristine Petrosyan, Tomasz Krucoń, Renata Piwowarczyk, Karolina Ruraż, Jaco Vangronsveld, Wiesław Kaca, Analiza metagenomiczna bakteryjnych endofitów młodych i dojrzałych nasion *Orobancha lutea* rosnących na obszarze zanieczyszczonym metalami
28. Edyta Kwiatkowska, Jolanta Joniec, Krzysztof Kowalczyk, Michał Nowak, Justyna Leśniowska - Nowak, Cezary Kwiatkowski, Wpływ kilkuletniego nawożenia odpadem popieczarkowym na populacje bakterii i grzybów glebowych
29. Urszula Wydro, Agata Jabłońska-Trypuć, Elżbieta Wołejko, Efekt działania izofetamidu na populację bakterii i archeonów w glebach
30. Elżbieta Wołejko, Agata Jabłońska-Trypuć, Urszula Wydro, Wpływ odcieków ze składowiska odpadów na populację bakterii i archeonów w glebach
31. Agata Jabłońska-Trypuć, Elżbieta Wołejko, Urszula Wydro, Wpływ odcieków ze składowiska odpadów na różnorodność grzybów w glebach
32. Adam Furtak, Anna Szafranek-Nakonieczna, Anna Pytlak, Mock communities jako narzędzie w analizie społeczności mikroorganizmów metodą sekwencjonowania amplikonów genu 16S rRNA
33. Paulina Supel, Monika Faruga, Grzegorz Bartkiewicz, Jan Dziura-Bartkiewicz, Paweł Kaszycki, Konsorcjum mikrobiologiczne przeznaczone do bioremediacji zanieczyszczeń atrazyną w środowisku glebowym
34. Karolina Jaros, Jolanta Jaroszuk-Ściśeł, Piotr Sugier, Anna Marzec-Grządziel, Agata Janczarek, Anna Gałązka, Jaco Vangronsveld, Małgorzata Wójcik, Wpływ biostymulantów na funkcjonalne zróżnicowanie mikrobiomu ryzosfery konopi siewnych (*Cannabis sativa* L.) uprawianych na glebie zanieczyszczonej metalami
35. Weronika Kursa, Agnieszka Jamiołkowska, Antygrzybowe działanie ekstraktów roślinnych na wzrost patogenów roślinnych — badanie *in vitro*
36. Renata Tyśkiewicz, Artur Nowak, Ewa Ozimek, Elżbieta Patkowska, Jolanta Jaroszuk-Ściśeł, Konkurencyjne oddziaływania szczepów *Trichoderma* spp. w stosunku do fitopatogenów *Fusarium* spp. na podstawie analizy profili metabolicznych w teście BIOLOG oraz tempa wzrostu
37. Marek Selwet, Występowanie wybranych genów wirulencji u bakterii z rodzaju *Campylobacter* izolowanych od koni pełnej krwi angielskiej
38. Karolina Ruraż, Sebastian Wojciech Przemieniecki, Renata Piwowarczyk, Kształtowanie się różnorodności bakterii i grzybów w trakcie rozwoju znamion

- słupka w kwiatach gatunków holopasożytniczych *Orobanchе alsatica* i *O.bartlingii* (Orobanchaceae)
39. Piotr Boroń, Ewa Błońska, Jarosław Lasota, Tomasz Babik, Wojciech Piaszczyk, Wojciech Prażuch, Hanna Stępniewska, Robert Jankowiak, Anna Lenart-Boroń, Reakcja mikroflory grzybowej na obecność produktów spalania drewna w glebach leśnych
 40. Wiktor Babis, Maciej Florczyk, Agnieszka Cydzik-Kwiatkowska, Jan Jastrzębski, Sławomir Ciesielski, Analiza mikrobiomu osadu czynnego w oparciu o różne regiony genu kodującego 16S rRNA
 41. Monika Janczarek, Paulina Adamczyk, Michał Kalita, Anna Gromada, Analiza porównawcza genów csp uczestniczących w adaptacji bakterii symbiotycznych *Rhizobium leguminosarum* do stresu zimna
 42. Artur Nowak, Anna Marzec-Grządziel, Ewa Ozimek, Małgorzata Majewska, Anna Gałązka, Jolanta Jaroszuk-Ściseł, Zróżnicowanie genetyczne i metaboliczne gleby uprawnej uzyskanej spod monokultury rzodkiewki (*Raphanus sativus* var. *Sativus*)
 43. Karolina Furtak, Anna Marzec-Grządziel, Ocena wpływu sposobu przygotowania próbki wody rzecznej na wyniki sekwencjonowania następczej generacji
 44. Karolina Furtak, Profil fizjologiczny zbiorowisk bakteryjnych w wodzie z rzeki Wisły
 45. Agata Janczarek, Anna Marzec-Grządziel, Anna Gałązka, Analiza genomu bakterii endofitycznej o potencjalnych cechach umożliwiających zastosowanie jako składnik preparatów mikrobiologicznych
 46. Karolina Gawryjolek, Anna Gałązka, Charakterystyka genetyczna oraz potencjał metaboliczny szczepów bakterii wyizolowanych z ryzosfery roślin uprawnych
 47. Małgorzata Ostrowska, Justyna Jarczak, Czy istnieje związek między fenyloketonurią a rozwojem mykobiomu?
 48. Rafał Ważny, Magdalena Zyzik, Roman J. Jędrzejczyk, Agnieszka Domka, Artur Pliszko, Piotr Rozpądek, Jak metale ciężkie zmieniają mikrobiom nasion?
 49. Paulina Adamczyk, Michał Kalita, Anna Gromada, Monika Janczarek, Analiza filogenetyczna genów adaptacji do stresu zimna *Rhizobium leguminosarum*
 50. Aleksandra Giza, Arkadiusz Bomba, Ewelina Kamińska, Eliza Czarnecka, Magdalena Zajac, Aleksandra Śmiałowska-Węglińska, Dariusz Wasyl, Wykorzystanie metataksonomiki do oceny wpływu strategii chowu drobiu na mikrobiom jelitowy - badania pilotażowe
 51. Barbara Abramczyk, Anna Marzec-Grządziel, Ewa Król, Wiesław Oleszek, Profil kataboliczny oraz identyfikacja molekularna endofitycznego szczepu *Diaporthe eres* 1420S pozyskanego z pędów *Prunus domestica*

52. Justyna Możejko-Ciesielska, Bartosz Skierkowski, Analiza proteomu *Pseudomonas putida* KT2440 podczas syntezy polihydroksyalkanianów w warunkach stresowych
53. Marta Damszel, Bożena Cwalina-Ambroziak, Edyta Kwiatkowska, Bartłomiej Porzuc, Mykobiom ziarna pszenicy jarej
54. Dominika Siegieda, Jacek Panek, Magdalena Frąc, Zbiorowiska bakterii zdrowych i zainfekowanych patogenami plantacji truskawek – różnicowanie obfitości i bogactwa mikrobioty
55. Agnieszka Wolna-Maruwka, Alicja Niewiadomska, Adam Kamiński, Adrianna Kubiak, Agnieszka A. Pilarska, Dorota Swędrzyńska, Wpływ innowacyjnego biostymulatora nawozowego na aktywność i bioróżnorodność mikrobiomu glebowego pod uprawą marchwi (*Daucus carota* L.)
56. Giorgia Pertile, Magdalena Frąc, Występowanie kluczowych fitopatogenów w glebie oraz liściach roślin różnych odmian malin
57. Magdalena Frąc, Jacek Panek, Agata Gryta, Karolina Oszust, Paweł Trzciniński, Lidia Sas-Paszt, Bioróżnorodność mikrobiologiczna gleby i zmiany mikrobiomu korzeni roślin malin poddanych działaniu nawozowego produktu mikrobiologicznego
58. Magdalena Frąc, Jacek Panek, Agata Gryta, Karolina Oszust, Giorgia Pertile, Dominika Siegieda, Mateusz Mącik, Michał Pylak, Shamina Imran Pathan, Giacomo Pietramellara, Uprawa współrzędna zbóż i roślin bobowatych dla rozwoju zrównoważonego rolnictwa – bioróżnorodność i aspekt metagenomiczny
59. Magdalena Frąc, Sylwia Różalska, Katarzyna Turnau, Interakcje mikrolistków i mikrobiomów jako funkcjonalne regulatory ich jakości, odporności i trwałości
60. Magdalena Frąc, Karolina Oszust, Giorgia Pertile, Agata Gryta, Jacek Panek, Jerzy Weber, Wpływ różnych systemów uprawy na zbiorowiska mikroorganizmów glebowych oraz ich aktywność i różnorodność funkcjonalną

Dzień drugi, 21 czerwca 2023

1. Anna Marzec-Grządziel, Anna Gałązka, Łukasz Pawlik, Sekwencjonowanie nowej generacji w badaniach nad wpływem mikroorganizmów na wietrzenie biologiczne
2. Anna Marzec-Grządziel, Jarosław Ciepiał, Agata Janczarek, Grażyna Korbecka-Glinka, Marcin Przybyś, Bioróżnorodność bakterii endofitycznych wybranych roślin miódodajnych
3. Anna Marzec-Grządziel, Nowe sposoby zwalczania antybiotykooporności

4. Wiktoria Maj, Giorgia Pertile, Sylwia Różalska, Magdalena Frąc, Zmiany aktywności metabolicznej grzybów z rodzaju *Neosartorya* (anamorfa: *Aspergillus*) po hodowli na podłożu zawierającym ekstrakt z nagietka
5. Jarosław Ciepiał, Anna Marzec-Grządziel, Molekularne podstawy antybiotykoodporności w glebach
6. Jarosław Ciepiał, Anna Marzec-Grządziel, Grzegorz Borsuk, Metody sekwencjonowania nowej generacji wykorzystywane w badaniach nad mikrobiomem jelitowym pszczół miodnych
7. Hanna Prusak, Natalia Gutowska, Nay Yee Wint, Mateusz Łężyk, Piotr Oleśkiewicz-Popiel, Przebieg procesu produkcji kwasów organicznych z wykorzystaniem syntetycznej frakcji organicznej odpadów komunalnych oraz struktura produkującego go mikrobiomu
8. Dominika Thiem, Marcin Gołębiwski, Tomasz Kowalkowski, Christel Baum, Jarosław Tyburski, Bioinokulanty mykoryzowe zwiększają tolerancję *Alnus glutinosa* Gaertn. na zasolenie
9. Urszula Wachowska, Weronika Giedrojć, Edyta Kwiatkowska, Kinga Szablewska-Stuper, Dariusz Gontarz, Analiza mykobioty w diagnostyce przyczyn zamierania pszenicy twardej?
10. Weronika Giedrojć, Urszula Wachowska, Mykobioty ryzosfery siewek pszenicy twardej modyfikowany zaprawianiem ziarna
11. Katarzyna Starzec, Paulina Supel, Piotr Kacorzyk, Paweł Kaszycki, Dynamika populacji mikrobioty glebowej w warunkach użycia włókien ochronnych wytworzonych z odpadowych piór drobiowych
12. Jolanta Jaroszuk-Ściśel, Artur Nowak, Renata Tyśkiewicz, Elżbieta Patkowska, Agata Janczarek, Agata Majewska, Julia Flakiewicz, Adam Żmuda, Profil fizjologiczny genetycznie zidentyfikowanych izolatów *Trichoderma virens* i *Fusarium* spp. pozyskanych z grochu oraz zdolność hamowania wzrostu fitopatogenów i stymulacji wzrostu grochu przez szczep *T. virens*
13. Jolanta Jaroszuk-Ściśel, Karolina Jaros, Małgorzata Wójcik, Izabela Baczewska, Rafał Krawczyk, Piotr Sugier, Analiza funkcjonalna ryzosfery mącznicy lekarskiej (*Arctostaphylos uva-ursi*) rosnącej na stanowiskach o różnym stopniu zanieczyszczenia metalami
14. Małgorzata Hałat-Łaś, Anna Ambroszczyk, Paweł Kaszycki, Wpływ preparatu zawierającego nanocząstki miedzi na przeżywalność wybranych bakterii glebowych - składników aktywnych biopreparatów stosowanych w rolnictwie
15. Iłona Kafel-Krawczyk, Anna Gierut-Kot, Katarzyna Góralska, Magdalena Jopek, Krzysztof Ambroziak, Weronika Walczak, Ocena właściwości izolatów z rodzaju *Paenibacillus*, *Azotobacter* na wzrost i plonowanie upraw rolniczych
16. Monika Kozieł, Anna Gałązka, Różnorodność funkcjonalna szczepów bakterii solubilizujących fosforany wyizolowanych z gleb ornych Polski

17. Łukasz Mąka, Marta Bartosik, Jolanta Solecka, Metagenomowa analiza próbek pochodzących ze złóż borowin leczniczych
18. Marta Budziszewska, Arnika Przybylska, Aleksandra Obrępańska-Stęplowska, Wpływ zmienności genetycznej w 3'UTR RNA1 wirusa nekrozy pomidora (ToTV-Kra) na transmisję przez wektor owadzi
19. Przemysław Wieczorek, József Burgyan, Aleksandra Obrępańska-Stęplowska, Określenie udziału komponentów procesu potranskrypcyjnego wyciszania ekspresji genów (PTGS) podczas infekcji wirusa nekrozy pomidora w *Nicotiana benthamiana*
20. Paweł Zalewski, Przemysław Wieczorek, Barbara Wrzesińska-Krupa, Marta Budziszewska, Patryk Frąckowiak, Aleksandra Obrępańska-Stęplowska, Różnice w przebiegu infekcji roślin z rodziny Solanaceae wirusem mozaiki ogórka (CMV) oraz jego mutantami pozbawionymi białka 2b
21. Agata Klepacka, Patryk Frąckowiak, Marta Budziszewska, Przemysław Wieczorek, Aleksandra Obrępańska-Stęplowska, Wpływ infekcji wirusowej oraz poziomu fitohormonów roślin pomidora (*Solanum lycopersicum* L.) na zachowania orientacyjne i rozwój mszycy brzoskwińowej (*Myzus persicae*)
22. Monika Kaczor, Piotr Bulak, Sebastian Przemieniecki, Kinga Proc-Pietrycha, Marina Kirichenko-Babko, Agnieszka Kosewska, Sławomir Ciesielski, Andrzej Bieganski, Konwersja odpadu po produkcji nasion fasoli przez *Hermetia illucens*: zmiany w metagenomach w kontekście bionawozowym
23. Anna Wilkos, Damian Słoniewski, Ewa Mirzwa-Mróz, Marcin Wit, Elżbieta Paduch-Cichal, Marek Szyndel, Wojciech Wakuliński, Charakterystyka typów kojarzeniowych wybranych izolatów *Neonecteria ditissima* i możliwość tworzenia teleomorfy przez tego patogena
24. Ewa M. Furmańczyk, Małgorzata Tartanus, Eligio Malusá, Pasy kwietne jako żywe ściółki w sadzie jabłoniowym – wpływ na aktywność i bioróżnorodność mikroorganizmów
25. Edyta Deja-Sikora, Klaudia Werner, Krzysztof Treder, Edmund Kozieł, Katarzyna Hrynkiewicz, Bioinokulaty oparte na AMF: ich wpływ na ziemniaka porażonego wirusem PVY oraz mikrobiom gleby rolnej
26. Sonia Szymańska, Agnieszka Ludwiczak, Edyta Deja-Sikora, Marcin Sikora, Marcin Gołębiowski, Katarzyna Hrynkiewicz, Selektywne filtrowanie mikroorganizmów z gleby przez *Salicornia europaea*
27. Bliss Ursula Furtado, Katarzyna Hrynkiewicz, Urszula Jankowska, Bożena Skupień-Rabian, Salt-Fun: Słony profil grzybów endofitycznych - podejście proteomiczne
28. Angelika Kliszcz, Agnieszka Kuźniar, Agnieszka Wolińska, Sara Jurczyk, Joanna Puła, Bakteryjne endosymbionty kosmopolitycznego gatunku dżdżownicy *Aporrectodea caliginosa* Sav.

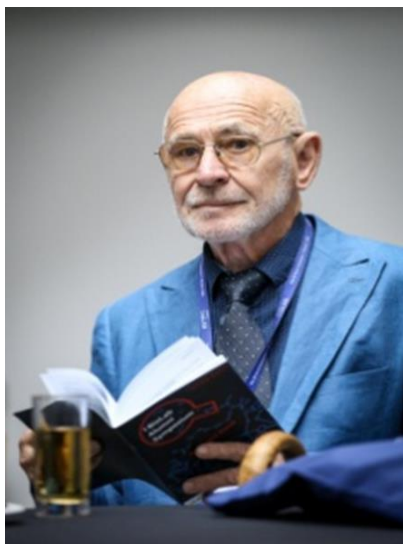
29. Krzysztof Krawczyk, Alicja Szabelska-Beręsewicz, Sebastian Wojciech Przemieniecki, Mateusz Szymańczyk, Aleksandra Obrepalska-Stęplowska, Bakterie jelitowe owadów wspomagające wzrost roślin pomidora (*Solanum lycopersicum* L.)
30. Jarosław Lasota, Rafał Ważny, Marzena Kaźmierczak, Ewa Błońska, Efekt domieszki krzewów w drzewostanach na zróżnicowanie mikrobiologiczne i akumulacje wielopierścieniowych węglowodorów aromatycznych
31. Lorenzo Pin, Giulio Testone, Donato Giannino, Mariateresa Cardarelli, Giuseppe Colla, Flavia Pinzari, Wpływ zastosowania *Trichoderma atroviridae* o właściwościach nawozowych na bioróżnorodność gleby: protokół metagenomiki typu shotgun z wykorzystaniem sekwenatora MinION
32. Jagoda Szydło, Bliss Furtado, Katarzyna Hrynkiewicz, Selekcja bakterii stymulujących wzrost roślin z rodziny wiechlinowatych (*Poaceae*): pastewnych i zbożowych
33. Bartłomiej Porzuc, Sebastian Wojciech Przemieniecki, Sławomir Ciesielski, Agnieszka Kosewska, Olga Kosewska, Mikrobiom jelitowy drewnojada (*Zophobas moriofabricius*) ukształtowany przez dietę bazującą na polimerach syntetycznych
34. Ilona Złoch, Katarzyna Palińska, Waldemar Surosz, Bioróżnorodność epifitów z Zatoki Gdańskiej
35. Krystyna Cybulska, Oliwia Pastwa, Wpływ alkoholowych wyciągów roślinnych z ziela krwiściąg lekarski (*Sanguisorba officinalis* L.) na ograniczenie wzrostu wybranych bakterii
36. Katarzyna Gleń-Karolczyk, Robert Witkiewicz, Wpływ nawożenia mineralnego na mykobiom nasion oraz zbiorowiska grzybów uczestniczące w plamistości liści komosy ryżowej (*Chenopodium quinoa* Willd.) uprawianej w Polsce
37. Katarzyna Gleń-Karolczyk, Robert Witkiewicz, Supresja zgnilizny korzeni chrzanu (*Armoracia rusticana* Gaertn.) oraz tożsamość i struktura związanych z nią grzybów w warunkach zróżnicowanej ochrony
38. Monika Nowak, Anna Litwin, Przemysław Bernat, Sylwia Różalska, Akumulacja insektycydów chemicznych z grupy pyretroidów u grzyba entomopatogennego *Beauveria bassiana*
39. Daria Horoszkiewicz, Michał Mateusz Waleron, Jan Gawor, Krzysztof Waleron, Małgorzata Waleron, Czy ryzobiom roślinny wpływa na interakcję pomiędzy rośliną a patogenami z rodzaju *Pectobacterium*?
40. Mikołaj Charchuta, Władysław Polcyn, Metanogeneza w krajobrazie rolniczym może być indukowana przez napływ mobilnych elementów genetycznych z nawozu przeżuwaczy

41. Mikołaj Charchuta, Maksymilian Chmielewski, Władysław Polcyn, Postulowane metakategorie ekologiczne w interakcjach grzybowo-roślinnych wyłaniane analizą różnicowo-sieciową
42. Anna-Karina Kaczorowska, Ida H. Steen, Runar Stokke, Wojciech Rypniewski, Łukasz Dziewit, Olesia Werbowy, Daria Biernacka, Sebastian Dorawa, Wojciech Rusinek, Tadeusz Kaczorowski, Granice życia: różnorodność, strategie adaptacyjne oraz potencjał biotechnologiczny drobnoustrojów żyjących w głębinach morskich Arktyki (INDEPTH)
43. Agata Świącilo, Joanna Bednarz, Oddziaływanie DMSO na drożdże *S. cerevisiae* pozbawione aktywności dysmutazowej (CuZnSOD lub MnSOD) w warunkach zróżnicowanego natlenienia środowiska
44. Kalisa Bogati, Patrycja Golińska, Piotr Sewerniak, Aleksandra Burkowska-But, Maciej Walczak, Wpływ suszy indukowanej na zmiany struktury zbiorowisk drobnoustrojów w glebie rolniczej
45. Małgorzata Woźniak, Sylwia Siebielec, Grzegorz Siebielec, Identyfikacja szczepów bakterii autochtonicznych wyizolowanych z ryzosfery roślin porastających składowiska odpadów pohutniczych silnie zanieczyszczonych metalami ciężkimi
46. Sylwia Siebielec, Grzegorz Siebielec, Anna Marzec Grządziel, Zmiany zachodzące w zbiorowisku drobnoustrojów w ryzosferze roślin spontanicznych pochodzących z odpadów poflotacyjnych i żużlowych
47. Sylwia Siebielec, Grzegorz Siebielec, Małgorzata Woźniak, Projekt INNO-MIK „Opracowanie innowacyjnej technologii wytwarzania wzbogaconych mikrobiologicznie bionawozów wspomagających zrównoważoną produkcję roślinną i jej adaptację do zmian klimatu”
48. Aleksandra Ziemińska-Buczyńska, Beata Kończak, Potencjał roślin zimozielonych w fylloremediacji powietrza
49. Mateusz Łężyk, Filip Brodowski, Natalia Gutowska, Anna Duber, Sivasankar Palaniappan, Piotr Oleśkiewicz-Popiel, Analiza omiczna otwartych kultur bakterii w procesie produkcji średniołańcuchowych kwasów tłuszczowych
50. Ewa Oleńska, Wanda Małek, Małgorzata Woźniak, Anna Gałązka, Izabela Świącicka, Małgorzata Wójcik, Sofie Thijs, Jaco Vangronsveld, Mikrobiom bakteryjny i grzybowy koniczyny białej (*Trifolium repens*) rosnącej na hałdach galmanowych Olkuskiego Okręgu Rudnego w kontekście bioremediacji
51. Anna Gałązka, Jacek Niedźwiecki, Anna Marzec-Grządziel, Karolina Gawryjolek, Karolina Furtak, Marcin Przybyś, Bioróżnorodność mikroorganizmów glebowych w ekosystemie leśnym i rolniczym
52. Anna Gałązka, Anna Marzec-Grządziel, Łukasz Pawlik, Bioróżnorodność grzybów jako wskaźnik potencjalnego wietrzenia biologicznego i glebotwórczego

53. Małgorzata P. Oksińska, Jolanta Kucińska, Elżbieta G. Magnucka, Anna Kmieć, Stanisław J. Pietr, Bioróżnorodność grzybów strzępkowych w tkankach żurawiny wielkoowocowej (*Vaccinium macrocarpon* Aiton)
54. Sebastian Wojciech Przemieniecki, Rearanżacje ryzobiomu pszenicy pod wpływem nanocząstek TiO₂
55. Olga Kosewska, Sebastian Wojciech Przemieniecki, Mariusz Nietupski, Stanisława Koronkiewicz, Wpływ różnych właściwości chemicznych ziarna zbóż na żerowanie i mikrobiom wołka ryżowego (*Sitophilus oryzae*)
56. Sylwia Różalska, Anna Litwin, Analiza zmian proteomu wewnątrzkomórkowego *Beauveria bassiana* spowodowanych akumulacją pyretroidów
57. Piotr Koczorski, Bliss Ursula Furtado, Marcin Gołębiewski, Piotr Hulisz, Dominika Thiem, Christel Baum, Martin Weih, Katarzyna Hrynkiewicz, Poziom asocjacji roślin jako główny czynnik kształtujący różnorodność grzybową i bakteryjną w zagajnikach wierzbowych o krótkiej rotacji

SYLWETKI PRELEAGENTÓW





Prof. dr hab. Adam Jaworski, ur. 26.02.1942, biochemik, mikrobiolog, specjalność biologia molekularna i genetyka drobnoustrojów.

Studia - Wydział Biologii i Nauk o Ziemi Uniwersytetu Łódzkiego, **mgr** - **1964** (promotor, prof. W. Maciejewska-Potapczyk), **Dr n. przyr.** - **1971** (Instytut Mikrobiologii UŁ, promotor dr hab. L. Sedlaczek). **Dr hab.** - **1983** (Zakład Mikrobiologii Przemysłowej, Inst. Mikrobiologii UŁ), Od 1964 zatrudniony w Zakładzie Mikrobiologii Przemysłowej Inst. Mikrobiologii Uniwersytetu Łódzkiego jako asystent, adiunkt (1971) i docent (1983). W latach 1986-1988 podoktorski staż w University of Alabama at Birmingham, USA.

Tytuł naukowy profesora - **1992**, Kierownik Zespołu Genetyki Drobnoustrojów w Zakładzie Mikrobiologii Ogólnej, UŁ.

W latach 2013 - 2017 roku prof. zw. Społecznej Akademii Nauk w Łodzi i Dyrektor Instytutu Nauk o Zdrowiu.

W latach 1989-2005 odbył liczne długo- i krótkoterminowe staże naukowe jako Visiting Professor w University of Alabama at Birmingham, USA; Texas A&M University, USA; Osaka University, Japonia. W latach 1994 -1999 Kierownik Pracowni Genetyki Drobnoustrojów Centrum Mikrobiologii i Wirusologii PAN; 1995-2001 Kierownik Pracowni Inżynierii Genetycznej CMiW PAN. W latach 1998-2002 pełnił funkcję Dyrektora CMiW PAN w Łodzi.

Dorobek naukowy:

Okolo 88 oryginalnych prac twórczych, większość w czasopismach o zasięgu międzynarodowym, w tym Science, Nature Genetics, Journal of Biological Chemistry (4x), Gene; Proc. Natl. Acad. Sci. USA (2x); Journal of Molecular Biology (4x); Nucleic Acids Research (2x), Cand. J. Microbiol. Journal of Biological Chemistry, Journal of General Microbiology, **18 prac przeglądowych** w polskich czasopismach naukowych. **45 rozdziałów** w książkach i monografiach krajowych i zagranicznych. **123 doniesienia** na krajowych i zagranicznych konferencjach i sympozjach. W okresie 1965-2010 powyższe prace zebrały ponad **1627 cytowań**.

Najważniejsze osiągnięcia:

Do doktoratu - wykorzystanie metody bezpośredniego pomiaru mikrokalorymetrycznego do oceny pełnego bilansu energetycznego procesów heterofermentacji drobnoustrojów, w tym form L pałeczek *Proteus*. Po doktoracie - określenie mechanizmów specyficznej biotransformacji związków steroidowych przez wybrane gatunki promieniowców i grzybów strzępkowych, oraz wskazanie na praktyczne możliwości zastosowania zgromadzonych informacji w procesach technologicznych.

Wykazanie możliwości występowania lewoskrętnej formy DNA (Z-DNA) *in vivo* w komórkach bakteryjnych. Wskazanie udziału systemów naprawy DNA (MMR, NER)) w destabilizacji trójnukleotydomy powtarzających się (CTG)_n jako jednej z przyczyn rozwoju niektórych dziedzicznych, neurodegeneracyjnych chorób człowieka. Poznanie roli procesu poślizgu nici DNA w generowaniu niestabilności ludzkich trójnukleotydomy powtórzonych (CTG)_n. Opisanie mutagennych właściwości ludzkiej sekwencji PKD1, której niestabilność jest skorelowana z wielotorbielowatością nerek (polycystic kidney disease 1). Unikatowe w Polsce i nieliczne w świecie poznawcze i aplikacyjne badania chorobotwórczych dermatofitów, w tym molekularna diagnostyka i epidemiologia tych patogennych grzybów izolowanych od ludzi i zwierząt w Polsce. Zainicjowanie w Polsce i stworzenie wspólnie z prof. dr hab. Zofią Zwolską z Instytutu Gruźlicy i Chorób Płuc w Warszawie - znanej szkoły naukowej w Łodzi i w Warszawie, w dziedzinie molekularnych badań poznawczych i aplikacyjnych prątków gruźlicy.

Przyznane granty: liczne granty NIH (USA) oraz byłego Komitetu Badań Naukowyc, Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego, Ministra Zdrowia, NATO, Narodowego Centrum Nauki. British Royal Society, Prezydenta Miasta Łodzi.

Członek następujących towarzystw i organizacji krajowych i zagranicznych:

W przeszłości: członek Komitetów PAN: Mikrobiologii, Etiopatogenezy Chorób Zakaźnych Człowieka, członek Rady Naukowej Instytutu Badania Środowiska i Bioanalizy Akademii Medycznej w Łodzi, członek Komisji Współdziałania Nauk Chemiczno-Biologiczno-Medycznych Oddziału PAN w Łodzi, członek Komisji Biotechnologii Oddziału PAN w Łodzi, reprezentant Polski w FEMS, członek American Society for Biochemistry and Molecular Biology. Obecnie: członek Jury Fundacji L'Oreal i Polskiego Komitetu UNESCO, członek Łódzkiego Towarzystwa Naukowego, członek Komitetu Redakcyjnego Kwartalnika Medycyna Doświadczalna i Mikrobiologia, ekspert Narodowego Centrum Badań i Rozwoju - od 2009 roku.

Recenzent:

63 prac doktorskich, 35 prac habilitacyjnych, 39 wniosków o stanowisko lub tytuł profesora, 2 wniosków o nadanie tytułu doktora honoris causa. Recenzje wydawnicze około 45 prac eksperymentalnych, przeglądowych i podręczników dla redakcji polskich oraz zagranicznych czasopism i wydawnictw naukowych. Recenzje ponad 80 projektów badawczych na zlecenie KBN, NCN, NCBR, PONT, Fundacji na Rzecz Wspierania Nauki Polskiej, a także innych instytucji finansowania nauki w Polsce.

Ponad 120 wykładów seminaryjnych w wielu Uczelniach w Polsce, a także w USA, Japonii, Wielkiej Brytanii, Niemczech, Tajlandii, Szwecji, na Ukrainie i Białorusi.

Dydaktyka i kształcenie kadry:

Wykłady, seminaria, prowadzenie **49** prac magisterskich w Uniwersytecie Łódzkim oraz w Centrum Mikrobiologii i Wirusologii PAN w Łodzi. Promotor **22** zakończonych doktoratów w Polsce i 3 w USA. Spośród wypromowanych 22 doktorów **12** osób uzyskało stopień doktora habilitowanego. **3** osoby spośród wychowanków w uzyskały tytuł profesor nauk biologicznych lub medycznych.

Odnaczenia: Srebrny (1980) i Złoty Krzyż Zasługi (1985), Krzyż Kawalerski Orderu Odrodzenia Polski (2005), Medal Komisji Edukacji Narodowej (1996), Medal 50-lecia Uniwersytetu Łódzkiego (1996), Medal Uniwersytet Łódzki w Służbie Społeczeństwu i Nauce (1995). Medal Universitas Lodziensis Merentibus (2018).



Prof. dr hab. Zofia Szweykowska-Kulińska zajmuje się biogenezą mRNA i mikroRNA. Interesuje ją rola kluczowych białek metabolizmu RNA zaangażowanych w biogenezę i dojrzewanie mRNA i miRNA. W szczególności bada białka wiążące czapkę, CBP20, CBP80 i białko dojrzewania pri-miRNA SERRATE, które odkryła wraz ze współpracownikami, a które odgrywają ważną rolę w splicingu pre-mRNA. Bada powstawanie kompleksu białkowego (HYL1 (DRB1), SERRATE, CBP20, CBP80, DDL, DCL1) zaangażowanego w biogenezę mikroRNA oraz rolę innych białek (polimerazy RNA zależne od RNA i białek remodelujących chromatynę) w tym procesie. Jej zespół wykorzystuje techniki mikroskopowe, takie jak BiFC, FRET i FLIM-FRET, aby zbadać te interakcje białko-białko i ich rolę w biogenezie mikroRNA.

Jednymi z najważniejszych uwarunkowań środowiskowych dla Polski są niedobory wody oraz wiosenno-letnie zagrożenia suszą i wysokimi temperaturami. Jej badania pozwoliły zidentyfikować kilka białek zaangażowanych w metabolizm RNA, które wpływają na reakcję na suszę i stres cieplny. Jej dążeniem jest zastosowanie tych odkryć w roślinach uprawnych. Na przykład przeanalizowała rolę mikroRNA w suszy i wysokiej temperaturze u ziemniaka i jęczmienia, uzyskała rośliny o zwiększonej tolerancji na niedobór wody, a także ujawniła rolę mikroRNA w indukowanym przez wysoką temperaturę otoczenia hamowaniu krzewienia. W badaniach wykorzystuje sztuczne mikroRNA i RNA i do wyciszenia aktywności wybranych genów ziemniaka i jęczmienia.



Prof. dr hab. Katarzyna Hrynkiewicz - Kierownik Katedry Mikrobiologii w Instytucie Biologii (Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych) Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu. Autor i współautor ponad 70 autorskich publikacji, kierownik i wykonawca projektów polskich i międzynarodowych (NCN,

NCBiR, HORIZON2020, COST Actions), recenzent publikacji w licznych czasopismach, ekspert/recenzent w NCN, NCBiR, NAWA, a także Komisji Europejskiej (Horizon 2020, BiodivClim). Zrealizowane staże krótko- i długoterminowe (post-doc) m.in. w University of Rostock (Niemcy), Eberhard-Karls-University Tübingen (Niemcy), Leibniz-Institute of Vegetable- and Ornamental Crops Großbeeren (Niemcy). Członek Komitetu Biotechnologii Polskiej Akademii Nauk.

Zainteresowania badawcze obejmują szeroko pojęte zagadnienia badawcze związane z interakcjami zachodzącymi pomiędzy mikroorganizmami i roślinami. W centrum zainteresowań znajdują się: mikroorganizmy endofityczne (bakterie/grzyby), grzyby symbiotyczne (ektomykoryzowe i arbuskulane), bakterie diazotroficzne (wiążące N_2), bakterie i grzyby będące patogenami roślin, mikroorganizmy chorobotwórcze człowieka, wirusy roślinne.

Prowadzone badania naukowe dotyczą: oznaczania bioróżnorodności taksonomicznej i funkcjonalnej mikroorganizmów, izolacji i identyfikacji mikroorganizmów, selekcji mikroorganizmów promujących wzrost roślin (PGPR) oraz uczestniczących w procesach biokontroli, oznaczania ważnych z punktu widzenia interakcji z roślinami metabolitów pochodzenia mikrobiologicznego.

Badania prowadzone są na terenach dotkniętych stresem abiotycznym (obszary zanieczyszczone metalami ciężkimi, wysokim zasoleniem, niskimi temperaturami, suszą, niedoborem składników pokarmowych). Prace badawcze dotyczą nie tylko drzew i roślin zielnych naturalnie zasiedlających badane środowiska, ale również roślin uprawnych (zboża, warzywa), ważnych dla rozwoju rolnictwa.



Prof. dr hab. Małgorzata Jędrzycka, czł. koresp. PAN - genetyk-fitopatolog, absolwentka Wydziału Rolniczego na Uniwersytecie Przyrodniczym w Poznaniu. Pracownik Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu, obecnie kierownik Zakładu Genetyki Patogenów i Odporności Roślin. Kierownik pierwszego polskiego zespołu realizującego projekt finansowany przez Komisję Europejską, przed akcesją Polski do UE (4. Program Ramowy, następnie 5. i 6. PR), wykonawca projektu globalnego Chiny-Kanada-Wielka Brytania-Polska oraz wielu projektów krajowych. Od 2023 członek Editorial Board *Plant Pathology*. Zainteresowania naukowe obejmują choroby infekcyjne roślin rolniczych, głównie rzepaku. Od 2024 kieruje trzecim co do wielkości na świecie i największym w Europie systemem wspierania decyzji w ochronie roślin opartym na monitoringu aerobiologicznym.



Dr hab. Sylwia Jafra, prof. UG - Kierownik Zakładu Mikrobiologii Roślin, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Ugi GUMed. Stopień doktora nauk biologicznych uzyskała na Uniwersytecie Gdańskim w 1999. W latach 1996-1998 odbyła kilkumiesięczne staże laboratoryjne w Laboratoire de Génétique Moléculaire des Microorganismes, Institut National des Sciences Appliquées de Lyon we Francji. Dwuletni staż podoktorski odbyła w Plant Research International-Wageningen University and Research w Wageningen w Niderlandach (2001-2003). Karierę naukową kontynuuje na

Międzyuczelnianym Wydziale Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, na Uniwersytecie Gdańskim. Habilitację z biochemii uzyskała w 2011 roku. Przez dwie kadencje (2012-2020) pełniła funkcję prodziekana ds. studenckich i dydaktycznych Międzyuczelnianego Wydziału Biotechnologii UG i GUMed. W 2013 i 2020 roku została uhonorowana tytułem Nauczyciela Roku i nagrodą im. Krzysztofa Celestyna Mrongowiusza dla najlepszych nauczycieli akademickich Uniwersytetu Gdańskiego.

Swoje badania koncentruje na zrozumieniu zachodzących w ryzosferze roślin interakcji pomiędzy roślinami i bakteriami, ze szczególnym uwzględnieniem bakterii dobroczynnych dla roślin, o potencjale w zastosowaniu w biologicznej ochronie roślin. Szczegółowe cele badawcze dotyczą poznania mechanizmów molekularnych zaangażowanych w interakcje roślina-bakteria; poznanie molekularnych podstaw tworzenia biofilmu na powierzchniach biotycznych i abiotycznych przez bakterie dobroczynne dla roślin oraz bakteryjnej komunikacji między komórkami typu quorum sensing.



Prof. Gabriele Berg studied biology, ecology and biotechnology at the universities in Rostock and Greifswald obtained her Ph.D. in 1995 in microbiology from Rostock University (Germany). In 2005 she became a full professor in environmental biotechnology at Graz University of Technology (Austria), and in 2021 an additional professorship in Potsdam (Germany).

Her interests are focused on microbiome research and translation of the results into new biotechnological and microbiome management concepts for health issues. From 2018 - 2020, she belongs to the most influential researchers world-wide (top 1, Clarivate Analytics), and received numerous awards, e.g. Knight`s Cross for research Styria (2022).

WYKŁAD PLENARNY Prof. GABRIELE BERG

Soil and plant microbiome as the future of biocontrol and ecosystem health

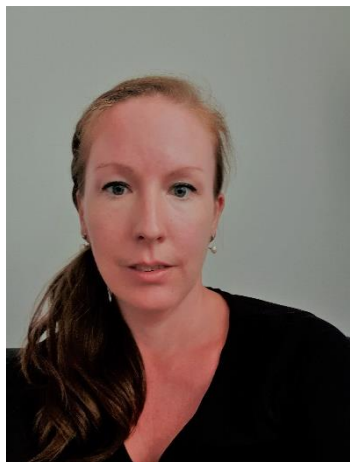
„Wydarzenie realizowane przy wsparciu finansowym Gminy Lublin, w ramach Programu Visiting Professors in Lublin”

„The event is carried out with the financial support of The City of Lublin, as part of the Visiting Professors in Lublin Program”



Prof. Joana Falcao Salles is a full professor in Microbial Community Ecology at the Groningen Institute for Evolutionary Life sciences (GELIFES) at the University of Groningen, the Netherlands. She got her Ph.D. at Leiden University (2005) and worked as a postdoctoral fellow at Universite Lyon 1, France (2005-2008) before joining the University of Groningen. She is also a member of the executive board of the International Society for Microbial Ecology (ISME) since 2020.

Her research line uses ecological and evolutionary theory to unravel the causes and the consequences of free-living and host-associated microbial communities. Central questions are: How are microbiomes formed? What are the processes and mechanisms leading to the development of microbial communities? What are the consequences of microbial diversity on the functioning of the environment/host? She addresses these topics in a range of habitats (agricultural soil, salt marshes soils) and hosts (plants, arthropods, birds, mice, and humans) by combining experimental procedures (field, microcosm, mesocosm, manipulative experiments), modeling, microbiological and molecular techniques, metagenomic and bioinformatic approaches, to address both fundamental and applied questions (agriculture, bio-based economy). Her group currently comprises two postdocs, 14 Ph.D. students, and several master's and bachelor's students.



Dr. Emilia Hannula is currently an assistant professor in Leiden University Institute of Environmental Sciences. She obtained her PhD in 2013 from Netherlands Institute of Ecology and has worked since in multiple EU and Dutch research council projects on topics related to soil biology with special focus on soil fungi.

Her research focuses on understanding how composition, traits and interactions between soil biota regulate ecosystem functions, how disturbances affect soil biota and subsequent functions, and ultimately how soil biodiversity and functions can be restored. Her expertise includes tracing carbon through system using stable isotopes, microbiome analysis, and networks. She currently leads research program on Future Food systems.



Lek. wet. Magdalena Gajdzińska is a Policy Officer in Food Systems Transformation within the Directorate General for Research and Innovation of the European Commission in Brussels responsible for microbiome, EU-African Union and international cooperation. Prior to this assignment, she worked for the Food and Agriculture Organization of the United Nations. Moreover she has experience in working with veterinary administration and food safety in other EU institutions and Polish Veterinary Administration. She has received her degrees in veterinary medicine and bioengineering of food production from University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Poland and specialised in hygiene of food of animal origin.



Dr hab. Tomasz Płociniczak (<https://orcid.org/0000-0001-9594-4378>) jest absolwentem Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach zatrudnionym obecnie na stanowisku profesora uczelni. Pracę magisterską pt. Biodegradacja modyfikowanego polietylenu przez mikroorganizmy glebowe wykonywał w Katedrze Biochemii ówczesnego Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska UŚ. Pracę doktorską zatytułowaną Wspomaganie fitoekstrakcji metali ciężkich przez metalooporne szczepy bakterii z rodzajów *Brevibacterium*, *Enterobacter* i *Pseudomonas* wykonywał w Katedrze Mikrobiologii pod kierownictwem prof. dr hab. Zofii Piotrowskiej-Seget. Habilitację w dyscyplinie nauk biologicznych uzyskał w 2021 roku na podstawie zbioru publikacji pt. Zastosowanie bakterii promujących wzrost roślin do wspomaganie fitoremediacji terenów skażonych. Tutor I i II stopnia, kierownik i wykonawca projektów naukowych, a także współautor artykułów naukowych z zakresu tematyki związanej z fitoremediacją oraz interakcjami pomiędzy bakteriami a roślinami w czasie prowadzenia tego procesu, także na poziomie molekularnym. Współpracuje m.in. z naukowcami z Finlandii - z Uniwersytetu w Helsinkach, a także z Instytutem Zasobów Naturalnych (LUKE). Jego zainteresowania badawcze dotyczą również możliwości wykorzystania bakterii ryzosferowych i endofitycznych do wspomaganie wzrostu roślin uprawnych w warunkach okresowego stresu suszy.



Dr hab. Marta Wrzosek, prof. UW – biolog, mykolog, pracownik Ogrodu Botanicznego UW i profesor Uniwersytetu Warszawskiego. Członek założyciel i pierwszy prezes Polskiego Towarzystwa Mykologicznego.

Autorka książek popularnonaukowych. Zaangażowana w prace mykologicznego centrum edukacyjnego „MYKOTEKA”. Wyróżniona w konkursie Popularyzator Nauki w 2019 roku przez Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego. Naukowo zainteresowana interakcjami grzybów z innymi organizmami oraz rolą grzybów w ekosystemach leśnych i łąkowych. Współpracuje okazjonalnie z instytucjami kultury (np. Muzeum Narodowym w Warszawie, TR Warszawa, Teatr Powszechny Warszawa).



Prof. zw. dr hab. Wiesław Barabasz – profesor nauk rolniczych (tytuł profesora otrzymał w 1995 r.), specjalność wg POLON, mikrobiologia, ekotoksykologia, biochemia. Wieloletni kierownik Katedry Mikrobiologii na Uniwersytecie Rolniczym w Krakowie oraz kierownik kierunku Biotechnologia na UR w Krakowie. Od 2016 r. pracownik dydaktyczny w Państwowej Akademii Nauk Stosowanych w Przemysłu. Odbił 18 miesięczny staż naukowy w Penn State University w USA oraz kilkumiesięczne staże w Wielkiej Brytanii i Czechosłowacji. Autor licznych publikacji, monografii, książek i artykułów popularno-naukowych oraz ekspertyz. Uczestnik wielu krajowych i międzynarodowych konferencji, sympozjów i zjazdów naukowych. Członek licznych Towarzystw Naukowych (PTM, PTG, PTNA, PTŻ). Przewodniczący Komisji Ochrony Zdrowia Publicznego Krakowskiego Oddziału PAN.



Dr hab. Julia Pawłowska - Adiunkt w Instytucie Biologii Ewolucyjnej Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego.

Interesuję się ewolucją jednej z najstarszych grup grzybów lądowych – Mucoromycota i ich interakcjami z bakteriami. W naszym zespole szczególnie koncentrujemy się na ich adaptacjach do środowisk ekstremalnych (m.in. badania zbiorowisk glebowych z rejonów polarnych czy terenów przemysłowych). Nasze badania obejmują nie tylko taksonomię, ekologię i fizjologię tej grupy grzybów, ale także koncentrują się na ich potencjalnych zastosowaniach biotechnologicznych.

Poza działalnością naukową, aktywnie angażuję się w dydaktykę i popularyzację. Prowadzę zajęcia z bioróżnorodności, mykologii i mikrobiologii mikroorganizmów eukariotycznych na Wydziale Biologii UW. Od 2012 roku jestem zaangażowana w rozwój i działalność Polskiego Towarzystwa Mykologicznego (www.ptmyk.pl).

<https://ibe.biol.uw.edu.pl/en/people/pawlowska/>

<https://orcid.org/0000-0003-4914-5182>



Dr hab. Andrzej Mazur, prof. UMCS, Instytut Nauk Biologicznych, Katedra Genetyki i Mikrobiologii

Ukończył biotechnologię na UMCS w Lublinie, gdzie również uzyskał stopień doktora i habilitację. Jest mikrobiologiem i genetykiem bakterii specjalizującym się w badaniu mikroorganizmów wchodzących w interakcje z gospodarzem eukariotycznym. Jego głównym tematem badawczym jest genomika bakterii glebowych z rodzajów *Rhizobium* i *Agrobacterium*, ze szczególnym uwzględnieniem struktury i funkcji genomu pozachromosomalnego bakterii w oddziaływaniu z roślinami i adaptacji do zmiennego środowiska oraz znaczenia bakteryjnych powierzchniowych polisacharydów w interakcji z gospodarzem roślinnym. Uczestniczył w wielu projektach naukowych, jest autorem/współautorem ponad 40 publikacji w czasopiśmie o zasięgu międzynarodowym. Członek Komitetu Biotechnologii PAN i towarzystw naukowych, m.in. Polskiego Towarzystwa Genetycznego.



Dr hab. inż. Justyna Szulc (dyscyplina: inżynieria chemiczna, Nr orcid.org/0000-0002-6601-2376 0000; h-index Scopus: 14, liczba cytowań 608) jest adiunktem w Katedrze Biotechnologii Środowiskowej w Politechnice Łódzkiej, zastępcą przewodniczącej Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Oddział Łódź oraz członkiem Biodeterioration and Biodegradation Society.

Jej badania dotyczą oceny zanieczyszczenia mikrobiologicznego w środowiskach pracy, identyfikacji szkodliwych czynników biologicznych na stanowiskach pracy, aktywności przeciwdrobnoustrojowej modyfikowanych włókien, efektywności biostatycznej i biobójczej różnych metod dezynfekcji, wykorzystania metod omics (metagenomika, metabolomika) w analizach środowiskowych, analizy metabolitów pochodzenia mikrobiologicznego na materiałach technicznych, biodeterioracji materiałów technicznych w tym zabytkowych. Współautorka 55 publikacji (IF=197,497; MEiN=5720), 2 monografii, 12 rozdziałów w książkach i monografiach, 54 doniesień ustnych na krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych, 108 depozytów sekwencji nukleotydów zdeponowanych w GenBank, National Center for Biotechnology Information Database (NCBI). Kierowała 3 projektami naukowo-badawczymi, a w 8 była wykonawcą. Laureatka grantu „FU2N – Fundusz Udoskonalania Umiejętności Młodych Naukowców PŁ, stypendium naukowego z Funduszu Młodych Liderów Nauki na Wydziale Biotechnologii i Nauk o Żywności Politechniki Łódzkiej (2012-2014, 2016 r.) oraz Stypendium Rektora PŁ (2015 r.). Współlaureatka nagrody I stopnia Ministra Rodziny i Polityki społecznej w kategorii prace naukowo-badawcze w 48. Edycji Ogólnopolskiego Konkursu Poprawy Warunków Pracy (2022). Organizatorka 3 krajowych seminariów naukowych i współorganizatorka 3 międzynarodowych konferencji naukowych.

SYLWETKI ARTYSTÓW





Prof. dr hab. Joanna Hoffmann jest artystką pracującą w obszarze nowych mediów. Prowadzi Pracownię Projektów i Badań Transdyscyplinarnych na Uniwersytecie Artystycznym w Poznaniu (Wydział Edukacji Artystycznej i Kuratorstwa). Kieruje Fundacją Art & Science Synergy Foundation (ASSF), oraz Art & Science Node (ASN) w Berlinie oraz współprowadzi Klub Nauki i Sztuki na Wydziale Biologii UAM w Poznaniu.

Jej prace artystyczne były prezentowane w Europie, Azji, obu Amerykach, m.in. w Centrum Sztuki Współczesnej w Warszawie; Science Museum/DANA Centre i Museum of Contemporary Art w Londynie; Hiroshima Prefecture Art Museum, MUSE w Nowym Jorku, na Transmediale Festival of Digital Culture i w Europejskim Urzędzie Patentowym w Berlinie. W 2019 roku była Artystą Honorowym XII Biennale Sztuki Współczesnej we Florencji, a w 2020 roku została odznaczona medalem Gloria Artis przez Ministra Kultury RP.

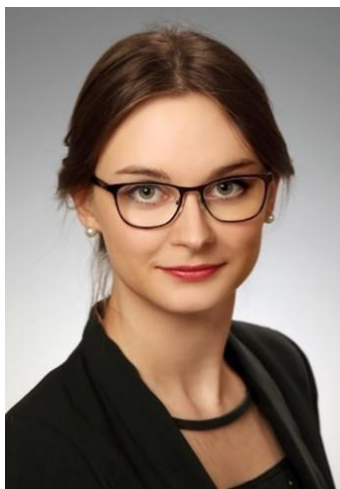
www.johoffmann.com



Dr hab. Aleksandra Ziemińska-Buczyńska, prof. PŚ – mikrobiolog, nauczyciel akademicki, popularyzator nauki. Zawodowo związana z Katedrą Biotechnologii Środowiskowej Wydziału Inżynierii Środowiska i Energetyki Politechniki Śląskiej. Bada zbiorowiska bakteryjne w środowisku naturalnym i technologicznym metodami biologii molekularnej oraz klasycznej mikrobiologii. W zakresie jej zainteresowań naukowych jest wykorzystanie mikroorganizmów w procesach bioremediacji środowiska i produkcji biotechnologicznej, w tym pozyskiwaniu zielonej energii oraz gospodarce obiegu zamkniętego. Członek stowarzyszenia Rzecznicy Nauki i zastępca przewodniczącego Rady Upowszechniania Nauki Polskiej Akademii Nauk.



Dr Sławomir Sułowicz, adiunkt na Uniwersytecie Śląskim w Katowicach. Pracuje na Wydziale Nauk Przyrodniczych, w Instytucie Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska. Mikrobiolog środowiskowy i lider Zespołu Nano-Mikrobiologii, którego aktualne zainteresowania naukowe skupiają się na badaniu interakcji nanomateriały – mikroorganizmy, w tym wykorzystaniu bakteryjnych biomarkerów do oceny ryzyka środowiskowego związanego z nanopestycydami oraz funkcjonowaniu zespołów mikroorganizmów w glebach skażonych nanocząstkami metali. Po godzinach mikrobiolog polarny, filozof mikrobiologii i ewolucjonista. Realizujący się tutor i dydaktyk. Amator poezji Herberta, pism Jacka Dukaja i książek Michała Hellera. Współautor 24 artykułów z listy ISI, kierownik grantów NCN, autor ponad 70 recenzji artykułów z listy ISI. Członek SIOS Data Management System Working Group jako przedstawiciel Uniwersytetu Śląskiego, członka konsorcjum SIOS (Svalbard Integrated Arctic Earth Observing System). Zainteresowania naukowe: interakcje nanomateriały – mikroorganizmy, funkcjonowanie i struktura zespołów mikroorganizmów w glebach skażonych pestycydami, nanomateriałami i metalami ciężkimi, metagenomika gleby, mikrobiologiczne testy toksyczności, ocena ryzyka środowiskowego, mikrobiologia polarna.



Dr Katarzyna Patejuk, Fitopatolog, specjalizujący się grzybami w kulturach szalkowych. Obecnie zatrudniona na stanowisku adiunkta w Katedrze Ochrony Roślin. Tytuł doktora otrzymała w 2021, broniąc pracę pod tytułem: “Zbiorowiska grzybów zasiedlające wybrane gatunki roślin inwazyjnych na terenach zurbanizowanych”.

Jej zainteresowanie naukowe koncentruje się głównie na mykobiocie roślin inwazyjnych i jej wpływie na udomawianie się gatunków obcych. Brała udział w trzynastu projektach badawczych finansowanych przez Fundusz Leśny, dotyczących ekosystemów leśnych i semi-naturalnych. Współpracowała także jako wykonawca w projekcie LIDER XII, finansowanym przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju, przy grantie „Opracowanie biotechnologicznej produkcji waniliny z wykorzystaniem produktów ubocznych przemysłu rolno-spożywczego”. Obecnie realizuje projekt „Innowacyjny naukowiec”, finansowany przez Rektora Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu, pod tytułem „Rośliny obce inwazyjne, jako źródło patogenów zagrażającym rodzimym gatunkom roślin”.

Doświadczenie naukowe zdobywała między innymi podczas staży na Uniwersytecie Łódzkim, Politechnice Bydgoskiej im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich oraz w Instytucie Botaniki im. W. Szafera Polskiej Akademii Nauk w Krakowie pod opieką naukową dr hab. Marcina Piątka. Jest członkiem Polskiego Towarzystwa Mykologicznego, Polskiego Towarzystwa Leśnego oraz Polskiego Towarzystwa Fitopatologicznego oraz opiekunem Studenckiego Koła Naukowego Medyków Roślin „Armillaria”.

Jest współautorką łącznie 90 oryginalnych opublikowanych pracach twórczych, z czego 9 stanowi prace opublikowane w czasopiśmie z listy JCR.



Dr hab. Małgorzata Ruszkiewicz-Michalska - mykolożka łącząca badania terenowe z laboratoryjnymi, specjalizująca się w anamorficznym grzybach workowych związanych z roślinami i bezkręgowcami z obszarów klimatu umiarkowanego i tropikalnych.



Mgr Sebastian Piskorski pracuje w Katedrze Algologii i Mykologii, Wydziału Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego. Jego badania obejmują taksonomię, ekologię, rozmieszczenie grzybów pasożytniczych i endofitycznych roślin półpasożytniczych. Obecnie prowadzi również badania nad grzybami związanymi troficznie z roślinami i owadami tropikalnymi. Ponadto bada różnorodność i ekologię grzybów nadrzewnych oraz nadrewnowych w Polsce.

SESJA PLENARNA

Prowadzący:

prof. dr hab. Magdalena Frąc, IA PAN, Lublin
dr hab. Anna Gałązka, prof. Instytutu, IUNG-PIB, Puławy
dr hab. Agnieszka Wolińska, prof. KUL, KUL, Lublin
dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ścisel, prof. UMCS, UMCS, Lublin
dr Agata Goryluk-Salmonowicz, SGGW, Warszawa



Prezentacja artystyczna inspirowana badaniami naukowymi

Labirynt zmiennych tożsamości

Joanna Hoffmann

Uniwersytet Artystyczny w Poznaniu

Labirynt zmiennych tożsamości to artystyczna multimedialna narracja zainspirowana strukturalną zmiennością cząsteczek RNA i fundamentalnymi mechanizmami ewolucji życia. Interpretując bio-cząsteczkę jako labirynt jej możliwych konformacji i funkcji, utwór zaprasza do refleksji nad naszą własną tożsamością i jej znaczeniem w Wielkiej Sieci Bytów. Czy każda tożsamość jest chwilowym stanem danych? Ulotną „stop-klatką” w większych dynamicznych przekształceniach?

Więcej: <http://johoffmann.com/labirynt.html>

Muzyka: Andre Bartetzki

Podziękowania:

Utwór powstał przy wsparciu Prof. Janusza Bujnickiego - Laboratorium Informatyki i Inżynierii Białka, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie

The Labyrinth of Shifting Identities

Joanna Hoffmann

University of Arts in Poznan

The Labyrinth of Shifting Identities is an artistic multimedia narrative inspired by the structural variability of RNA molecules and the fundamental mechanisms of the evolution of life. Interpreting the bio-molecule as a labyrinth of its possible conformations and functions, the piece invites us to reflect on our own identity and its meaning in the Great Web of Beings. Is any identity a momentary state of data? A transient “snapshot” in larger dynamic transformations?

Music: Andre Bartetzki

Acknowledgments:

The artwork was created with the support of Prof. Janusz Bujnicki’s Laboratory of Bioinformatics And Protein Engineering, at the International Centre for Molecular and Cell Biology Warsaw.

More: <http://johoffmann.com/labirynt.html>

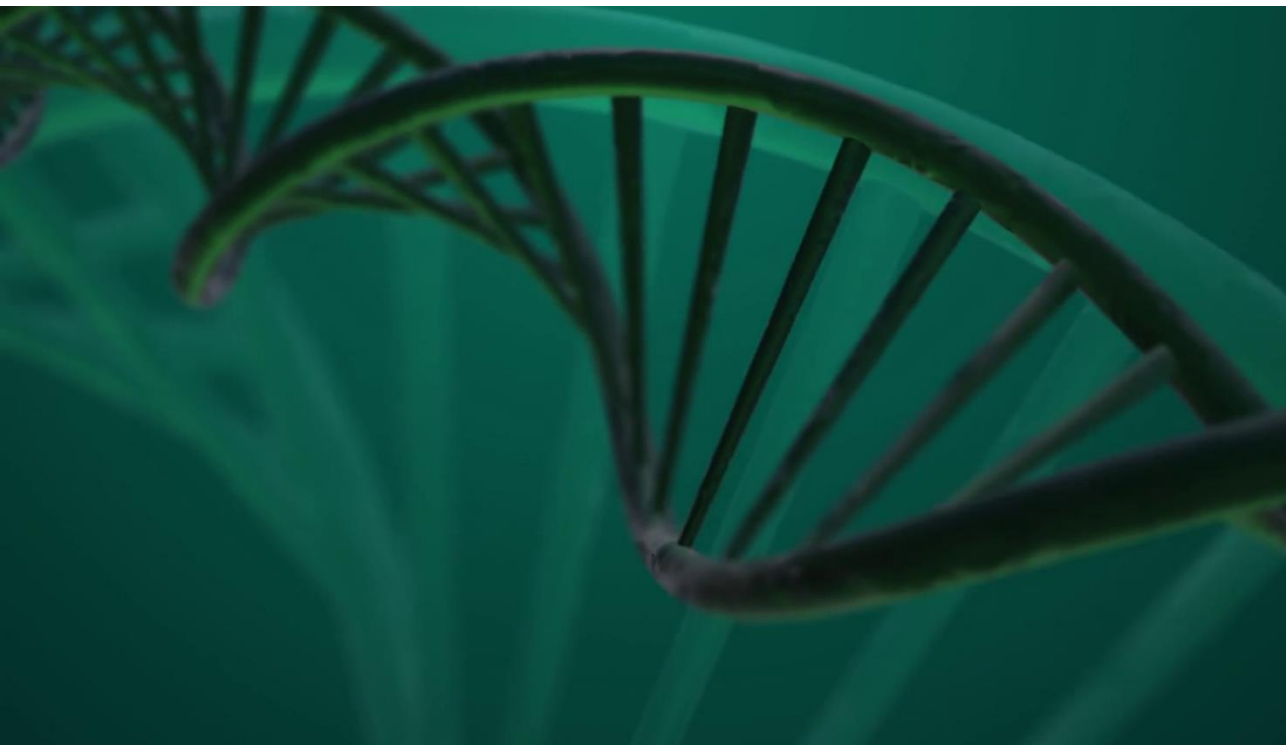
SESJA INAUGURACYJNA

Prowadzący:

prof. dr hab. inż. Dariusz Grzebelus (Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie)

prof. dr hab. Anna Skorupska (Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie)

prof. dr hab. Jan Kucharski (Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie)



REFERAT INAUGURACYJNY

Grzyby – śmiertelnie groźne królestwo

Adam Jaworski

Uniwersytet Łódzki

Ogromny, bardzo zróżnicowane królestwo grzybów zasiedlających naszą Planetę obejmuje, jak się szacuje, około 5 milionów gatunków. Dotychczas opisano zaledwie około 150 tysięcy gatunków, w tym 300 chorobotwórczych dla ludzi i zwierząt. Można zatem powiedzieć, że nasza wiedza o biologii grzybów, w szczególności grzybów chorobotwórczych dla człowieka jest wciąż bardzo skromna, zwłaszcza na poziomie biologii molekularnej, genetyki, genomiki i metagenomiki.

Zdaniem specjalistów, lekarzy, epidemiologów zmiany klimatu, postępująca degradacja środowiska zwiększają i będą nadal zwiększać częstość infekcji wirusowych, bakteryjnych i śmiertelnych infekcji grzybiczych. Od kilku lat obserwuje się szybką ekspansję grzybów do nowych nisz środowiskowych i nowych gospodarzy. W wyniku mutagenyzy, ostrej selekcji grzybów i ich szybkiej adaptacji pojawiają się nowe gatunki i szczepy chorobotwórcze, zagrażające zdrowiu publicznemu w postaci groźnych dla życia zakażeń i lokalnych epidemii. Wyniki opublikowanych prac w ostatnich 2-3 latach dowodzą, że coraz częściej pojawiają się w różnych regionach świata pierwotne i towarzyszące infekcje grzybicze, nowymi, bardziej inwazyjnymi szczepami, jak i nieznanymi dotąd gatunkami. Grzybnice, zwłaszcza układowe, czyli dotyczące jednego lub więcej narządów, są bardzo dużym wyzwaniem dla współczesnej medycyny. Trudno je rozpoznać z racji braku szybkich, wiarygodnych metod diagnostycznych, jeszcze trudniej wyleczyć z powodu braku skutecznych, bezpiecznych leków.

Pandemia Covid19 odwróciła uwagę od realnego problemu, jakim jest współwystępowanie wirusa i infekcji grzybiczych. Pacjenci zakażeni wirusem wymagali intensywnej opieki, farmakologicznie osłabieni, podpięci pod respiratory, faszcerowani lekami hamującymi zakażenie i stan zapalny, ponakłuwani igłami do wlewów dożylnych. Osłabiona lekami odporność tych pacjentów, zniszczenie korzystnego mikrobiomu, hamującego rozwój grzybów, „otworzyło wrota” dla śmiertelnych infekcji grzybiczych. Należy podkreślić, że grupa ryzyka obejmuje ludzi leczonych lekami przeciwnowotworowymi, immunosupresorami w przypadku przeszczepów tkanek i narządów. Choroby autoimmunizacyjne, cukrzyca, otyłość, podeszły wiek systematycznie zwiększają populację ludzi wrażliwych na różne zakażenia grzybicze. Specjaliści z Michigan Institute of Medicine oceniają, że w grupie ryzyka w USA jest aż 82,5% społeczeństwa.

W czasie wykładu przedstawi się przykłady groźnych dla życia grzybic układowych, pojawiających się w różnych regionach świata, które przybierają postać lokalnych epidemii. W końcowej części wykładu podejmie się dyskusje na temat obecnych i proponowanych w przyszłości strategii zapobiegania zakażeniom grzybiczym i leczenia grzybic.

WYKŁAD PLENARNY

Rola metabolizmu RNA w kształtowaniu odpowiedzi rośliny na wyzwania środowiskowe: przypadek jęczmienia i regulacji krzewienia

Zofia Szweykowska-Kulińska, Andrzej Pacak, Aleksandra Smoczyńska,
Artur Jarmołowski

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

MikroRNA są cząsteczkami regulującymi ekspresję genów u Eukaryota. Udowodniliśmy, że jeden z mikroRNA jęczmienia jest odpowiedzialny za zahamowanie krzewienia rośliny w warunkach stresu wysokiej temperatury. MikroRNA444a.2 kontroluje poziom represora transkrypcyjnego MADS57. Wysoka temperatura indukuje zwiększoną akumulację mikroRNA444.2 co skutkuje obniżeniem poziomu czynnika transkrypcyjnego MADS57. Analiza transkryptomu jęczmienia pozwoliła na wyłonienie genów kandydatów mogących być pod kontrolą MADS57. Okazało się, że z represji uwolniony zostaje gen kodujący oksydazę giberelinową 20, kluczowy enzym biosyntezy giberelin GA1 i GA4. Wzrost poziomu tych giberelin jest odpowiedzialny za zahamowanie krzewienia jęczmienia. Rośliny transgeniczne z nadekspresją miR444a.2 i wyciszeniem genu kodującego MADS57 wykazują wysoki poziom gibereliny A1 i zahamowane krzewienie.

RNA metabolism in shaping plant response to abiotic cues: a case of barley and tillering regulation

MicroRNAs are key regulators of eucaryotic gene expression. We discovered that one of barley microRNAs is involved in tillering inhibition during heat stress. MicroRNA444a.2 regulates the level of MADS57 transcriptional repressor. Transcriptomic analysis of barley plants subjected to heat stress allowed us to identify gene candidates that are under MADS57 control. One of these genes was *HvGAOX20* gene encoding gibberellin oxidase 20 - key enzyme in gibberellins A1 and A4 biosynthesis. Increased accumulation of gibberellins was responsible for barley tillering inhibition. Transgenic plants overexpressing miR444a.2 or with silenced *HvMADS57* gene show increased gibberellin A1 accumulation and tillering inhibition.

SESJA I

MIKROBIOMY I MYKOBIOMY W BADANIACH NAUKOWYCH

Prowadzący:

prof. dr hab. inż. Piotr Sobiczewski (Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach – Państwowy Instytut Badawczy)

dr hab. Aleksandra Obrępańska-Stęplowska, prof. IOR-PIB (Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań)



WYKŁAD PLENARNY

Soil and plant microbiome as the future of biocontrol and ecosystem health

Gabriele Berg

Institute of Environmental Biotechnology, Graz University of Technology, Petersgasse 12, 8010 Graz, Austria; Leibniz-Institute for Agricultural Engineering Potsdam, Max-Eyth-Allee 100, 14469 Potsdam, Germany; Institute for Biochemistry and Biology, University of Potsdam, Karl-Liebknecht-Str. 24/25, 14476 Potsdam, Germany; @ubt.tugraz.at

Soil and plant microbiomes are key components for health in terrestrial ecosystems. The plant microbiota is vertically transmitted by seeds and replenished horizontally from soil. All plants are holobionts and form a functional unit with its microbiome. Plant diversification and co-evolution shaped the plant microbiome and designed their specific composition and functional interplay including natural biocontrol of pathogens. Human activities in the Anthropocene are linked to a significant shift of diversity and evenness of the plant microbiota, which is also characterized by a decrease of host specificity, and an increase of r-strategic microbes, pathogens, and hypermutators (Berg & Cernava 2022). In addition, plant symbionts are missing or not functioning anymore. This requires targeted microbiome management for biocontrol and ecosystem health (Berg et al. 2020).

Analysis of native symbiosis is essential to understand a healthy plant microbiome and their functioning. Mosses were the first land plants on Earth; all of them depends on specific symbionts. They are involved in germination and plant development, support them with nutrients, minerals and hormones and protect towards biotic and abiotic stress. A survey on alpine seeds revealed an impressive core microbiome, which is vertically transmitted and actively colonizing after germination. This shows that the seed is an important carrier for beneficial symbionts in sustainable agriculture.

Advances in engineering of environmental microbiomes will replace toxic chemicals in agri- and horticulture in the future and stimulate a more sustainable use of environmental resources, as well as improve our food processing. Beyond, the plant microbiome is connected across systems and crucial for human and planetary health issues as well. Examples for microbiome research and management (e.g. tomato, apple, sugar beet) will be explained as well as examples for the interconnected plant microbiomes in frame of one/planetary health (Peixoto et al. 2022).

Berg G, et al. 2020. Microbiome definition re-visited: old concepts and new challenges. *Microbiome*. 8:103.

Berg G, Cernava T. 2022. The plant microbiota signature of the Anthropocene as a challenge for microbiome research. *Microbiome* 10: 54.

Peixoto RS, et al. 2022. Harnessing the microbiome to prevent global biodiversity loss. *Nature Microbiology* doi: 10.1038/s41564-022-01173-1

More references: <https://scholar.google.es/citations?hl=de&user=TeMrTQQAAAAJ>

REFERAT ZAPROSZONY

The ecology of bacterial invasions

Joana Falcao Salles

Groningen Institute for Evolutionary Life sciences (GELIFES) at the University of Groningen,
the Netherlands

Biological invasions have the potential to alter the ecological and evolutionary trajectory of the Earth's ecosystems. Although less studied, microbial invasions are a constant in many fields of microbiology, including agricultural, medical, and environmental, where the entrance of a foreign microorganism into a resident community of microbes (a microbial invasion) is a common phenomenon. Despite the commonality, these fields view microbial invasion as a mere snapshot rather than a process. The latter is crucial to foster cross-comparisons and enhance the understanding, interpretation, and development of future strategies to facilitate or hamper invasions. In my talk, I will look at bacterial invasions from a continuum framework, in which invasion processes are divided into introduction, establishment, spread, and impact phases. Using the invasion of pathogenic *E. coli* strains in soils as an example, I will examine the patterns and mechanisms associated with invasion resistance and create a mechanistic synthesis of how species diversity and resource availability influence invasion resistance. In the second part, I will discuss the outcome of an invader's introduction into the resident community. So far, only successful invasions have been explored, and it remains unknown to what extent an unsuccessful invasion can impact resident communities. I will thus explore how unsuccessful invasions affect soil functioning and generate shifts in native bacterial communities, both in terms of community composition and niche structure. I will conclude by exploring the advantages of using this theoretical invasion framework in agricultural research, such as applying biological control agents to enhance plant resistance to biotic and abiotic stress.

REFERAT ZAPROSZONY

Fungi in multifunctional soils

S.E.Hannula^{1,2}

¹Department of Environmental Biology, Institute of Environmental Sciences, Leiden University, the Netherlands

²Department of Terrestrial Ecology, Netherlands Institute of Ecology, Wageningen, the Netherlands

Next generation sequencing methods have revolutionarised the way we look at our soils. It has enabled us to gain understanding on species composition in this environment where most biodiversity is hidden from the naked eye. Soils, and especially its biotic component, provide us with important ecosystem functions such as carbon and nutrient cycling, maintaining plant diversity, improving plant quality and governance of soil structure. However, as the diversity in soils is immense and most of the biota remained uncultured, we still do not fully understand how soil biota govern soil multifunctionality. Here I will discuss the recent developments in amplicon sequencing and metagenomics to study soil microbes and especially fungi with a critical look into the unknown diversity and functions. I further suggest ways forward in linking soil fungi and multiple soil functions.

REFERAT ZAPROSZONY

Research and innovation for microbiomes

Magdalena Gajdzińska

European Commission

Food 2030 is the EU's research and innovation policy to transform food systems and ensure everyone has enough affordable, nutritious food to lead a healthy life. The ambition is to achieve a resilient food system that is fit for the future. Food systems need to also deliver co-benefits for people's health, our climate, planet and communities. Food 2030, through its Pathways for Action provides the policy framework to accelerate this transition within safe planetary boundaries. It is in line with, and supports, the goals of the European Green Deal, Farm to Fork strategy and bioeconomy strategy.

Microbiomes are in, on and all around us, understanding what microbiomes do, what they are, and how they interact is a new scientific frontier made now reachable by rapid advances in genomics. What we know and understand so far is that the microbiome has essential impacts on our health and on the food we produce, on plants and animals and on ecosystems in general. Unravelling their complexity offers huge potential for innovation and will be a major game changer in the way we manage our planet's resources to obtain our food and improve our health.

By prioritizing research and innovation in this area, the Food2030 Microbiome World Pathway for Action aims to harness the transformative power of microbiomes and facilitate advancements in various sectors, ultimately co-benefiting sustainable resource management and improved health outcomes.

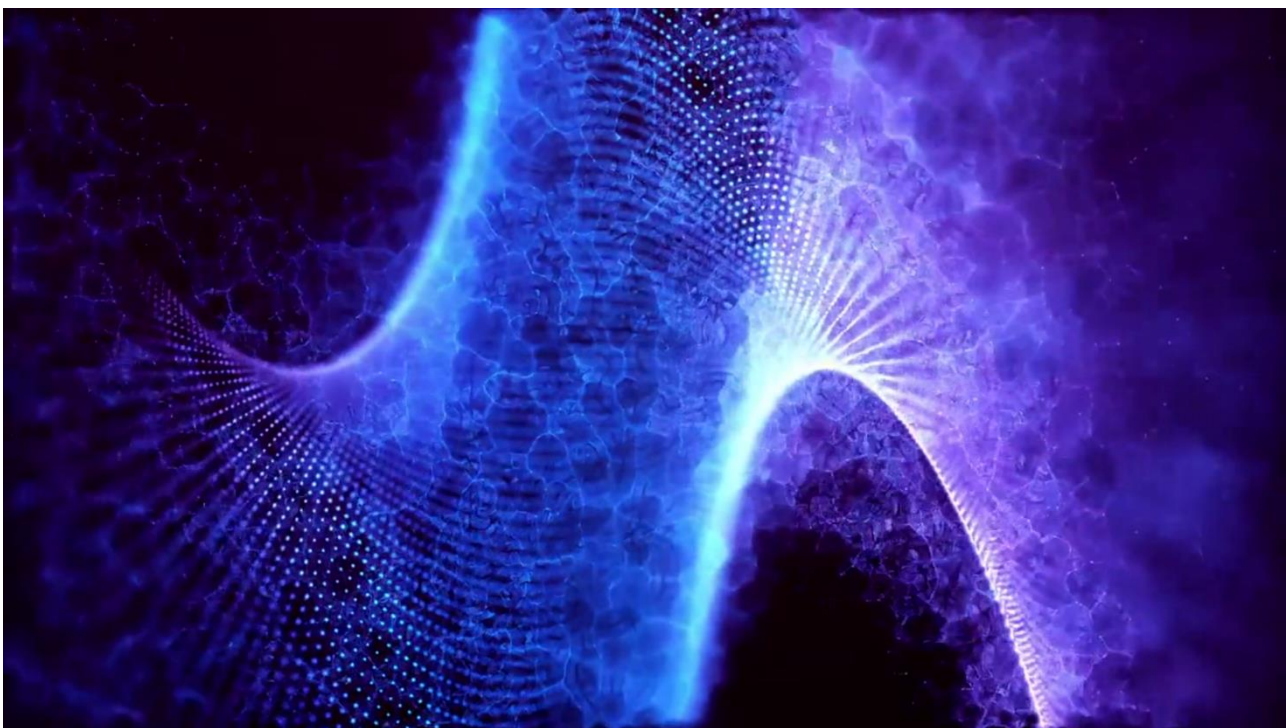
SESJA *Pico* PREZENTACJI

Prowadzący:

prof. dr hab. Maria Niklińska (Uniwersytet Jagielloński, Kraków)

dr hab. Lidia Błaszczyk (Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań)

prof. dr hab. Mieczysław Błaszczyk (Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa)



Insektycydy z różnych klas chemicznych zmieniają strukturę, bioróżnorodność bakterii związanych ze skrzypionką

Beata Wielkopolan¹, Alicja Szabelska-Beręsewicz², Aleksandra Obrępańska-Stęplowska¹

¹Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań, ²Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań

Bakterie związane z owadami mają wpływ na szereg procesów życiowych ich owadziego gospodarza, w tym na detoksyfikację ksenobiotyków i na wykształcenie odporności na insektycydy. Udział bakterii w zniwelowaniu szkodliwego działania insektycydów wobec ich owadziego gospodarza jest jednak słabo poznany. Celem naszych badań było sprawdzenie wpływu insektycydów na strukturę, bioróżnorodność oraz funkcję bakterii związanych z larwami skrzypionki zbożowej (*Oulema melanopus*) – ważnego szkodnika zbóż.

Larwy tego szkodnika zostały potraktowane trzema preparatami insektycydowymi, zawierającymi substancje czynne należącymi do różnych klas chemicznych i o różnym mechanizmie działania, w trzech różnych stężeniach. Profil bakteryjny larw skrzypionek został określony poprzez sekwencjonowanie genu 16S rRNA w regionie V3-V4. Analizę taksonomiczną uzyskanych odczytów DNA wykonano przy użyciu narzędzia Qiime2 z referencyjną anotacją z bazy danych SILVA. Otrzymane dane zostały przeanalizowane z wykorzystaniem szerokiej gamy metod statystycznych dostępnych w programie R.

Uzyskane wyniki wskazują, że zastosowane insektycydy miały istotny wpływ na bioróżnorodność, strukturę (zmiana dominujących rodzajów bakterii) flory bakteryjnej larw skrzypionek.

Badania sfinansowano z grantu 2020/37/N/NZ9/02577

Insecticides from different chemical classes change the structure, biodiversity of cereal leaf beetle-associated bacteria

Insect-associated bacteria influence a number of vital processes of their insect host, including detoxification of xenobiotics and the development of resistance to insecticides. The contribution of bacteria in leveling the harmful effects of insecticides on their insect host is poorly understood. The aim of our study was to examine the effects of insecticides on the structure, biodiversity and function of bacteria associated with the larvae of the cereal leaf beetle (CLB, *Oulema melanopus*), an important pest of cereals.

The larvae of this pest were treated with three insecticide containing active substances belonging to different chemical classes and with different mechanisms of action, at three different concentrations. The bacterial profile of CLB larvae was determined by sequencing the 16S rRNA gene in region V3-V4. Taxonomic analysis of the obtained DNA reads was performed using the Qiime2 tool together with reference annotation from SILVA database. The obtained data were analyzed using a wide range of statistical methods available in R software.

The obtained results indicate that the applied insecticides had a significant effect on biodiversity, and structure (change in dominant bacterial genera) of the bacterial flora of larvae of CLB.

Research was founded by project 2020/37/N/NZ9/02577

Zastosowanie sekwencjonowania nowej generacji (NGS) genu 16S rRNA do oceny toksyczności nanocząstek tlenku cynku i miedzi względem mikroorganizmów glebowych

Sławomir Sułowicz¹, Anna Markowicz¹, Mateusz Dulski², Anna Nowak¹, Kinga Bondarczuk³, Sławomir Borymski¹

¹ Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk Przyrodniczych, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Zespół Nano-Mikrobiologii, Jagiellońska 28, 40-032 Katowice, ² Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk Ścisłych i Technicznych, Instytut Inżynierii Materiałowej, 75 Pułku Piechoty 1A, 41-500 Chorzów, ³ Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Wydział Lekarski, Centrum Bioinformatyki i Analizy Danych, Jerzego Waszyngtona 13A, 15-269 Białystok

Nanocząstki tlenków metali wykorzystywane są m.in. z uwagi na ich antybakteryjne i przeciwgrzybiczne właściwości bądź jako nanonawozy. Jednak powszechne ich stosowanie będzie prowadzić do kumulacji w środowisku, gdzie ich zalety stają się zagrożeniem dla organizmów nie będących celem ich działania. Przeprowadzone badania miały na celu ocenę skumulowanej dawki nanocząstek (100 i 1000 mg/kg) na przykładzie ZnO_{10-30nm} i CuO_{1-10nm} na ekosystem glebowy z wykorzystaniem mikroorganizmów glebowych jako biomarkerów zmian oraz sekwencjonowania nowej generacji (NGS) bakteryjnego genu 16S rRNA jako szybkiej i czulej metody badawczej. Zmiany oceniano w badaniu typu microcosm w 1, 30 i 60 dniu od wprowadzenia nanomateriałów do gleby. Analiza alfa i beta bioróżnorodności wykazała istotne zmiany w zespole mikroorganizmów w odpowiedzi na oba nanomateriały. Zmiany pod wpływem tlenku miedzi (w obu dawkach) i tlenku cynku (1000 mg/kg) były już widoczne w 1 dniu i utrzymywały się do końca eksperymentu. Negatywny efekt ZnO (100 mg/kg) odnotowano po 60 dniach od wprowadzenia. Uzyskane wyniki wskazują, że nanocząstki tlenków metali mogą negatywnie oddziaływać na ekosystem glebowy i należy dokładniej ocenić ryzyko środowiskowe związane z zastosowaniem ich w charakterze nanonawozów czy nanopestycydów.

Badania dofinansowane ze środków przyznanych w ramach programu Inicjatywa Doskonałości Badawczej Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach

Application of next generation sequencing (NGS) of the 16S rRNA gene to assess the toxicity of zinc oxide and copper oxide nanoparticles to soil microorganisms

Metal oxide nanoparticles are used for their antibacterial and antifungal properties or as nanofertilizers. However, their widespread use will lead to accumulation in the environment, where their benefits become a threat to non-target organisms. We evaluated the cumulative dose of nanoparticles (100 and 1000 mg/kg) exemplified by ZnO_{10-30nm} and CuO_{1-10nm} on the soil ecosystem using microorganisms as biomarkers of change and next-generation sequencing (NGS) of the bacterial 16S rRNA gene as a rapid and sensitive test method. Changes were assessed in a microcosm at 1, 30 and 60 days after application of nanomaterials into the soil. Alpha and beta biodiversity analysis showed significant changes in the microbial community in response to both nanomaterials. Changes in response to copper oxide (at both doses) and zinc oxide (1000 mg/kg) were already evident on day 1 and still detected the end of the experiment. A negative effect of ZnO (100 mg/kg) was not observed until 60 days after introduction. The results obtained indicate that metal oxide nanoparticles can negatively affect the soil ecosystem and the environmental risks associated with their use as nanofertilizers or nanopesticides need to be further assessed.

Mikrobiom nasion - różnorodność mikroorganizmów w kiełkowaniu nasion jęczmienia

Danuta Cembrowska-Lech^{1,2}, Milen Jawor¹, Anton Kutsevych¹

¹ Katedra Fizjologii i Biochemii, Instytut Biologii, Uniwersytet Szczeciński

² Sanprobi Sp. z o. o. Sp. k.

Mikrobiom roślin, na który składają się różnorodne i złożone społeczności drobnoustrojów związane z różnymi tkankami roślinnymi, odgrywa kluczową rolę w określaniu zdrowia, wzrostu i produktywności roślin. Wśród różnych komponentów mikrobiomu roślin, mikrobiom nasion zyskał w ostatnich latach znaczną uwagę ze względu na jego wpływ na kiełkowanie nasion, wzrost siewek, pozyskiwanie składników odżywczych, tolerancję na stres, czy też obronę przed patogenami. Dlatego też, zróżnicowana i dynamiczna natura mikrobiomu nasion ma zasadnicze znaczenie dla utrzymania zdrowia roślin i zapewnienia zrównoważonej produkcji rolnej. Zrozumienie składu, funkcji i interakcji między mikrobiomami nasion, może prowadzić do opracowania nowych strategii poprawy wydajności i odporności roślin w obliczu wyzwań biotycznych i abiotycznych.

Przeprowadziliśmy badanie w warunkach kontrolowanych, aby sprawdzić, w jaki sposób mikrobiom nasion jęczmienia (*Hordeum vulgare*) został zmieniony w warunkach stresów abiotycznych, odpowiednich do zarządzania uprawami w zmieniającym się klimacie. Mikrobiom nasion jęczmienia analizowano przy użyciu sekwencjonowania shotgun całego genomu, który oceniono metodami bioinformatycznymi i statystycznymi (analiza różnorodności, skład taksonomiczny, wybór taksonów rdzeniowych, budowa sieci, funkcjonalna analiza metagenomu, analiza rdzenia i pangenomu), w tym podejścia uczenia maszynowego.

Seed core microbiome - diversity of microorganisms in barley seed germination

The plant microbiome, which comprises diverse and complex microbial communities associated with different plant tissues, plays a pivotal role in determining plant health, growth, and productivity. Among the various components of the plant microbiome, the seed microbiome has gained significant attention in recent years due to its influence on seed germination, seedling establishment, nutrient acquisition, stress tolerance, and defence against pathogens, and overall plant performance. Overall, the seed microbiome's diverse and dynamic nature is essential for maintaining plant health and ensuring sustainable agricultural production. Understanding the composition, functions, and interactions between the core and flexible seed microbiomes can lead to the development of novel strategies for improving plant performance and resilience in the face of biotic and abiotic challenges.

We performed a study in a controlled growth chamber to investigate how the seed microbiome of the barley (*Hordeum vulgare*) was altered under abiotic treatments relevant for crop management with changing climate. The seed microbiome of barley was analyzed using whole genome shotgun sequencing approach, which was assessed by bioinformatics and statistical methods (diversity analysis, taxonomic composition, core taxa selection, network construction, functional metagenome analysis, core and pangenome analysis), including machine learning approaches.

Ewaluacja struktury i dynamiki mikrobiomu w procesie fermentacji organicznej frakcji odpadów komunalnych do produkcji średniołańcuchowych kwasów karboksylowych

Anna Duber¹, Roman Zagrodnik², Natalia Gutowska¹, Filip Brodowski¹,
Mateusz Łężyk¹, Mateusz Szczygiełda³, Piotr Oleśkiewicz-Popiel¹

¹Politechnika Poznańska, Wydział Inżynierii Środowiska i Energetyki; ²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Chemii; ³Politechnika Poznańska, Wydział Technologii Chemicznej

Fermentacja z wykorzystaniem kultur otwartych jest obiecującą technologią produkcji biochemikaliów użytecznych przemysłowo m.in. średniołańcuchowych kwasów karboksylowych (ŚŁKK) z frakcji organicznej odpadów komunalnych (OFOK) w sposób zrównoważony. W procesie tym mieszane kultury mikroorganizmów działając w sposób synergistyczny przekształcają składniki organiczne do pożądaných produktów. Maksymalizacja efektywnego formowania produktów jest zależna od parametrów operacyjnych procesu, co z kolei wpływa na skład mikroorganizmów przeprowadzających dane procesy biochemiczne. Celem pracy było zbadanie wpływu parametrów procesu na produkcję ŚŁKK z niskowartościowego substratu OFOK, oraz ewaluacja struktury i dynamiki mikrobiomu w trakcie trwania procesu. Procesy fermentacji prowadzono w trybie ciągłym, HRT 5 dni w różnych warunkach pH (5,5, 6,5) i temperatury (30, 37, 50°C).

Źródło finansowania: Granty Norweskie, Narodowe Centrum Badań i Rozwoju, nr kontraktu: NOR/POLNOR/WasteValue/0002/2019-00.

Evaluation of the structure and dynamics of the microbiome in the process of fermentation of organic fraction of municipal solid waste for the production of medium-chain carboxylic acids

Open culture fermentation (OCF) is a promising technology for value-added biochemicals production, i.e. medium chain carboxylic acids (MCCAs) from organic fraction of municipal solid waste (OFMSW). In such process diverse and functionally interconnected microbial communities convert organic components to preferred metabolites. Maximization of the effective products formation depends on operational conditions, which in turn affects the composition of the microorganisms that carry out the biochemical processes. The aim of the study was to investigate the effect of process parameters on the production of MCCAs from a low-value OFMSW substrate, and to evaluate the structure and dynamics of the microbiome during the process. The fermentation processes were carried out in a continuous mode at HRT 5 days under different pH (5.5, 6.5) and temperature conditions (30, 37, 50°C).

Source of funding: Norway Grants, National Center for Research and Development, contract no: NOR/POLNOR/WasteValue/0002/2019-00.

Wykorzystanie metod -omicznych w ocenie biofilmów hetero- i fototroficznych zabytkowego drewna

Beata Gutarowska¹, Sara Socci², Justyna Szulc¹, Michał Komar¹, Tomasz Ruman³

¹ Politechnika Łódzka, ² Universita Ca Foscari Venezia, Italy, ³ Politechnika Rzeszowska,

Zabytkowe drewno przechowywane w wysokiej wilgotności wewnątrz jak i na zewnątrz budynków jest łatwo degradowane przez drobnoustroje. Celem badań była analiza bioróżnorodności bakterii, grzybów oraz glonów (NGS, Illumina Sequencing) oraz profilu aktywności metabolicznej (HPLC-MS-MS) próbek zabytkowego drewna (fragmenty mebli, ogrodzeń, budynków) pochodzących z Włoch i Polski. Analizowane próbki były porażone przez bakterie i grzyby (1×10^5 jtk/100cm²), oraz miały objawy wzrostu glonów. Wykryte w analizie NGS bakterie należały do *Actinobacteria* (*Curtobacterium*, *Micromonospora*, *Nocardioides*, *Pseudonocardia*), *Bacteroidetes* (*Cytophaga*, *Chrysobacterium*, *Mucilagibacter*), *Proteobacteria* (*Sphingomonas*, *Burkholderia*). Wśród grzybów dominowały *Ascomycota* (*Cladosporium*, *Toxicocladosporium*, *Devriesia*, *Alternaria*, *Cladophialophora*, *Exophiala*, *Penicillium*, *Menispora*). Glony reprezentowały zielenice *Chloroidium*, *Klebsormidium*, *Parachloroidium*, *Prasiola*, *Stichococcus* (miksotrof). Analiza metaboliczna wykazała 26-30 szlaków metabolicznych, najwięcej metabolitów (>1000) zidentyfikowano wśród flawonoidów, glicerofosfoetanolamin, lipidów prenolu, estrów tłuszczowych, steroidów, kwasów tłuszczowych. Również zidentyfikowano kwasy karboksylowe oraz mono- i disaccharydy, które świadczą o biodeterioracji drewna.

Application of -omic methods in the assessment of hetero- and phototrophic biofilms on historical wood

Historical wood stored in high humidity inside and outside buildings is a material that is easily degraded by microorganisms. The aim of the research was to analyze the biodiversity of bacteria, fungi and algae (NGS, Illumina Sequencing, cultural methods) and the metabolic activity profile (HPLC-MS-MS) of historical wood samples (fragments of furniture, fences, buildings) from Italy and Poland. The analyzed samples were infected by bacteria and fungi (1×10^5 jtk/100cm²), had symptoms of algae growth. The dominant bacteria detected in the NGS analysis belonged to *Actinobacteria* (*Curtobacterium*, *Micromonospora*, *Nocardioides*, *Pseudonocardia*), *Bacteroidetes* (*Cytophaga*, *Chrysobacterium*, *Mucilagibacter*) *Proteobacteria* (*Sphingomonas*, *Burkholderia*). Among fungi dominated *Ascomycota* (*Cladosporium*, *Toxicocladosporium*, *Devriesia*, *Alternaria*, *Cladophialophora*, *Exophiala*, *Penicillium*, *Menispora*). Green algae represented *Chloroidium*, *Klebsormidium*, *Parachloroidium*, *Prasiola*, *Stichococcus* (mixotroph). Metabolomic analysis showed 26-30 metabolic pathways, the largest number of metabolites (>1000) were identified among the following groups: favonoid, glycerophosphoethanolamines, prenil lipids, fatty esters, steroids, fatty acids. Carboxylic acids and mono- and disaccharides were also identified, which indicate the biodeterioration of wood.

Różnorodność mikrosporydiów i ich relacje ekologiczne u komarów (Culicidae)

Artur Trzebny¹, Anna Słodkiewicz-Kowalska², Mirosława Dabert

¹ Laboratorium Techniki Biologii Molekularnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, ² Zakład Biologii i Parazytologii Lekarskiej, Instytut Biostrukturalnych Podstaw Nauk Medycznych, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu,

Mikrosporydia to wewnątrzkomórkowe, obligatoryjne pasożyty, infekujące szerokie spektrum gospodarzy. Około 15% z nich infekuje komary (Culicidae), będące również gospodarzami wielu patogenów kręgowców. Stąd, mikrosporydia infekujące te stawonogi stanowią bardzo dobry model do badania oddziaływań ekologicznych między patogenami, jak i składnikami mikrobiomu gospodarza. Celem pracy była próba odpowiedzi na pytania: (1) jaka jest różnorodność gatunkowa mikrosporydiów u tych gospodarzy; (2) czy mikrosporydia współwystępujące u tego samego gospodarza oddziałują na siebie; oraz (3) czy infekcja mikrosporydiami wpływa na mikrobiom gospodarza. Wyniki wskazują, że komary są częstymi gospodarzami mikrosporydiów. Odnotowano również relatywnie dużą częstość współwystępowania różnych mikrosporydiów, co skutkowało wzajemnymi oddziaływaniami między koinfekującymi gatunkami. Dodatkowo, stwierdzono, że infekcja mikrosporydiami prowadzi do zmian w składzie mikrobiomu gospodarza oraz aktywności jego szlaków metabolicznych, głównie w kierunku syntezy antybiotyków i nukleotydów. Wyniki te stwarzają nowe możliwości badań w obszarze ekologii pasożytów i mogą mieć zastosowanie w diagnostyce medycznej.

Badania zostały sfinansowane z Narodowego Centrum Nauki, grant 2020/37/N/NZ8/01735.

Microsporidian diversity and their ecological relationships in mosquitoes (Culicidae)

Microsporidians are a group of intracellular obligate parasites that infect a wide range of hosts. About 15% of them infect mosquitoes (Culicidae), which are themselves hosts of many pathogens of vertebrates. Therefore, microsporidians infecting these arthropods are a very good model to study ecological interactions between both pathogens and the other components of the host microbiome. Therefore, the aim of the study was to attempt to answer the questions: (1) what is the microsporidian species diversity in these hosts; (2) whether the microsporidians co-occurring in the same host individual interact with each other; and (3) whether the microsporidian infection affects the host's microbiome. Results demonstrate that mosquitoes are common hosts of numerous microsporidian species. We also noted a relatively high level of the co-occurrences of different microsporidians in mosquitoes, which resulted in interactions between the co-infecting species. Additionally, we found that microsporidian infection leads to changes in the composition of the host microbiome and activities of the microbiome metabolic pathways; especially it concerns the synthesis of antibiotics and nucleotides. Results provide new opportunities in such research areas as ecology of parasites and medical diagnostics.

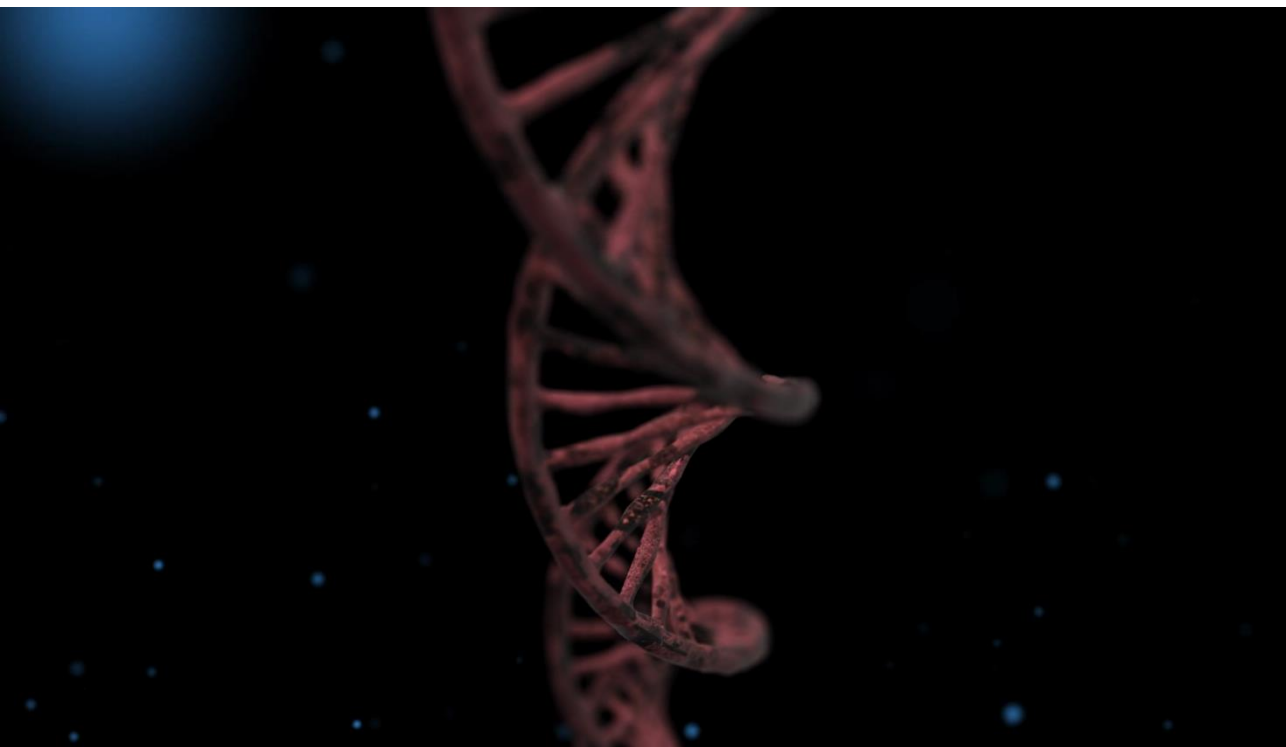
This study was supported by National Science Center, Poland grant No. 2020/37/N/NZ8/01735.

SESJA II

METAGENOMY I BIORÓŻNORODNOŚĆ ŚRODOWISKA GLEBOWEGO

Prowadzący:

prof. dr hab. Stefania Jeziarska-Tys (Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie)
prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska (Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie)
dr hab. Krzysztof Treder (Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin Państwowy Instytut
Badawczy Oddział w Boninie)



WYKŁAD PLENARNY

Wpływ grzybów mykoryzowych na zdrowe i porażone PVY rośliny *Solanum tuberosum* L.

Katarzyna Hrynkiewicz¹, Edyta Deja-Sikora¹, Klaudia Werner¹, Louis Mercy³,
Edmund Kozieł⁴, Krzysztof Treder²

1 Katedra Mikrobiologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja
Kopernika w Toruniu, ul. Lwowska 1, 87-100 Toruń

2 Zakład Nasiennictwa i Ochrony Ziemiaka, Oddział IHAR-PIB w Boninie, 76-009 Bonin 3
3 INOQ GmbH, Schnega, Germany

4 Instytut Biologii, Katedra Botaniki, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,
ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa

W warunkach naturalnych rośliny uprawne, np. ziemniak (*Solanum tuberosum* L.) wchodzi w interakcje z różnorodnymi mikroorganizmami. Obejmują one pożyteczne (symbiotyczne) i fitopatogeniczne mikroorganizmy, które wspólnie wpływają na wzrost i produktywność roślin. W ostatnich dziesięcioleciach produkcja ziemniaka spada z powodu występowania wirusa Y ziemniaka (PVY), który jest jednym z najważniejszych szkodników tej rośliny. Arbuskularne grzyby mykoryzowe (AMF) są powszechnymi symbiontami ziemniaka, jednak wpływ symbiozy mykoryzowej na rozwój choroby wywołanej przez PVY jest słabo poznany. W ramach dwóch projektów badawczych poświęconych temu zagadnieniu, badano wpływ różnych AMF na zdrowe i porażone wirusem Y (PVY) rośliny ziemniaka. Przeprowadzone analizy obejmowały nie tylko pomiar parametrów wzrostu ziemniaka, ale także wskaźniki stresu oksydacyjnego i zdolności fotosyntetycznej. Ponadto oceniono rozwój AMF w korzeniach roślin, a także poziom wirusa w roślinach mykoryzowych. Badania wykazały, że w roślinach żywicielskich zasiedlanych przez fitopatogeny i endofity zachodzą wieloczynnikowe interakcje ważne z punktu widzenia uprawy ziemniaka w rolnictwie.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu OPUS (2016/23/B/NZ9/03417) oraz przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach projektu TANGO 4 (TANGO-IV-A/0018/2019).

Effect of mycorrhizal fungi on healthy and PVY-infected plants of *Solanum tuberosum* L.

Under natural conditions, crops interact with a variety of microorganisms. These include beneficial (symbiotic) and phytopathogenic microorganisms, which together affect plant growth and productivity. In recent decades, potato (*Solanum tuberosum* L.) production has been decreasing due to the prevalence of potato virus Y (PVY), which is one of the most important pests of the potato. Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) are common symbionts of potato, but the effect of mycorrhizal symbiosis on PVY disease development is poorly understood. Within the framework of two research projects on this issue, the effects of different AMFs on healthy and virus Y (PVY) infected potato were investigated. The analyses carried out included not only the measurement of potato growth parameters, but also indicators of oxidative stress and photosynthetic capacity. In addition, the development of AMF in plant roots was assessed, as well as the level of the virus in mycorrhizal plants. Studies have shown that there are multifactorial interactions in host plants colonized by phytopathogens and endophytes that are important for potato cultivation in agriculture.

REFERAT ZAPROSZONY

Metatranskryptom gleby ko-zanieczyszczonej metalami ciężkimi i węglowodorami w trakcie fitoremediacji wspomaganiej szczepem *Pseudomonas qingdaonensis* ZCR6 oraz dodatkiem mączki kostno-mięsnej

Tomasz Płociniczak¹, Agata Daszkowska-Golec¹, Marja Roslund², Aki Sinkkonen²,
Magdalena Pacwa-Płociniczak¹

¹Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach; ²Horticulture Technologies, Natural Resources Institute Finland

W projekcie określano zmiany w obrębie metatranskryptomu gleby ko-zanieczyszczonej poddanej fitoremediacji z wykorzystaniem *Zea mays* P9363 wspomaganiej szczepem ZCR6 oraz dodatkiem mączki kostno-mięsnej (MBM), a także zmiany zachodzące w obrębie transkryptomu kukurydzy. Przygotowano następujące układy badawcze: bioaugmentacja gleby żywym szczepem (BL); termicznie inaktywowanym (TI) oraz wodą (W) z dodatkiem lub bez MBM. W 10 dniu eksperymentu w doniczkach z MBM rośliny obumarły, jednak eksperyment kontynuowano we wszystkich układach badawczych. W 20 dniu zaobserwowano, że w glebach, w których rośliny nie przeżyły traktowanie BL jak i BTI, powodowało zwiększoną ekspresję genów kodujących białka szoku ciepła oraz białka opiekuńcze, w porównaniu do gleby W. Z kolei, w glebach BL w których rośliny przetrwały, obserwowano zwiększoną ekspresję genów kodujących karboksypeptydazy, flagellinę i przenośnik jonu amonowego, natomiast w układzie BTI obserwowano zwiększenie liczby transkryptów związanych z procesami transkrypcji, translacji, a także replikacji DNA, w porównaniu do gleby W. Podobnie, przeprowadzone zabiegi spowodowały zmiany ekspresji genów kukurydzy, w porównaniu do układu W.

Metatranscriptome of soil co-contaminated with heavy metals and hydrocarbons during phytoremediation supported by *Pseudomonas qingdaonensis* ZCR6 strain and the addition of meat and bone meal

In the project, changes within the metatranscriptome of soil co-contaminated subjected to phytoremediation with *Zea mays* P9363 supported by the ZCR6 strain and the addition of meat and bone meal (MBM), and changes in the maize transcriptome were determined. The following groups were prepared: soil bioaugmentation with a live strain (BL); thermally inactivated (TI) and water (W) with or without the addition of MBM. On the 10th day of the experiment, the plants died in the MBM pots, but the experiment was continued in all systems. On the day 20th, it was observed that in soils where plants did not survive, both BL and BTI treatment resulted in increased expression of genes encoding heat shock and chaperone proteins, compared to soil W. On the other hand, in BL soils in which plants survived, increased expression of genes encoding carboxypeptidases, flagellin and ammonium transporter, while in the BTI system, an increase in the number of transcripts involved in the transcription, translation and DNA replication was observed, compared to soil W. Similarly, the tested treatments resulted in changes in maize gene expression, compared to the W system.

The research was supported by grant NCN No. 2018/31/D/NZ9/01610.

Struktura mikrobiomu ryzosfery kukurydzy traktowanej nanocząstkami srebra o różnych właściwościach powierzchniowych

Sebastian W. Przemieniecki¹, Magdalena Oćwieja², Anna Gorczyca³

¹Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, ²Instytut Katalizy i Fizykochemii Powierzchni. im. Jerzego Habera Polskiej Akademii Nauk w Krakowie, ³Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie

Dynamiczny rozwój nanotechnologii sprawia, że dogłębne rozpoznanie oddziaływania nanocząstek (NP) na środowisko glebowe staje się pilne. Celem badań była ocena wpływu chemicznie zredukowanych AgNPs o różnych właściwościach powierzchniowych na mikrobiotę ryzosfery kukurydzy. Oceniono przesunięcie mikrobiomu prokaryotycznego/eukaryotycznego oraz biometrię roślin. Uzyskane wyniki wskazują, że jedynie AgNPs stabilizowane kwasem garbnikowym nie miały negatywnego wpływu na wzrost roślin. Zastosowanie takich związków jak cytrynian trisodu, borowoderek sodu, cysteamina i chlorowoderek hydroksyloaminy w stabilizacji AgNPs spowodowało, że rośliny poddane traktowaniu wykazywały zahamowanie wzrostu. Wszystkie rodzaje AgNPs silnie modyfikowały mikrobiom. Mikrobiom eukaryotyczny był bardziej podatny na zmiany jakościowo-ilościowe niż bakterie. Większość eudominujących eukariontów drastycznie modyfikowanych przez AgNPs należała do niezidentyfikowanych gatunków o niepoznanych funkcjach. Niektóre grzyby mykoryzowe okazały się odporne. Wykazano znaczący wpływ właściwości powierzchniowych AgNPs na ich oddziaływanie na rośliny i mikroorganizmy glebowe ryzosfery kukurydzy.

Badania zostały wykonane w ramach projektu MINIATURA-3 2019/03/X/NZ9/00567

Microbiome structure of maize rhizosphere treated with silver nanoparticles with different surface properties

The dynamic development of nanotechnology makes thorough impact recognition of nanoparticles (NP) on the soil environment urgent. The aim of research was evaluation of chemically reduced AgNPs with different surface properties on the microbiota of the maize rhizosphere. Prokaryotic/eukaryotic microbiomes shift and plant biometry were assessed. The obtained results indicate that only AgNPs stabilized with tannic acid did not have a negative effect on plant growth. The use of such compounds as trisodium citrate, sodium borohydride, cysteamine and hydroxylamine hydrochloride in the stabilization of AgNPs caused that the treated plants had shown a growth inhibition. All types of AgNPs strongly modified the microbiome. The eukaryotic microbiome was more susceptible to qualitative and quantitative changes than bacteria. Most eudominant eukaryotes drastically modified by AgNPs belonged to unidentified species with unknown functions. Some mycorrhizal fungi turned out to be resistant. Significant influence of surface properties of AgNPs on their impact on plants and soil maize rhizosphere microorganisms was demonstrated.

The research was carried out as part of the MINIATURA-3 project 2019/03/X/NZ9/00567

Mykobiom glebowy towarzyszący *Ulmus laevis* rosnącym w siedliskach leśnych i nieleśnych

Marta Kujawska¹, Maria Rudawska¹, Tomasz Leski¹

Instytut Dendrologii Polskiej Akademii Nauk, ul. Parkowa 5, 62-035 Kórnik

Do połowy XX wieku drzewa z rodzaju *Ulmus* stanowiły ważny element zbiorowisk łągowych, wiejskich alei przydrożnych i miejskich obszarów zieleni. Drzewa te odznaczają się wyjątkowymi walorami estetycznymi, gospodarczymi i środowiskowymi np. wysoka tolerancja na zanieczyszczenia miejskie i suszę. Badacze na całym świecie mierząc się ze znaczną utratą wiązków spowodowaną epidemią holenderskiej choroby wiązków (zwaną też grafiozą) skupili się przede wszystkim na kwestiach związanych z chorobą, pomijając inne ważne aspekty z biologii wiązków. Grzyby mykoryzowe, stanowiące ważną część mykobiomu glebowego pełniące istotne funkcje w różnorodnych procesach ekologicznych, chronią partnera roślinnego przed czynnikami chorobotwórczymi i środowiskowymi, czego efektem jest jego lepszy wzrost i rozwój. Ze względu na kluczową rolę mykobiomu glebowego w funkcjonowaniu drzew, celem badań było poznanie struktury mykobiomu glebowego otaczającego korzenie wiązu szypułkowego (*Ulmus laevis* Pall.), który spośród trzech rodzimych gatunków wiązków, okazał się najbardziej odporny na grafiozę. Do badań wybrano 18 lokalizacji reprezentujących zarówno siedliska leśne (lasy łąkowe i mieszane) i nieleśne (stanowiska miejskie, wiejskie i przemysłowe). Wyniki wskazują, że typ siedliska istotnie wpływa na strukturę mykobiomu glebowego wiązu szypułkowego, zaś stopień kolonizacji mykoryzowej na terenach leśnych jest wyższy niż na obszarach nieleśnych.

Projekt realizowany dzięki wsparciu finansowemu Narodowego Centrum Nauki, (2020/37/N/NZ9/01915).

Soil fungal communities of *Ulmus laevis* grown in forest and non-forest habitats

Elms have been an important element of the natural riparian communities, rural avenues, and urban gardens. These trees are characterized by aesthetically pleasing shapes and also tolerance to pollution, and drought. Due to the Dutch Elm Disease (DED) which struck elm trees in the mid-20th century many elms were gone. Other aspects of elm biology that were directly not associated with DED were significantly neglected. The mycobiome has a central function in soil ecological processes. Mycorrhizal fungi, constituting the special part of the mycobiome, colonize plant roots, and provide benefits to the host by improving plant nutrition and health. Due to the financial and time limitation, one of the three elm trees native to Poland – *Ulmus laevis* has been selected as an object of research. To determine the structure of soil fungal communities accompanying roots of *U. laevis* grown in highly diverse environmental conditions different 18 sites representing forest (alluvial and oakhornbeam forests), and non-forest habitats (urban, rural and post-industrial areas) were studied. Our results indicate that the type of habitat significantly has affected the structure of the soil mycobiome of *U. laevis*, and mycorrhizal colonization is higher in the forest than in non-forest habitats.

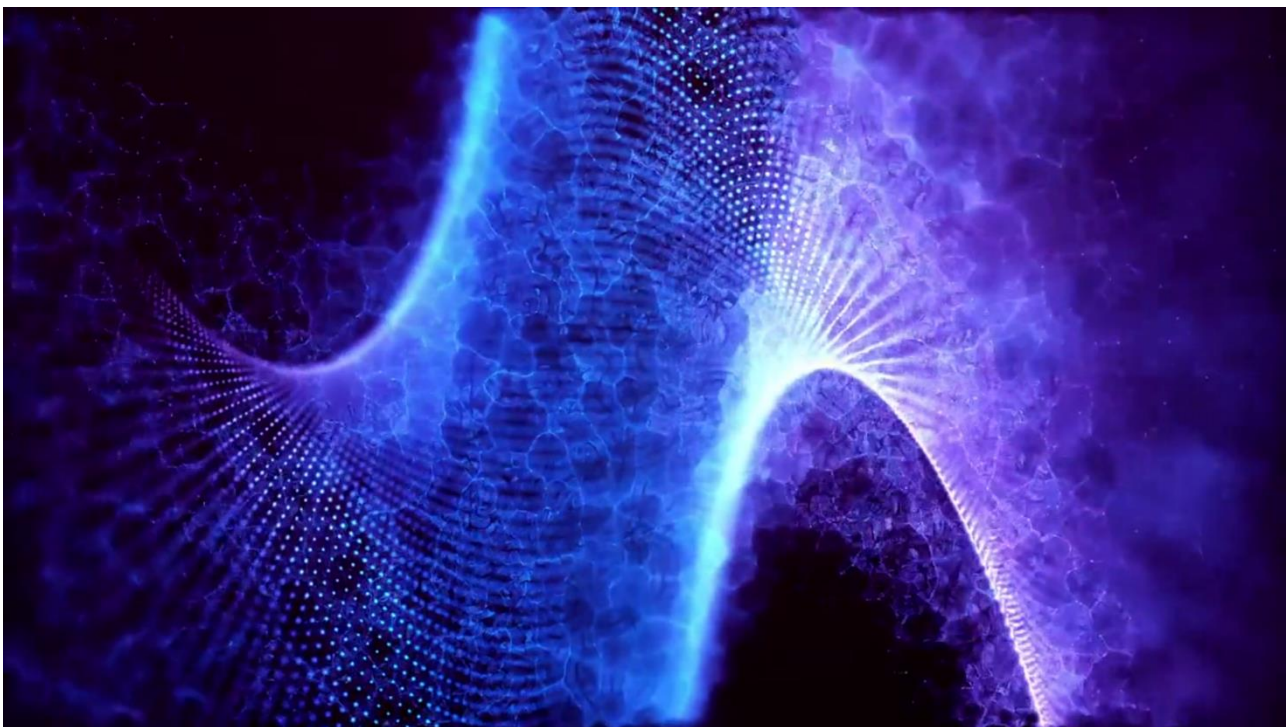
The project was financially supported by the National Science Center (2020/37/N/NZ9/01915).

SESJA *Pico* PREZENTACJI

Panel inicjatywy microBIOME AGRO LIVING LAB

Prowadzący:

dr hab. Jolanta Joniec, prof. uczelni (Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie)
dr hab. Justyna Możejko-Ciesielska prof. UWM (Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie)
prof. dr hab. Łukasz Stępień (Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań)



REFERAT ZAPROSZONY

Genomika strukturalna i funkcjonalna bakterii glebowych

Andrzej Mazur, Piotr Koper, Kamil Żebracki, Magdalena Wójcik, Małgorzata Marczak

Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie- Skłodowskiej w Lublinie

Gleba to jedno z najbardziej skomplikowanych środowisk naturalnych, które zasiedla ogromna liczba drobnoustrojów. Szczególnie duże zagęszczenie mikroorganizmów występuje w ryzosferze. Wysokoprzepustowe metody badawcze typu NGS stwarzają ogromne możliwości poznania zarówno złożonej architektury genomów bakterii glebowych jak i mechanizmów ich funkcjonowania i adaptacji do warunków bytowania.

Wykorzystując model symbiozy *Rhizobium* z roślinami bobowatymi wykazano, że genomy bakterii wyizolowanych z brodawek koniczyny rosnącej na nieuprawianych rolniczo terenach są wzbogacone w geny związane z transportem aminokwasów, węglowodanów, koenzymów oraz biosyntezą metabolitów wtórnych, a aktywność tych mikroorganizmów może być istotna w promowaniu wzrostu roślin.

Analizy RNAseq wykazały, że w adaptacji rizobiów do zmiennych warunków w glebie znaczącą rolę odgrywa pula genów ulokowanych w ich plazmidach, zaś skutki braku czynnika protekcyjnego tych bakterii jakim jest egzopolisacharyd (EPS) są filtrowane w komórkach poprzez różne szlaki metaboliczne.

Sekwencjonowanie genomu patogennych bakterii z rodzaju *Legionella*, wyizolowanych z ameb glebowych pozwoliło oszacować zakres zróżnicowania i istotność plazmidomu w patogenezie tych mikroorganizmów.

Structural and functional genomics of soil bacteria

Soil is one of the most complex natural environments, inhabited by a huge number of microorganisms. A particularly high density of microorganisms is found in the rhizosphere. High-throughput methods such as NGS provide great opportunities to understand both the complex architecture of the genomes of soil bacteria as well as the modes of their activity and adaptation to growth conditions.

Using the model of *Rhizobium* symbiosis with legumes, it was shown that the genomes of bacteria isolated from clover nodules growing in uncultivated areas are enriched in genes related to the transport of amino acids, carbohydrates, coenzymes and the biosynthesis of secondary metabolites, and the activity of these microorganisms may be important in promoting of plant growth.

RNAseq analyzes have shown that the plasmids located gene pool plays a significant role in the adaptation of rhizobia to changing soil conditions, and the effects of the lack of the protective factor of these bacteria, which is exopolysaccharide (EPS), are filtered in cells through various metabolic pathways.

Genome sequencing of pathogenic bacteria of the genus *Legionella*, isolated from soil amoebas, allowed to estimate the range of diversity and importance of the plasmidome in the pathogenesis of these microorganisms.

Czy mikrobiom gleby uprawnej wpływa na rozwój chorób czarnej nózki i mokrej zgnilizny wywołanych przez bakterie pektynolityczne z rodzaju *Dickeya* i *Pectobacterium*?

Weronika Babińska-Wensierska^{1,2}, Agata Motyka-Pomagruk^{1,2}, Marco Fondi³, Alessio Mengoni³, Ewa Łojkowska^{1,2}

¹ Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, MWB UG i GUMed, ² Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowe, MWB UG i GUMed, ³ Pracownia Genetyki Mikroorganizmów, Katedra Biologii, Uniwersytet we Florencji

W ostatnich latach naukowcy wysunęli hipotezę, że rozwój objawów chorobowych na roślinach uprawnych ma związek z supresyjnością gleb. Dotychczas nie analizowano zależności między supresyjnością gleby na polach uprawnych ziemniaka a nasileniem objawów czarnej nózki i mokrej zgnilizny, powodowanych przez bakterie z rodzajów *Dickeya* i *Pectobacterium*.

Prezentowane badania w pierwszym etapie prac wykluczyły właściwości fizykochemiczne gleby jako czynnik odpowiedzialny za supresyjność analizowanych gleb. Następnie z zastosowaniem klasycznych metod hodowlanych stwierdzono obecność bakterii z rodzaju *Pectobacterium* jedynie w glebie niesupresyjnej. Sekwencjonowanie 16S rDNA pozwoliło na stwierdzenie, że bakterie z rodzajów: *Bacillus*, *Acidobacterium* i *Gaiella* występują liczniej w glebie supresyjnej niż w glebie niesupresyjnej.

Przedstawione badania po raz pierwszy wykazały różnice w składzie mikroflory gleby supresyjnej i niesupresyjnej w kontekście występowania bakterii z rodziny *Pectobacteriaceae*, wywołujących mokrą zgniliznę ziemniaka.

Narodowe Centrum Nauki Preludium 21 (2022/45/N/NZ9/01923)

Does the microbiome of arable soil influence the development of blackleg and soft rot diseases caused by pectinolytic bacteria from the genera *Dickeya* and *Pectobacterium*?

In the recent years, scientists have hypothesized that development of disease symptoms on crop plants is related to suppressiveness of the soil. So far, the relationship between the soil suppressiveness in potato fields and the intensity of blackleg and soft rot caused by *Dickeya* and *Pectobacterium* has not been analyzed.

In the first stage of the present research we excluded the physicochemical properties of the soil as a factor responsible for suppressiveness of the analyzed soils. Then, using classical cultivation methods, the presence of bacteria from the genus *Pectobacterium* was demonstrated only in the non-suppressive soil. 16S rRNA gene amplicon sequencing allowed to conclude that bacteria from the following genera: *Bacillus*, *Acidobacterium* and *Gaiella* are more abundant in the suppressive soil than in the non-suppressive one.

The current research indicated that the composition of the soil microbiota varies between the suppressive and non-suppressive soils towards the soft rot *Pectobacteriaceae*-caused infections.

National Science Centre, Poland, Preludium 21 project (2022/45/N/NZ9/01923)

Wpływ naturalnego mikrobiomu glebowego na reakcję wybranych odmian ziemniaka na stres abiotyczny i biotyczny

Krzysztof Treder¹, Anna Pawłowska¹, Dorota Michałowska¹, Janusz Urbanowicz¹,
Jerzy Osowski¹, Jacek Panek², Magdalena Frąc², Joana Falcao-Salles³

¹Institut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Oddział w Boninie, 76-009
Bonin, e-mail: k.treder@ihar.edu.pl

²Institut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, e-mail:
m.frac@ipan.lublin.pl

³Department of Microbial Ecology, Center for Evolutionary and Ecological Studies, University of
Groningen, 9700 CC, Groningen, The Netherland, e-mail: j.falcao.salles@rug.nl

W warunkach kontrolowanych badano wpływ naturalnego mikrobiomu glebowego na reakcję pięćdziesięciu odmian ziemniaka na stres biotyczny wywołany przez obecność w glebie grzyba *Rhizoctonia solani* oraz na stres suszy. Rośliny *in vitro* sadzono w naturalnej glebie, zebranej z pola. Po okresie aklimatyzacji roślin w warunkach optymalnych, poddawano je ww. stresom i analizowano ich wpływ na parametry fizjologiczne i biochemiczne badanych odmian. Oba rodzaje stresu nie miały istotnego wpływu na masę części nadziemnej roślin, liczbę bulw, długość korzeni, poziom L-proliny czy aktywność dysmutazy ponadtlenkowej. Stwierdzono jednak istotnie negatywny wpływ suszy na średnią masę pojedynczej bulwy i całego plonu spod krzaka oraz masę korzeni. Stres biotyczny negatywnie wpływał na zawartość chlorofilu oraz całkowitą zawartość polifenoli. Zarówno susza jak i obecność patogenu w glebie istotnie obniżały koncentrację antyoksydantów badaną testami FRAP i TEAC. Omówione wyniki przedstawiają jednak średnią dla odmian, podczas gdy odpowiedź poszczególnych odmian na oba rodzaje stresu była silnie zróżnicowana. Może to świadczyć o tym, że genotyp ziemniaka w dużym stopniu wpływa na odpowiedź roślin na stresy. Jednocześnie brak wyraźnej reakcji wielu odmian, świadczy o tym, że naturalny mikrobiom glebowy może łagodzić wpływ stresów na rośliny.

Podziękowania

Autorzy serdecznie dziękują Marii Fedczak, Alicji Przewłóce, Hannie Gawińskiej-Urbanowicz, Alinie Gapik i Teresie Rak za doskonałą pomoc techniczną.

Badania wykonano w ramach projektu „Harnessing the potato microbiome interactions for development of sustainable breeding and production strategies” (potatoMETAbiome), finansowanego przez SusCrop-ERA-NET Cofund on Sustainable Crop Production, Horizon 2020, grant number: Nr 771134. W Polsce środki przekazywał zespół badawczy NCBiR, numer grantu: SUSCROP / I / POTATOMETABIOME / 01/2019.

Wpływ inwazyjnych gatunków drzew: robinii akacjowej, czeremchy amerykańskiej oraz dębu czerwonego na strukturę metagenomiczną zbiorowisk grzybów glebowych w borach sosnowych

Robin Wilgan¹, Marta Kujawska¹, Tomasz Leski¹

Instytut Dendrologii Polskiej Akademii Nauk, Parkowa 5, 62-035 Kórnik

Inwazje biologiczne stanowią poważny problem dla współczesnej ochrony przyrody oraz gospodarki leśnej. Inwazyjne gatunki drzew zmieniają bioróżnorodność, siedliska leśne oraz obieg pierwiastków, ale ich wpływ na grzyby ektomykoryzowe jest słabo poznany.

Zbadano, jak inwazyjne gatunki drzew: *Robinia pseudoacacia*, *Prunus serotina* i *Quercus rubra* wpływają na metagenomy grzybów w rodzimych lasach. Zastosowano sekwencjonowanie nowej generacji (NGS), pozwalające wykryć DNA tysięcy taksonów grzybów w próbce, czyli opisać tzw. metagenomy grzybów. Zbadano 81 powierzchni leśnych w centralnej i zachodniej Polsce. Próby gleby do badań pobrano wzdłuż gradientu rosnącego udziału gatunków inwazyjnych, dla każdego gatunku inwazyjnego niezależnie.

Wyniki pokazały, że *Robinia pseudoacacia* wywierała najsilniejszy negatywny wpływ na grzyby ektomykoryzowe, prowadząc niemal do ich eliminacji z gleby. Niski udział *R. pseudoacacia* i wysoki udział *P. serotina* wywierał podobny negatywny wpływ na grzyby ektomykoryzowe. Powierzchnie z wysokim udziałem *Quercus rubra* cechował wyższy udział i większa różnorodność grzybów ektomykoryzowych, niż obserwowana w rodzimych lasach. Zaobserwowano także spadek udziału endofitów oraz wzrost udziału patogenów wraz ze wzrostem udziału każdego inwazyjnego gatunku drzewa w lasach.

Badania są finansowane przez NCN w ramach PRELUDIUM 19, projekt nr 2020/37/N/NZ8/01403.

Impact of invasive tree species: *Robinia pseudoacacia*, *Prunus serotina* and *Quercus rubra* on the metagenomic structure of soil fungal communities in pine forest ecosystems

Biological invasions are a key element of nature conservation and forest management. Invasive tree species modify biodiversity, native forest habitats and nutrient cycles, but an impact of invasive trees on ectomycorrhizal fungi in native forests is poorly studied.

Here we studied how three invasive tree species *Robinia pseudoacacia*, *Prunus serotina*, and *Quercus rubra*, affect soil fungal communities in native forest ecosystems. We used the NGS sequencing, which allows us to detect thousands of fungal taxa (i.e. metagenomes of fungi), based on DNA isolated from soil. Soil was sampled along the gradient of increasing abundance of invasive trees. Each invasive tree species was tested independently. Altogether 81 study stands in Central and Western Poland were studied.

The results have shown, that *R. pseudoacacia* has the strongest negative effect leading to eradicating ECM fungi from the soil. A low abundance of *R. pseudoacacia* and a high abundance of *P. serotina* have comparable and low negative effects on ECM fungi. A high abundance of *Q. rubra* leads to an increase in the share and diversity of ECM fungi compared to native forests. The increase in the abundance of all tested invasive trees leads to decline in share of endophytes and increase in share of pathogenic fungi in soil.

Rola glukozynolanów w mutualistycznej interakcji endofitycznego grzyba *Sporobolomyces ruberrimus* z rośliną modelową *Arabidopsis thaliana*

Weronika Kosowicz^{1,2}, Agnieszka Domka³, Roman Jędrzejczyk¹, Piotr Rozpądek¹

¹Małopolskie centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

²Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych UJ Kraków

³Instytut Botaniki im. W. Szafera Polskiej Akademii Nauk, ul. Lubicz 46, 31-512 Kraków

Glukozynolany (GLS) są związkami powszechnie występującymi w roślinach z rodziny *Brassicaceae*. Funkcjonują głównie jako związki obronne przeciwko roślinożercom oraz patogenom. GLS są magazynowane w tkankach roślinnych w formie nieaktywnej, a ich aktywacja następuje na drodze hydrolizy przeprowadzanej przez enzymy z rodziny myrosynazy i zachodzi na skutek uszkodzenia tkanek. Glukozynolany uważane są za cenny składnik diety człowieka, z uwagi na ich działanie antynowotworowe. Celem naszych badań jest wyjaśnienie roli glukozynolanów i regulacji ich metabolizmu w kształtowaniu mutualistycznej interakcji pomiędzy rośliną a mikroorganizmem endofitycznym. Badania wykazały, że interakcja *Arabidopsis thaliana* z grzybem *Sporobolomyces ruberrimus* prowadzi do zwiększenia akumulacji tych związków. W oparciu o wyniki analizy RNAseq założono, że wzrost akumulacji GLS pod wpływem endofityta wynika z negatywnej regulacji ekspresji genów odpowiedzialnych za katabolizm nieaktywnej formy tych związków, nie zaś z oddziaływania endofityta na biosyntezę GLS. Ponadto, związki te mogą stanowić rezerwuari siarki w tkankach roślin ze względu na jej obecność w cząsteczkach GLS. Jedną z zakładanych ścieżek regulacji metabolizmu GLS podczas interakcji była regulacja na drodze zależnej od etylenu, jednak przeprowadzone eksperymenty wykluczyły tę hipotezę.

Badania sfinansowano z grantu nr. 2019/33/B/NZ9/01372 przyznanego przez Narodowego Centrum Nauki w Polsce.

Role of glucosinolates in mutualistic interaction between endophytic yeast *Sporobolomyces ruberrimus* and model plant *Arabidopsis thaliana*

Glucosinolates (GLS) are group of compounds prevalent in *Brassicaceae* family. Their main function is protection against herbivores and plant pathogens. GLS are stored in plants as inactive molecules and their activation is achieved by hydrolysis by enzymes from myrosinase family and occurs after disruption of plant tissues. Glucosinolates are also important dietary substances due to their anticancer activity. The aim of our study was to investigate the role of GLS metabolism in plant – endophytic microorganism mutualistic interactions. Our investigations show that inoculation of *Arabidopsis thaliana* with the endophytic yeast *Sporobolomyces ruberrimus* leads to accumulation of these compounds in plants. According to RNAseq, the increase in amount of GLS is caused by downregulation of genes involved in GLS catabolism not by upregulation of those related to synthesis. Due to the presence of sulfur in GLS molecules, they might function as storage of this compound. We hypothesized that during plant–endophyte interactions regulation of GLS metabolism occurs via ethylene signaling but performed experiments disproved this hypothesis.

The research was funded under grant 2019/33/B/NZ9/01372 from the National Science Centre in Poland

Profesor Adam Jaworski twórca polskiej szkoły „metagenomiki środowiskowej”

Wiesław Barabasz

Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Przemyślu

Profesor dr hab. Adam Jaworski to wybitny polski naukowiec związany z Wydziałem Biologii Uniwersytetu Łódzkiego, gdzie rozpoczął swoją przygodę z nauką. Tutaj zdobywał wszystkie stopnie i tytuły naukowe oraz święcił swoje tryumfy zajmując się szeroko pojętą dziedziną nauki jakim jest mikrobiologia, biotechnologia i metagenomika. Odbił kilka bardzo ważnych długoterminowych staży naukowych w USA przebywając u wybitnych naukowców. Zdobyta wiedza i doświadczenie za granicą pozwoliło mu na stworzenie w macierzystym Instytucie Mikrobiologii UŁ Samodzielnej Pracowni Genetyki Drobnoustrojów, która kierował do przejścia na zasłużoną emeryturę. Ale wcale nie znaczy, że nie interesuje się nauką, dalej uczestniczy w licznych konferencjach, zjazdach naukowych i zajęciach dydaktycznych chociażby w Społecznej Akademii Naukowej w Łodzi oraz Państwowej Wyższej Szkole Wschodnioeuropejskiej w Przemyślu. Recenzuje, opiniuje i pisze artykuły naukowe oraz wspiera swoją ulubioną konferencje poświęconą metagenomice, na której uczestniczy po raz siódmy.

Professor Adam Jaworski, founder of the Polish school of "environmental metagenomics"

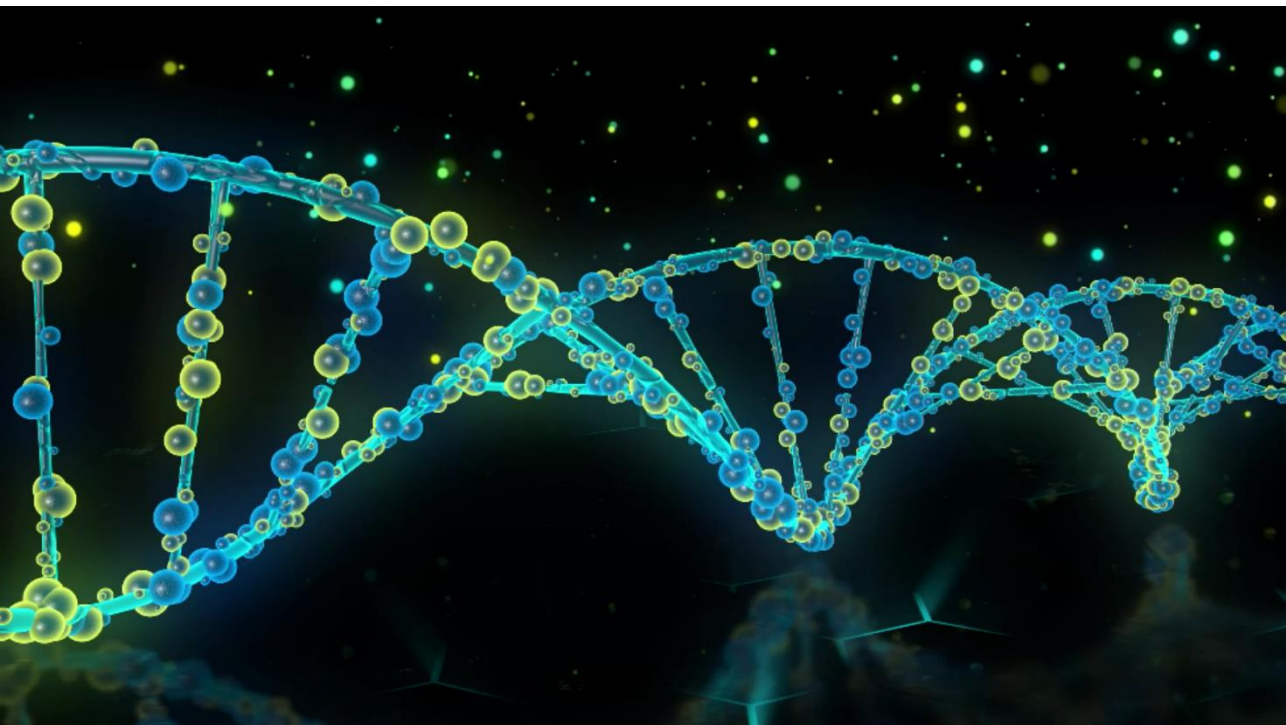
Professor Adam Jaworski is an outstanding Polish scientist associated with the Faculty of Biology of the University of Lodz, where he began his adventure with science. Here he gained all scientific degrees and titles and celebrated his triumphs dealing with the broadly understood field of science, which is microbiology, biotechnology and metagenomics. He completed several very important long-term scientific internships in the USA, staying with outstanding scientists. The knowledge and experience gained abroad allowed him to create an Independent Microbial Genetics Laboratory at his home Institute of Microbiology, University of Lodz, which he managed until his well-deserved retirement. But it does not mean that he is not interested in science, he still participates in numerous conferences, scientific conventions and didactic classes, for example at the Social Science Academy in Łódź and the East European State Higher School in Przemyśl. He reviews, gives opinions and writes scientific articles and supports his favorite metagenomics conference, which he attends for the seventh time.

SESJA III

NAUKI OMICZNE (METAGENOMIKA, METATAKSONOMIKA, METATRANS-KRYPTOMIKA, METABOLOMIKA) I BIOINFORMATYKA W BADANIACH ŚRODOWISKOWYCH

Prowadzący:

prof. dr hab. Monika Janczarek (Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie)
dr hab. Piotr Rozpądek, prof. UJ (Uniwersytet Jagielloński, Kraków)



Prezentacja artystyczna inspirowana badaniami naukowymi

RHIZONES

Joanna Hoffmann

Uniwersytet Artystyczny w Poznaniu

Multimedialny cykl **RHIZONES** zainspirowany został symbiotycznymi sieciami ryzosfery, które łączą korzenie roślin z grzybami i mikroorganizmami, umożliwiając wymianę zasobów i informacji oraz ewolucyjny sukces.

Jako artystka, wyobraziłam sobie świat jako meta-ryzosferę, niezmierną sieć relacji i współzależności, w której układy organiczne i nieorganiczne, naturalne i sztuczne inteligentne systemy tworzą jedną całość; dynamiczny holosystem, który nieustannie przetwarza i rozbudowuje swoją pamięć. RhiZones są węzłami tej sieci, poprzez które próbuję zajrzeć do jej wnętrza.

<http://johoffmann.com/rhizones.html>

muzyka: Andre Bartetzki

Podziękowania:

Szczególne podziękowania dla: Prof. Elizy Wyszko i Dr Agnieszki Fedoruk-Wyszomirskiej, Pracownia Analiz Struktur Subkomórkowych Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, oraz Prof. Zofii Szweykowskiej-Kulińskiej, Prof. Arturowi Jarmołowskiemu, Prof. Marlenie Lembicz, Prof. Władysławowi Polcynowi, Dr Halinie Pietrykowskiej, Wydział Biologii Uniwersytetu im. A. Mickiewicza, za wspieranie projektu.

RHIZONES

Joanna Hoffmann

University of Arts in Poznan

The multimedia series RHIZONES was inspired by the symbiotic networks of the rhizosphere, which connect plant roots with fungi and microorganisms, enabling the exchange of resources and information as well as evolutionary success.

As an artist, I imagined the world as a meta-rhizosphere, an immeasurable network of relationships and interdependencies in which organic and inorganic systems, natural and artificial intelligent systems form a single whole; a dynamic holosystem that is constantly processing and expanding its memory. The RhiZones are the nodes of this network through which I try to peer into it.

<http://johoffmann.com/rhizones.html>

music: Andre Bartetzki

Acknowledgements:

Especial thanks to: Prof. Eliza Wyszko i Dr Agnieszka Fedoruk-Wyszomirska, Laboratory of Subcellular Structures Analyses, The Institute of Bioorganic Chemistry of the Polish Academy of Sciences in Poznan, as well as Prof. Zofia Szweykowska-Kulińska, Prof. Artur Jarmołowski, Prof. Marlena Lembicz, Prof. Władysław Polcyn, Dr Halina Pietrykowska, Faculty of Biology A.Mickiewicz University, for supporting the project.

WYKŁAD PLENARNY

Ten obcy: co zmienia się w glebie gdy pojawia się w niej patogen roślinny

Małgorzata Jędrzycka

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Gleba postrzegana jest jako stosunkowo stabilny układ ekologiczny, zmieniający się powoli w czasie ze względu na zmiany klimatyczne (pory roku) a także pory dnia i związane z nimi wahania temperatury. Wszystko to zmienia się drastycznie pod wpływem czynników zewnętrznych. Należą do nich przede wszystkim warunki abiotyczne (susza, nadmiar wody, zamrażanie, wysokie nasłonecznienie) a także stosunki biotyczne (pojawienie się korzeni określonych roślin dzikich bądź uprawnych, zasiedlenie przez organizm ze świata zwierząt). Homeostaza gleby jest też naruszona gdy, któryś z jej żywych elementów zaczyna dominować nad pozostałymi. Taka sytuacja dotyczy pojawienia się mikroorganizmu lub grupy mikroorganizmów chorobotwórczych; znajdując pożywienie w danej glebie zaczynają dominować liczebnie, co całkowicie zmienia proporcje pozostałych mikroorganizmów. Wpływa to na procesy biochemiczne przebiegające w danej glebie i generuje kolejne zmiany. W trakcie referatu przedstawione będą przykłady takich zależności i porównane z podobnymi przypadkami w innych środowiskach, takich jak roślina, woda i powietrze. W glebie zmiana stosunków troficznych przebiega nieustannie. Nasze postrzeganie gleby jako środowiska mało reaktywnego zmienić powinniśmy na obraz gleby żywej i plastycznie wpasowującej się w aktualny abiotyczny i biotyczny stan środowiska.

Arrival of an alien: what changes in the soil when the plant pathogen appears

Soil is perceived as a relatively stable ecological system, changing slowly over time due to climatic changes (seasons) as well as the time of a day which is related to temperature fluctuations. It drastically changes with alteration of any of these factors. It concerns abiotic conditions (drought, flooding, freezing, high insolation) as well as biotic factors (appearance of roots of certain wild or cultivated plants, colonization by an organism from the animal world). Soil homeostasis is also disturbed when one of its living elements begins to dominate over the others. This situation relates to the emergence of a pathogenic microorganism or group of microbes; when they find food in a given soil, they begin to outnumber the other microorganisms, which completely changes the numerical proportions and thus all the other conditions. This, in turn, affects the biochemical processes taking place in a given soil and generates further changes. Examples of such relationships will be presented and compared with similar cases in other environments, such as plants, water and air. In the soil, the change of trophic conditions is continuous. Our perception of the soil as a low-reactive environment should be changed to the image of a living soil that adapts plastically to the current abiotic and biotic state of the environment.

REFERAT ZAPROSZONY

Od metabarkodingu do funkcji - jak bakterie wewnątrzstrzępkowe mogą wpływać na zdolności enzymatyczne grzybów?

Julia Pawłowska¹, Benjamin Abramczyk¹, Zuzanna Błocka¹, Renata Matlakowska¹,
Robert Stasiuk¹, Alicja Okraśńska¹

¹ Wydział Biologii, Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych, Uniwersytet Warszawski, ul. Żwirki i Wigury 101, 02-089 Warszawa

Grzyby i bakterie wspólnie odpowiadają za większość procesów rozkładu w glebie. Chociaż obecnie najczęściej mikrobiom glebowy bada się stosując metabarkodingu, metoda ta nie wnosi informacji na temat roli wykrywanych organizmów. Podczas naszych badań stwierdziliśmy, że przedstawiciele Mucoromycota powszechnie występują w różnych typach gleb, a także, że grzyby te mogą mieć w swoich strzępkach bakterie (EHB). Łącząc różne techniki „omiczne”, staraliśmy się zrozumieć, w jaki sposób bakterie wewnątrzstrzępkowe mogą wpływać na zdolności enzymatyczne ich gospodarzy w glebach silnie zanieczyszczonych, ponieważ zauważyliśmy, że EHB występują częściej w szczepach wyizolowanych z gleb zanieczyszczonych węglowodorami. Analiza genomowa jednej z wyizolowanych par sugeruje, że jest to interakcja fakultatywna, wykryto obecność kilku genów bakteryjnych rozszerzających zdolności metaboliczne grzybów. Ponadto analiza GC-MS (chromatografia gazowa ze spektrometrią mas) szczepów dzikich i wyleczonych ujawniła różnice w składzie metabolitów, wskazując na istotną rolę, jaką bakterie te mogą odgrywać w adaptacji ich gospodarzy do trudnych warunków środowiskowych.

From metabarcoding to function: how endohyphal bacteria may affect enzymatic capacities of their hosts?

Fungi and bacteria play an important role in soil-forming processes, as together they are responsible for the majority of decomposition. Although nowadays the most common approach to assess this soil microbiome is metabarcoding it does not elucidate the function of detected organisms. We demonstrated that Mucoromycota fungi are commonly occurring in soil, including harsh, anthropogenically transformed environments and, that these fungi harbor endohyphal bacteria (EHB). By combining different ‘omic’ techniques we aimed to understand how endohyphal bacteria may affect the enzymatic capacities of their fungal hosts in anthropogenically transformed environments. We confirmed that the EHB are more frequent in Mucoromycota strains isolated from soils polluted with hydrocarbons. Genomic analysis of one of the isolated fungal-bacterial pairs suggests that it is a facultative interaction, but the presence of several bacterial genes extending fungal metabolic capacities was detected. Furthermore, GC-MS (gas chromatography with mass spectrometry) analysis of wildtype and cured strains revealed differences in metabolite composition, indicating the significant role that these bacteria may play in the adaptation of their hosts to harsh environmental conditions.

The research was supported by the National Science Center (Poland) under the OPUS 13 grant No. 2017/25/B/NZ8/00473 and PRELUDIUM 20 No. 2021/41/N/NZ8/01994.

REFERAT ZAPROSZONY

„WOOD WIDE WEB” – prawdy i mity

Marta Wrzosek¹

Uniwersytet Warszawski, Ogród Botaniczny, Al. Ujazdowskie 4, 00-478 Warszawa

Od kilkunastu lat niezwykle popularność w mediach zdobywa idea znana jako „wood wide web”, czyli hipoteza, że rośliny w obrębie lasu połączone są siecią grzybni, która wprowadza homeostazę w środowisku i ma funkcje nie tylko odżywcze ale i informacyjne. Susanne Simard i Paul Stamets stali się osobami publicznymi, a ich wypowiedzi – dodatkowo wzmocnione przez media lub źle interpretowane stały się podstawą do antydarwinowskiej narracji. Idea interakcji poprzez sieć grzybni nie jest nowa, ale ostatnio jest jednak inspiracją dla wielu badań i nowych ustaleń. Regułą jest jednak mieszanie idei sieci troficznej z siecią mykoryzową. Nazywanie grzybni leśnym internetem jest rozpowszechnioną, mylącą analogią. Karst i współautorzy ostatnio wykazali, że pozytywna tendencyjność cytowań prowadzi do rozszerzania się błędnych informacji na temat powszechnych sieci mykoryzowych w lasach (Karst i wsp, 2023). Prezentacja kładzie nacisk na stosowanie dobrych praktyk badawczych i ostrożność we wnioskowaniu, które zapobiega medialnemu rozpropagowywaniu błędnych idei o funkcjonowaniu ekosystemów.

Ref. Karst J., Jones M.D, Hoeksema, JD, 2023, Positive citation bias and overinterpreted 332 results lead to misinformation on common mycorrhizal networks in forests. *Nature* 333 *Ecol. Evol.* 7, 501-511, doi: 10.1038/s41559-023-01986-1.

“WOOD WIDE WEB” -myths vs truth

Over the past decade, there has been significant media attention surrounding the concept of the "wood wide web." This idea proposes that plants in a forest are interconnected through a network of mycelium, which not only provides nutrients but also facilitates information exchange, contributing to environmental homeostasis. As a result, public figures such as Susanne Simard and Paul Stamets emerged, and their statements, sometimes distorted or exaggerated by the media, have been misinterpreted to support an anti-darwinian narrative. Although the concept of mycelium-based interactions is not new, it has recently spurred extensive research and yielded new discoveries. It is common mistake to combine the notion of a trophic network with that of a mycorrhizal network. Referring to mycorrhizal mycelium as the "forest internet" is a commonly used but misleading analogy. In a recent study by Karst et al. (2023), it was demonstrated that the proliferation of misinformation regarding common mycorrhizal networks in forests is driven by a positive bias in citations. The presentation underscores the need for sound research practices and caution in drawing inferences, thereby preventing the dissemination of erroneous ideas about ecosystem functioning by the media.

Ref. Karst J., Jones M.D, Hoeksema, JD, 2023, Positive citation bias and overinterpreted 332 results lead to misinformation on common mycorrhizal networks in forests. *Nature* 333 *Ecol. Evol.* 7, 501-511, doi: 10.1038/s41559-023-01986-1.

Szlaki metaboliczne *Pseudomonas donghuensis* P482 zaangażowane w przystosowanie tej ryzobakterii do gospodarza roślinnego ujawnione w wyniku porównania odpowiedzi transkryptomycznych na eksudaty pomidora i kukurydzy

Dorota M. Krzyżanowska¹, Magdalena Jabłońska¹, Małgorzata Czerwicka², Zbigniew Kaczyński², Katarzyna Macur³, Sylwia Jafra¹

Uniwersytet Gdański: ¹Zakład Mikrobiologii Roślin MWB UG i GUMed, ² Pracownia Biochemii Strukturalnej Wyzd. Chemii, ³ Zespół Laboratoriów Specjalistycznych MWB UG i GUMed

Rośliny kształtują mikroflorę swojej ryzosfery poprzez wydzieliny korzeniowe. Skład wydzielin zależy od genotypu rośliny oraz jej aktualnego stanu fizjologicznego, prowadząc do zróżnicowania wśród populacji mikroorganizmów izolowanych z roślin. Pomimo wspomnianej selekcji, bakterie *Pseudomonas* skutecznie zasiedlają różnych gospodarzy roślinnych. Efekt ten jest przypisywany elastyczności metabolicznej tych bakterii, jednak wiedza na temat konkretnych adaptacji niezbędnych w danym kontekście mikroorganizm-roślina jest ograniczona. W ramach prezentowanych badań otrzymaliśmy profile transkryptomiczne szczepu *Pseudomonas donghuensis* P482 hodowanego *in vitro* w obecności wydzielin korzeniowych dwóch odległych filogenetycznie gospodarzy roślinnych: pomidora i kukurydzy. Obydwie rośliny są kolonizowane przez szczep P482. Dalsza analiza danych RNAseq umożliwiła nam identyfikację genów różnicujących i wspólnych dla tych dwóch odpowiedzi. Dodatkowo oznaczyliśmy skład badanych wydzielin korzeniowych za pomocą GC-MS i LC-SRM. Uzyskane przez nas wyniki dostarczają wglądu w szlaki metaboliczne zaangażowane w adaptację bakterii *Pseudomonas* do gospodarza roślinnego.

Host-adaptive traits in a root-colonizing bacterium *Pseudomonas donghuensis* P482 revealed by comparison of transcriptomic responses to the root exudates of tomato and maize

Plants influence their root microbiota by secreting a blend of compounds into the rhizosphere. The composition of root exudates depends on the plant's genotype and its current physiological state, leading to variability among the root communities. Despite this selective effect, *Pseudomonas* bacteria are able to thrive on different plant hosts. This is attributed to their metabolic flexibility but the particular metabolic adaptations that are required in a given context of plant-microbe interaction are unknown. In this study, we obtained transcriptomic profiles of strain *Pseudomonas donghuensis* P482 grown *in vitro* in the presence of exudates of two distinct plant hosts: tomato and maize, both of which are colonized by the bacterium. Downstream analysis of RNAseq data enabled us to identify genes of the differentiating and shared responses of P482 to compounds derived from the two hosts. Additionally, we have determined the composition of the tested exudates using GC-MS and LC-SRM. Overall, our results provide insight into metabolic pathways involved in host adaptation in promiscuous root-colonizing pseudomonads.

Research funded by National Science Centre, grant no. 2017/25/B/NZ9/00513 to S.J.

Metataksonomiczna analiza składu populacji bakterii i grzybów w powietrzu stajni na tropie czynników sprawczych nawracającej choroby obturacyjnej u koni

Anna Lenart-Boroń¹, Klaudia Kulik¹, Marek Tischner²

¹Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Wydział Rolniczo-Ekonomiczny, Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie;

²Katedra Rozrodu, Anatomii i Genomiki Zwierząt, Przychodnia Weterynaryjna „Uniwersytecka”, Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt, Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie

Coraz częściej diagnozowana nawracająca choroba obturacyjna u koni (RAO) spowodowała konieczność poszukiwania czynników sprawczych tej choroby i metod jej zwalczania. Opisywane badania przeprowadzono w jednej ze stajni w Krakowie, gdzie wystąpiło kilka przypadków śmierci koni z powodu RAO. Sekwencjonowaniu nowej generacji NGS poddano DNA wyizolowane z filtra HEPA. Badanie składu populacji bakterii i grzybów oparto odpowiednio o sekwencje regionu hiperzmiennego V3-V4 16S rDNA i regionu ITS. Wśród 10 najczęstszych rodzajów bakterii stwierdzono *Cellulosimicrobium*, jeden z czynników sprawczych zapalenia łożyska u koni, a także dwa potencjalne patogeny: *Corynebacterium* i *Stenotrophomonas*. Pozostałe taksony bakteryjne należały do typowej mikrobioty koni lub bakterii glebowych. Trzy najczęstsze gatunki grzybów to: *Wallemia sebi*, *Aspergillus penicillioides* i *Epicoccum nigrum*, wysoce uczulające gatunki, mogące wywoływać RAO. Zarodniki tych grzybów są niezwykle drobne i mogą wnikać bardzo głęboko do układu oddechowego.

Metataxonomic analysis of airborne bacterial and fungal population in a horse stable onto identification of causal agents of recurrent airway disease in horses

Exposure to bioaerosols associated with horse stable indoor environment and their health effects on people and horses has recently become of particular interest. Moreover, increasing frequency of recurrent airway disease (RAO) among horses made it necessary to search for the most probable causal agents of this disease and methods of their eradication. The study was conducted in a horse stable in Kraków, where incidents of death due to RAO occurred. Next generation sequencing was performed on the DNA extracted from a HEPA filter. V3-V4 hypervariable region of 16S rDNA and ITS region were used to determine the bacterial and fungal community composition, respectively. The ten most prevalent bacterial genera included *Cellulosimicrobium*, a horse placentitis causal agent and two potentially pathogenic *Corynebacterium* and *Stenotrophomonas*. Other taxa belonged to either typical horse microbiota or soil-associated bacteria. The three most prevalent fungal species were *Wallemia sebi*, *Aspergillus penicillioides*, and *Epicoccum nigrum*, highly allergenic and potentially involved in the occurrence of RAO in horses. Spores of the detected fungi can penetrate deeply into the respiratory system.

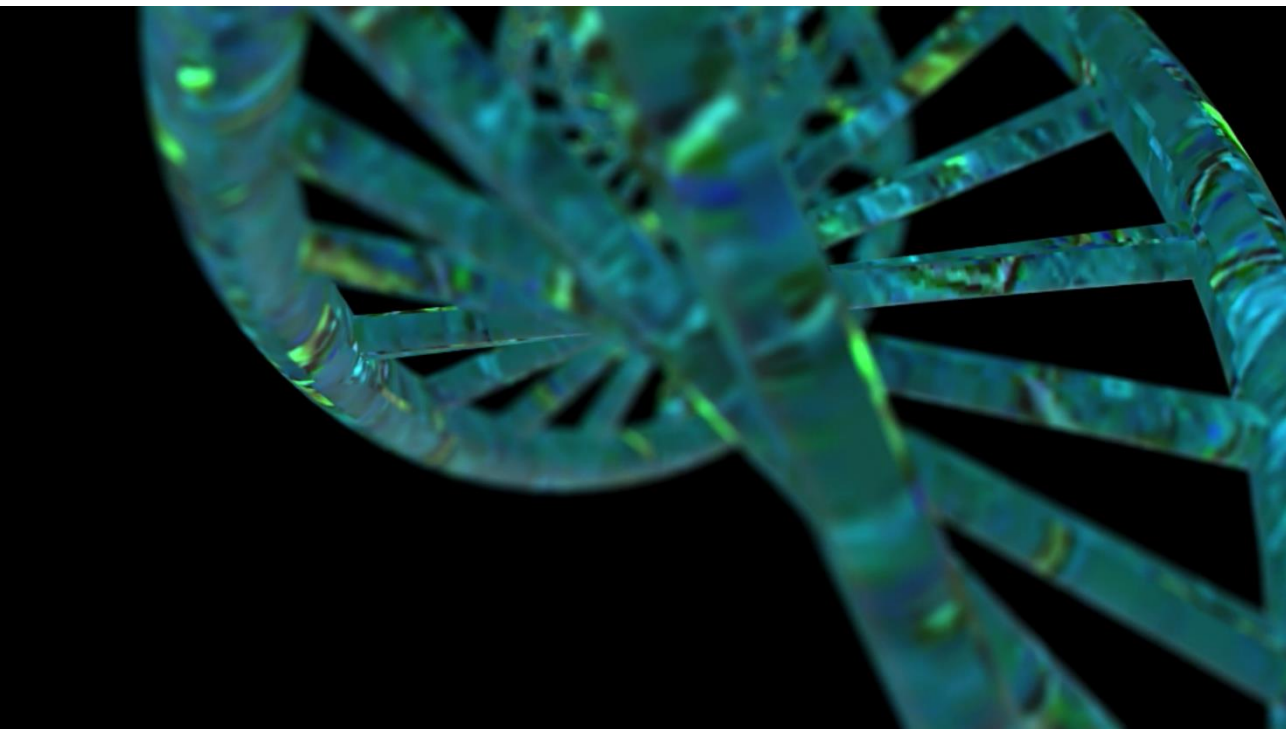
SESJA IV

METAGENOMIKA APLIKACYJNA – ZASTOSOWANIE I ZNACZENIE METAGENOMIKI W BIOTECHNOLOGII, BIOLOGICZNEJ OCHRONIE ROŚLIN ORAZ MONITORINGU JAKOŚCI ŚRODOWISKA

Prowadzący:

prof. dr hab. Katarzyna Turnau (Uniwersytet Jagielloński, Kraków)

prof. dr hab. Jerzy Długoński (Uniwersytet Łódzki)



WYKŁAD PLENARNY

Dobroczynne bakterie poprawiające kondycję roślin - strategie biologicznego zwalczania bakteryjnych patogenów

Sylwia Jafra¹, Dorota M. Krzyżanowska¹, Tomasz Maciąg¹, Robert Czajkowski²

¹Zakład Mikrobiologii Roślin, Międzyuczelniany, ²Zakład Badania Związków Biologicznie Czynnych, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, Uniwersytet Gdański

Ryzofera jest miejscem dużej aktywności mikroorganizmów. Bakterie konkurują o składniki odżywcze i nisze, wytwarzając różne metabolity wtórne o aktywności przeciwdrobnoustrojowej np. antybiotyki, biosurfaktanty, lotne związki organiczne czy siderofory. Wykorzystanie dobroczynnych dla roślin bakterii może być potencjalnie obiecującą strategią ochrony roślin przed patogenami, zarówno podczas wzrostu roślin, jak i przechowywania plonów. Fitopatogeny bakteryjne należące do *Soft Rot Pectobacteriaceae* (SPR: pektynolityczne *Dickeya* spp. i *Pectobacterium* spp.) są czynnikami sprawczymi mokrej zgnilizny bulw ziemniaka podczas przechowywania oraz choroby „czarnej nóżki” (więdnięcia naczyniowego łodyg) podczas uprawy polowej. Do tej pory w rolnictwie nie uzyskano skutecznych środków ochrony roślin przed pektynolitycznymi bakteriami z rodzajów *Dickeya* i *Pectobacterium*. Dlatego podjęliśmy próbę opracowania mieszaniny szczepów bakterii pochodzących z ryzofer różnych roślin i zdolnych do ochrony bulw ziemniaka przed działaniem SRP. Uzyskaliśmy aktywną mieszaninę pięciu szczepów, określoną mianem „Wielka Piątka” (WP). WP obejmuje różne gatunki bakterii i może chronić bulwy ziemniaka przed szczepami SRP (należącymi do 5 różnych gatunków) w warunkach przechowywania. W dalszych etapach mieszanina i poszczególne szczepy WP zostały przebadane pod kątem efektywności działania, bezpieczeństwa i stabilności półkowej otrzymanej formulacji.

Beneficial bacteria that improve the plants' fitness - strategies of biological control of bacterial pathogens

A plant rhizosphere is a place of the high activity of microorganisms. Bacteria compete for nutrients and niches, producing a broad range of secondary metabolites, e.g., antibiotics, toxins, biosurfactants, cyclic-lipopeptides, volatile organic compounds, and siderophores. Deploying plant-beneficial bacteria is potentially a promising strategy to protect plants against pathogens during plant growth and crop storage. Soft Rot *Pectobacteriaceae* (SPRs: pectinolytic *Dickeya* spp. and *Pectobacterium* spp.) are causative agents of soft rot of potato tubers during storage and blackleg diseases during the field growth of potatoes. Till now, there have been no effective means of crop protection against pectinolytic *Dickeya* and *Pectobacterium* in agriculture. Therefore, we attempted to develop a mixture of plant-associated bacteria capable of protecting potato tubers against the activity of SRP. Successful mixture designated GF (*The Great Five*) comprises various bacterial species and can protect potato tubers against SRP under storage conditions. The mixture and individual WP strains were tested for effectiveness, safety, and shelf stability in the following steps.

Research funded by the National Centre for Research and Development, grant LIDER VI no. 450/L-6/14/NCBR/2015 (PATBIOCON) to R.C.

REFERAT ZAPROSZONY

Metagenomika i metabolomika w ocenie biodeterioracji i zagrożeń biologicznych

Justyna Szulc¹, Beata Gutarowska¹, Tomasz Ruman³

¹ Politechnika Łódzka, ² Politechnika Rzeszowska,

Techniki *omiczne* (ang. „-omics”) należące do metod biologii i chemii systemowej (systemomiki, biomiki), stwarzają nowe perspektywy w badaniach naukowych. W obecnej pracy analizy metagenomowe (wysokoprzepustowe sekwencjonowanie na platformie Illumina MiSeq) oraz metabolomowe (metody laserowej spektrometrii mas – ¹⁰⁹AgNPs, AgNPs i AuNPs SALDI-ToF-MS odpowiednio: spektrometria mas wspomagana powierzchniowo desorpcja laserowa/ionizacja wykorzystująca monoizotopowe srebro lub nanocząstki srebra i złota z analizatorem czasu przelotu oraz LARESI MSI - obrazowanie spektrometrią mas ze zdalną laserową jonizacją ablacją i elektrorozpyleniem) wykorzystano w badaniach obiektów zabytkowych (papier, fotografie, jedwab, pieczęcie), materiałów budowlanych (płyta kartonowo-gipsowa), materiałów roślinnych (ziarno orkiszu), pyłu gleby i odcieków z oczyszczalni ścieków i składowisk odpadów.

Wykazano, że techniki omiczne są odpowiednimi narzędziami do oceny mechanizmów biodeterioracji i zagrożenia toksykologicznego próbek środowiskowych dostarczając informacji na temat rodzajów mikroorganizmów, ich pierwotnych i wtórnych metabolitów (w tym mikotoksyn) oraz ich rozkładu przestrzennego na materiale technicznym.

Metagenomics and metabolomics in the assessment of biodeterioration and biological hazards

*Omic*s techniques (“-omics”), belonging to the methods of biology and system chemistry (systemomics, biomics), create new perspectives in scientific research.

In the current work, metagenomic (high-throughput sequencing on the Illumina MiSeq platform) and metabolomic (laser mass spectrometry methods - ¹⁰⁹AgNPs, AgNPs and AuNPs SALDI-ToF-MS, respectively: monoisotopic silver/silver/gold nanoparticle-enhanced target surface-assisted laser desorption/ionisation mass spectrometry and LARESI MSI - laser ablation-remote-electrospray ionisation mass spectrometry imaging) analysis were used in the study of historic objects (paper, photographs, silk, seals), building materials (cardboard gypsum board), plant materials (spelt grain), dust soil and leachate from sewage treatment plants and landfills.

*Omic*s techniques have been shown to be suitable tools for the assessment of biodeterioration mechanisms and toxicological risk of environmental samples, providing information on the types of microorganisms, their primary and secondary metabolites (including mycotoxins) and their spatial distribution.

Ulepszone technologie bio-inokulacji i ściółkowania żywymi roślinami dla upraw integrowanych i ekologicznych – projekt BioHortiTech

Magdalena Szczech, Beata Kowalska

Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy w Skierniewicach

Projekt BioHortiTech ma na celu wprowadzenie w ogrodnictwie nowych technologii, opartych na zastosowaniu innowacyjnych formułacji bio-inokulów i żywych ściółek w uprawach roślin sadowniczych i warzywnych. Planowane jest zintegrowanie działania mikroorganizmów, olejków eterycznych i roślin zielnych (żywe ściółki) dla poprawy wzrostu, ochrony i zwiększenia bioróżnorodności w uprawach. Badania interdyscyplinarne obejmują międzynarodową współpracę pomiędzy ekspertami z dziedziny biotechnologii, chemii, mikrobiologii, ochrony roślin i uprawy.

Głównymi celami projektu są: (i) poprawa techniki formułacji i efektywności bio-inokulów zawierających mikroorganizmy lub olejki eteryczne; (ii) poszerzenie wiedzy na temat dynamiki ekologicznej mikroorganizmów używanych w preparatach; (iii) zwiększanie bioróżnorodności poprzez wprowadzanie do upraw roślin zielnych jako „żywe ściółki”; (iv) ocena możliwości integracji bio-inokulów oraz żywych ściółek w uprawach ogrodniczych.

Projekt finansowany przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu SusCrop ERA-NET, wspólnej inicjatywy programowej w zakresie rolnictwa, bezpieczeństwa żywnościowego i zmian klimatycznych (FACCE-JPI)

Improved bio-inocula and living mulching technologies for integrated and organic management of horticultural crops – BioHortiTech project

The BioHortiTech project aims to introduce new technologies in horticulture, based on the use of innovative formulations of bio-inoculums and living mulches in fruit and vegetable crops. It is planned to integrate the action of micro-organisms, essential oils and herbal plants (living mulches) for improved growth, protection and increased biodiversity in crops. The interdisciplinary research involves international collaboration between experts in biotechnology, chemistry, microbiology, plant protection and crop science.

The main objectives of the project are: (i) to improve the formulation technique and effectiveness of bio-inoculums containing microorganisms or essential oils; (ii) to increase knowledge of the ecological dynamics of the microorganisms used in the formulations; (iii) to increase biodiversity by introducing herbaceous plants into crops as 'living mulches'; (iv) to assess the feasibility of integrating bio-inoculums and living mulches in horticultural crops.

Project funded by the National Centre for Research and Development under the SusCrop ERA-NET programme, a joint programme initiative on agriculture, food security and climate change (FACCE-JPI)

Genom *Kazachstania humilis* MAW1, szczepu nie pochodzącego z zakwasów, w kontekście jego właściwości antybakteryjnych

Damian Mielecki^{1,2}, Anna Detman¹, Tamara Aleksandrak-Piekarczyk¹, Aleksandra Chojnacka³, Anna Sikora¹

¹Institut Biochemii i Biofizyki PAN, ²Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego, ³Institut Biologii Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa

Intensywne badania genomyczne ostatnich lat doprowadziły do zmian w taksonomii drożdży. W obrębie rodzajów *Kazachstania* i *Candida*, gatunek *Candida humilis* został reklasyfikowany do *Kazachstania humilis*. *K. humilis* jest uważana za gatunek specyficzny dla zakwasów i naturalnie fermentowanej żywności. Nie było też doniesień o aktywności przeciwbakteryjnej *K. humilis*. Poprzednio z bioreaktorów ciemnej fermentacji wyizolowaliśmy szczep drożdżowy hamujący proces produkcji wodoru. Wykorzystując techniki wysokoprzepustowego sekwencjonowania, zsekwencjonowaliśmy jego genom. Jest to pierwszy zsekwencjonowany genom *K. humilis* nie pochodzący z fermentowanej żywności. Metodą mikromacierzy fenotypowych BIOLOG określono wykorzystywane źródła węgla oraz wpływ różnych warunków stresowych na wzrost izolatu. Wykazaliśmy, że aktywność antybakteryjna *K. humilis* MAW1 hodowanej w środowisku kwaśnym wynika z zaburzenia podziału komórki bakteryjnej i tworzenia filamentów. W warunkach neutralnych obserwowano stymulację wzrostu bakterii przez *K. humilis* MAW1. Przedstawiliśmy szeroki przegląd genów drożdży kodujących przypuszczalne toksyny antybakteryjne i analizowaliśmy genom *K. humilis* MAW1 pod kątem ich obecności. Potwierdziliśmy obecność genów kodujących 1,3-β-glikozydazę oraz inhibitor syntezy 1,3-β-glukanu. Wyniki przyczyniają się do zrozumienia interakcji bakterie-drożdże.

Źródło finansowania: BIOSTRATEG2/297310/13/NCBiR/2016

The genome of non-sourdough-derived *Kazachstania humilis* MAW1 strain in the context of its antibacterial properties

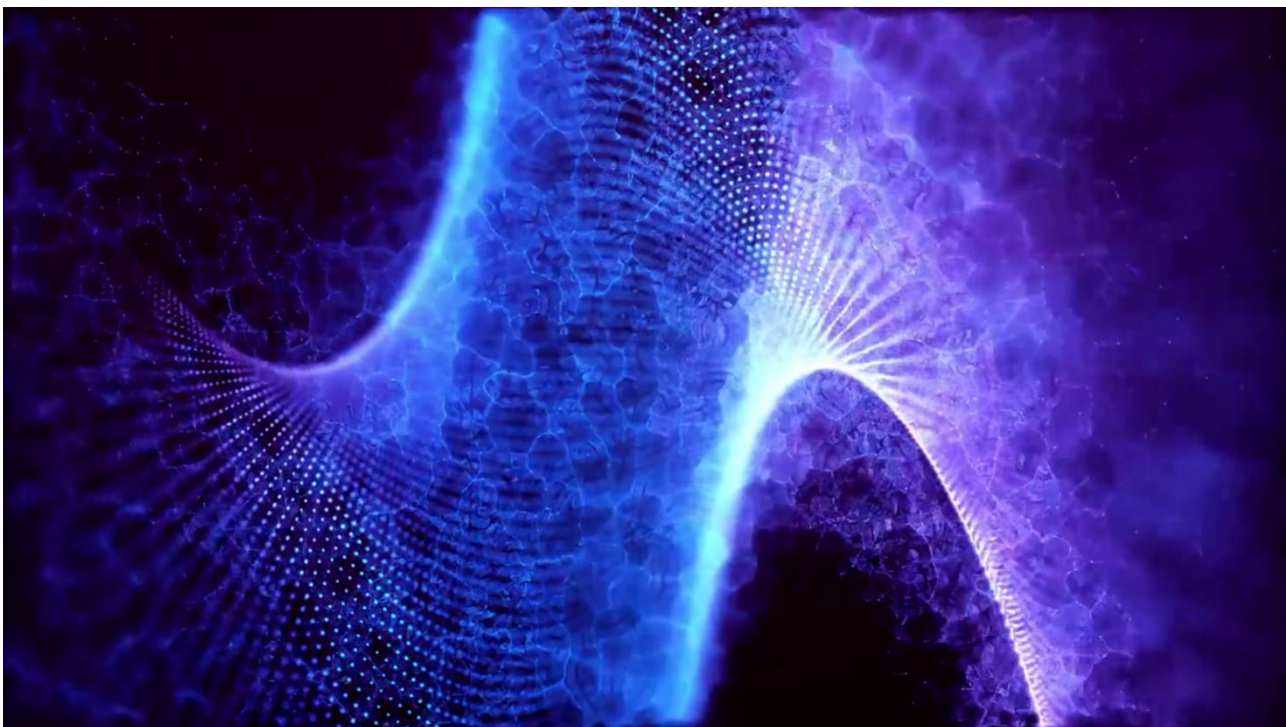
Recent intensive genomic research led to the more monophyletic yeasts taxonomy. Until now, *Kazachstania humilis* (previously *Candida humilis*) was regarded as a sourdough-specific with no antibacterial activity. Previously, we isolated a yeast strain that impaired bio-hydrogen production in a dark fermentation bioreactor. Here, using next-generation sequencing, we sequenced the genome of this strain, *K. humilis* MAW1. This is the first sequenced genome of *K. humilis* not originating from fermented food. We show that the antibacterial activity of *K. humilis* MAW1 grown in acidic medium results from the disturbance of bacterial cell division, manifested by filament formation. Under neutral conditions, stimulation of bacterial growth was observed. To gain a greater understanding of bacteria-yeast interactions, we analyzed the *K. humilis* MAW1 genome to identify factors with putative toxic activity against bacteria. The resulting panel of genes included those encoding 1,3-β-glucan glycosidase and a 1,3-β-glucan synthesis inhibitor. This strain was examined by global phenotypic profiling, BIOLOG, including carbon sources utilized and the influence of different stress conditions on growth. The results contributed to understanding the bacteria-yeast interactions puzzle.

SESJA *Pico* PREZENTACJI

Prowadzący:

dr hab. Anna Pawlik (Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie)

dr hab. Sylwia Różalska, prof. uczelni (Uniwersytet Łódzki)



Plazmidowe białka efektorowe jako hipotetyczne czynniki wirulencji bakterii *Legionella lytica*

Jakub Wysokiński, Piotr Koper, Andrzej Mazur

Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

Legionelle są to wewnątrzkomórkowe gram-ujemne pasożyty. Wykazują one zdolność namnażania się w słodkowodnych pierwotniakach oraz ludzkich makrofagach, co prowadzi do rozwoju ciężkiego zapalenia płuc, zwanego legionellozą. Wirulencja tych bakterii jest w dużej mierze uwarunkowana poprzez aktywność zakodowanych w ich genomach tzw. białek efektorowych. Translokacja efektorów do komórek gospodarza odbywa się poprzez system sekrecji typu IV Dot/Icm i umożliwia manipulowanie procesami zachodzącymi w tych komórkach. Jednym ze słabo poznanych gatunków jest *Legionella lytica*, wyizolowany z ameb glebowych i różniący się pod wieloma względami od pozostałych, m.in. sposobem namnażania się bezpośrednio w cytoplazmie gospodarza, zamiast w specjalnych wakuolach. Genom *L. lytica* koduje liczne hipotetyczne białka efektorowe, w tym 19 zakodowanych na plazmidach, które mogą być substratem dla systemu sekrecji Dot/Icm. Komputerowa analiza sekwencji plazmidowych efektorów *L. lytica* wykazała ich duże zróżnicowanie strukturalne i funkcjonalne. Zdolność translokacji do komórek eukariotycznych wytypowanych białek efektorowych zostanie sprawdzona eksperymentalnie, z wykorzystaniem fuzji genowych z genem reporterowym *cya*.

Plasmid encoded effector proteins as hypothetical virulence factors of *Legionella lytica*

Legionellae are intracellular gram-negative parasites. They are capable of replicating in freshwater protozoa and human macrophages, leading to the development of severe pneumonia known as legionellosis. The virulence of these bacteria is largely determined by the activity of the so-called effector proteins encoded in their genomes. Translocation of effectors into host cells occurs through the type IV Dot/Icm secretion system, and allows for the manipulation of cellular processes. One of the poorly known species is *Legionella lytica*, isolated from soil amoebae, which differs from the others, e.g. with respect to the replication mode occurring directly in the host cell cytoplasm instead of special vacuoles. The *L. lytica* genome encodes numerous hypothetical effector proteins, including 19 encoded by plasmids, which can be substrates for the Dot/Icm secretion system. *In silico* analysis of plasmid encoded effector revealed their significant structural and functional divergences. Ability of translocation of selected effector proteins into the host cells will be verified experimentally with *cya* gene fusion approach.

Metagenomiczna charakterystyka biofilmów ścian w dojrzewalniach serów długo-dojrzewających i pleśniowych (Spizarnia Hrabiny Potulickiej)

Katarzyna Kagan¹, Agnieszka Kuźniar¹, Jacek Podlewski²,
Agnieszka Wolińska¹

¹Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów,
ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin, e-mail: kat.kagan99@gmail.com

²Fundacja Potulicka, Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

Celem pracy była identyfikacja autochtonicznej mikrobioty (bakterie i grzyby) obecnej na ceglanych ścianach i sufitach piwnicy dużej (PD) i małej (PM), pełniących rolę dojrzewalni serów długo-dojrzewających oraz pleśniowych (Spizarnia Hrabiny Potulickiej, Ślesin, woj. kujawsko-pomorskie). W celu określenia bioróżnorodności badanych biofilmów zastosowano wysokoprzepustowe sekwencjonowanie następnej generacji (MiSeq Illumina, Genomed S.A. Warszawa) ampikonów genu 16S rRNA (bakterie) oraz ITS (grzyby). Analizę bioinformatyczną wykonano z wykorzystaniem oprogramowania MiSeq Reporter (MSR) v2.6 oraz QIIME 2 w oparciu o bazę sekwencji referencyjnych Silva 138 oraz UNITE v8.2.

Do mikrobioty bakteryjnej dominującej w strukturze biofilmów zaliczono: Actinobacteriota (*Pseudonocardia*, *Amycolaptosis*, *Rubrobacter*), Proteobacteria (*Nitrosospira*, *Salinisphaera*), Firmicutes (*Bacillus*, *Lactococcus*) oraz Bacteroidota. W strukturze mykobioty dominowały grzyby należące do Ascomycota (*Parengyodontium*, *Lecanicillium* i *Debaryomyces*) oraz Basidomycota. (*Cutaneotrichosporon* *Trichosporon*, *Apiotrichum*).

Praca finansowana ze środków Fundacji Potulickiej w Wojnowie (UKDKW/2021.01/2)

Metagenomic characterization of wall biofilms in ripenings of long-ripened and moldy cheeses (Countess Potulicka's Pantry)

The aim of the study was to identify the autochthonous microbiota (bacteria and fungi) existing on the brick walls and ceilings of the large basement (PD) and small basement (PM), serving as a maturation room for long-ripened and molded cheeses (Countess Potulicka's Pantry, Ślesin, Kujawsko-Pomorskie voivodeship). High-throughput next-generation sequencing (MiSeq Illumina, Genomed S.A. Warsaw) of 16S rRNA gene (bacteria) and ITS (fungi) amplicons was used to determine biodiversity of the biofilms studied. Bioinformatics analysis was performed using MiSeq Reporter (MSR) v2.6 and QIIME 2 software based on Silva 138 and UNITE v8.2 reference sequence database.

The dominant bacterial microbiota in the biofilm structure included: Actinobacteriota (*Pseudonocardia*, *Amycolaptosis*, *Rubrobacter*), Proteobacteria (*Nitrosospira*, *Salinisphaera*), Firmicutes (*Bacillus*, *Lactococcus*) and Bacteroidota. The structure of the mycobiome was dominated by fungi belonging to the Ascomycota (*Parengyodontium*, *Lecanicillium* and *Debaryomyces*) and Basidomycota. (*Cutaneotrichosporon* *Trichosporon*, *Apiotrichum*).

Metataksonomia i lekooporność bakterii w sztucznym śniegu produkowanym z wód o różnym stopniu zanieczyszczenia

Klaudia Kulik¹, Anna Lenart-Boroń¹

¹Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Wydział Rolniczo-Ekonomiczny, Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie

Wody powierzchniowe są korzystnym siedliskiem zarówno dla bakterii chorobotwórczych, jak i dla rozprzestrzeniania się genów lekooporności między mikroorganizmami. Produkcja sztucznego śniegu jest jednym ze sposobów wykorzystania zasobów wodnych na terenach górskich. Wiąże się to z rosnącą popularnością regionów górskich oraz stale rozwijającą się infrastrukturą ośrodków narciarskich, które przyciągają coraz większą grupę turystów. Badania przeprowadzono w sezonie zimowym w trzech stacjach narciarskich na południu Polski. Do określenia składu taksonomicznego zbiorowisk bakteryjnych w próbkach sztucznego śniegu i wód użytych do jego produkcji wykorzystano sekwencjonowanie NGS hiperrzmiennego regionu V3-V4 podjednostki 16S rRNA. Technika PCR zidentyfikowano geny warunkujące bakteryjne mechanizmy lekooporności w badanych miejscach. Najczęstszymi rodzajami bakterii występującymi w próbkach wody były: *Rhodococcus*, *Pseudarthrobacter* (próbka nr 1), *Escherichia* (nr 2), *Flavobacterium*, *Rhodoferax* (nr 3). Odpowiednio w próbkach śniegu były to: *Atopococcus*, *Rhodococcus* (próbka nr 1), *Escherichia*, *Propionibacterium* (nr 2), *Escherichia*, *Staphylococcus* (nr 3). Zarówno w próbkach sztucznego śniegu jak i wody wykryto geny kodujące mechanizmy lekooporności typu ESBL (*bla*TEM, *bla*CTX-M) oraz MLSb (*ermB*, *ereA*, *msrA*, *msrB*, *lnu*, *vga*).

Metataxonomics and drug resistance of bacteria in artificial snow produced from waters with different degrees of pollution

Surface water is a favorable habitat for both microorganisms, including pathogenic bacteria, and for the spread of drug resistance genes between them. Artificial snow production is among the water resources use in mountain areas. It is due to increasing popularity of mountain regions and constantly developing ski stations, which encourage the growing group of tourists to visit these places. This research was carried out in the winter season at three ski stations in southern Poland. Next Generation Sequencing of V3-V4 hypervariable region of 16S rRNA was used to determine the taxonomic composition of bacterial communities in artificial snow and water used for its production. PCR was used to identify the genes responsible for bacterial drug resistance in the same sites. The most common genera found in water samples were: *Rhodococcus*, *Pseudarthrobacter* (sample No. 1), *Escherichia* (No. 2), *Flavobacterium*, *Rhodoferax* (No. 3). In the snow they were: *Atopococcus*, *Rhodococcus* (sample No. 1), *Escherichia*, *Propionibacterium* (No. 2), *Escherichia*, *Staphylococcus* (No. 3), respectively. Genes encoding drug resistance mechanisms such as ESBL (*bla*TEM, *bla*CTX-M) and MLSb (*ermB*, *ereA*, *msrA*, *msrB*, *lnu*, *vga*) were detected in both artificial snow and water samples.

Przyspieszenie wzrostu kapust w uprawie szklarniowej, z zastosowaniem innowacyjnego inokulum bakteryjnego

Maciej Gustab^{1,2}, Rafał Ważny¹, Roman J. Jędrzejczyk¹, Andrzej Kalisz³, Agnieszka Domka^{1,4}, Michał Nosek⁵, Krzysztof Tokarz³, Piotr Rozpądek¹

¹Małopolskie Centrum Biotechnologii Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie,
Gronostajowa 7a, 30-387 Kraków

²Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie,
S. Łojasiewicza 11, 30-348 Kraków

³Wydział Biotechnologii i Ogrodnictwa, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Al. 29 Listopada 54,
31-425 Kraków

⁴Instytut Botaniki im. Władysława Szafera, Polska Akademia Nauk, Lubicz 46, 31-512 Kraków

⁵Instytut Biologii i Nauk o Ziemi, Uniwersytet Pedagogiczny im. Komisji Edukacji Narodowej
w Krakowie, Podchorążych 2, 30-084 Kraków

Warzywa z rodzaju *Brassica* (kapusta) stanowią cenne źródło pokarmu dla ludzkości. Obecnie istotne staje się poszukiwanie nowych, tanich i przyjaznych środowisku metod uprawy roślin, a jedną z nich może być biotyżacja upraw z wykorzystaniem mikroorganizmów (grzybów, bakterii). W naszych badaniach testowaliśmy kilka wielogatunkowych inokulum w uprawie wybranych roślin z rodzin *Brassicaceae* oraz *Asteraceae*. Wszystkie wykorzystane mikroorganizmy wyizolowano z *Arabidopsis arenosa*. W pierwszym etapie przetestowano kilka inokulum w uprawie komorowej wybranych roślin z rodzaju kapusta, sałata oraz rukoli. Z testowanych inokulum, jedno (T4) znacząco zwiększyło świeżą masę pędów większości kapust. W następnym etapie przebadano T4 w uprawie szklarniowej na dużą skalę. Wyniki potwierdziły pozytywny wpływ biotyżacji na wzrost rozsady kapust. Co ważne, opracowane inokulum zwiększyło masę roślin równie skutecznie jak syntetyczne nawozy. Żadne z testowanych inokulum nie poprawiło wzrostu rukoli ani sałaty.

Badania sfinansowano z grantu nr. 2019/33/B/NZ9/01372 przyznanego przez Narodowe Centrum Nauki w Polsce.

Beneficial impact of multi-bacterial inoculation on growth of *Brassica* seedlings in a greenhouse culture

Vegetables of *Brassica* are a valuable source of food for humanity. Nowadays, it is becoming important to look for new, low-cost and eco-friendly methods of plant cultivation. One idea might be crop biotisation with microorganisms (fungi, bacteria). In our study, we tested several multi-species inocula in the cultivation of selected plants from the *Brassicaceae* and *Asteraceae* families. All microorganisms used were isolated from *Arabidopsis arenosa*. In a first stage experiment, several inocula were tested in the growth chamber cultivation of *Eruca* and selected *Brassica* and *Lactuca* cultivars. One inoculum (T4) tested, significantly increased the fresh shoot weight of most *Brassica* plants. In the next step, T4 was tested in large-scale greenhouse cultivation. The results confirmed the positive effect of biotisation on the growth of *Brassica* seedlings. What is important, the inoculation increased plant weight as effectively as synthetic fertilisers. None of the inocula tested improved the growth of *Eruca* and *Lactuca*.

Struktura mikrobiomu w produkcji biopolimeru PHA z metanu

Aleksandra Gęsicka¹, Natalia Gutowska¹, Piotr Oleśkowicz-Popiel¹, Mateusz Łężyk¹

¹ Zakład Zaopatrzenia w Wodę i Biogospodarki, Wydział Inżynierii Środowiska i Energetyki.
Politechnika Poznańska

Mieszane kultury bakterii mogą być wykorzystywane do przetwarzania metanu do bardziej atrakcyjnych produktów takich jak biopolimery w postaci polihydroksyalkanianów (PHA). Na zdolność mieszanej kultury do przetwarzania metanu wpływa obecność bakterii metanotroficznych, które mają zdolność do bezpośredniej utylizacji metanu jako jedyne źródła węgla. W warunkach ograniczonej dostępności składników odżywczych niektóre grupy bakterii akumulują dostępny węgiel w postaci granul PHA. W zależności od rodzaju, metanotrofy są zdolne do akumulacji PHA (np. *Methylocystis* sp.) lub poprzez dostarczanie innym bakteriom w kulturze węgla pochodzącego z konwersji metanu przyczyniają się do akumulacji PHA przez inne grupy bakterii. Hodowle mieszanych kultur metanotroficznych uzyskanych z różnych środowisk wykorzystano do produkcji kopolimeru PHA (poli(3-hydroksymaślan-co-3-hydroksywalerian - PHBV) w różnych stężeniach metanu (10-50%) i zbadano wpływ stosunku metanu do powietrza na strukturę mikrobiomu i produkcję polimeru.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu nr 2019/35/D/ST8/03530, program SONATA15.

Microbiome structure in PHA biopolymer production from methane

Mixed cultures of bacteria can be used to convert methane into more attractive products such as biopolymers in the form of polyhydroxyalkanoates (PHA). The ability of mixed cultures to convert methane depends on the presence of methanotrophic bacteria, which are capable of direct methane utilization as the sole carbon source. Under nutrient-limited conditions, some groups of bacteria accumulate available carbon in the form of PHA granules. Depending on the type, methanotrophs are capable of PHA accumulation (e.g. *Methylocystis* sp.) or by providing methane-derived carbon to other bacteria in the culture, contribute to PHA accumulation by other bacterial groups. Mixed cultures of methanotrophic cultures obtained from different environments were used to produce a PHA copolymer (poly(3-hydroxybutyrate-co-3-hydroxyvalerate - PHBV) at different methane concentrations (10-50%), and the effect of the methane to air ratio on the microbiome structure and polymer production was investigated.

The research was financed by National Science Centre in Poland according to UMO-2019/35/D/ST8/03530 agreement within SONATA15 programme framework.

Analiza mikrobiomu borowiny leczniczej wydobywanej w Uzdrawisku Kołobrzeg

Anna Wierzbicka-Woś¹, Alicja Trzeciak-Ryczek², Danuta Cembrowska-Lech^{1,2}

¹ Sanprobi Sp. z o. o. Sp. k.

² Uniwersytet Szczeciński, Instytut Biologii

Borowina jest rodzajem torfu sklasyfikowanego jako peloid leczniczy. Surowiec ten powstaje w wyniku humifikacji masy organicznej roślin torfotwórczych, z udziałem enzymów mikroorganizmów glebowych i enzymów zawartych w materiale roślinnym, przy ograniczonym dostępie tlenu oraz dużym udziale wody. Proces ten zachodzi nieprzerwanie i postępuje od powierzchni torfowiska z wydajnością 0.5 – 20 mm torfu rocznie. Wpływ terapeutyczny borowiny został naukowo udokumentowany wieloma publikacjami. Wykazano, że ma ona istotne właściwości m.in. regeneracyjne, przeciwzapalne, przeciwobrzękowe, bakteriostatyczne, bakteriobójcze, hormonalne, enzymatyczne, a także immunomodulacyjne, dlatego też wykorzystywana jest w wielu ośrodkach SPA i uzdrowiskach do zabiegów. Pomimo dobrze poznanych właściwości tego surowca, niewiele jest danych na temat bioróżnorodności mikrobiomu oraz charakterystyki związków bioaktywnych pochodzenia mikrobiologicznego, wpływających na te właściwości.

Celem projektu była analiza bioróżnorodności mikrobiologicznej borowiny ze złoża „Kołobrzeg”, wykorzystująca podejście metagenomiczne oraz sekwencjonowanie nowej generacji (NGS), aby lepiej poznać udział mikroorganizmów w tworzeniu borowiny leczniczej oraz wpływu mikrobiomu na jej właściwości lecznicze.

Finansowanie NCN MINIATURA 2 2018/02/X/NZ1/01202.

Analysis of the microbiome of therapeutic peat extracted in the Kołobrzeg Health Resort

Therapeutic peat is classified as a type of medical peloid. This raw material is created as a result of humification of the organic mass of peat-forming plants with the participation of enzymes of soil microorganisms and enzymes contained in the plant material, with limited access of oxygen and a large share of water. This process is continuous and proceeds from the surface of the bog with the yield of 0.5 - 20 mm of peat per year. The therapeutic effect of mud has been scientifically documented by many publications. It has been shown to have important properties, including regenerative, anti-inflammatory, anti-edematous, bacteriostatic, bactericidal, hormonal, enzymatic and immunomodulatory, which is why it is used in many SPA centers and health resorts for pelotherapy treatments. Despite the well-known properties of this raw material, there is little data on the biodiversity of the microbiome and the characteristics of bioactive compounds of microbial origin affecting these properties.

The aim of the project was to analyze the microbial biodiversity of the therapeutic peat from the "Kołobrzeg" deposit using a metagenomic approach and next generation sequencing (NGS) to better understand the participation of microorganisms in the formation of therapeutic mud and the impact of the microbiome on its healing properties.

Financial support NCN MINIATURA 2 2018/02/X/NZ1/01202.

Wpływ biostymulatorów z rodzaju benzotiadiazoli na przebieg infekcji wirusa mozaiki pomidora (ToMV) oraz wirusa ziemniaka Y (PVY) w roślinach pomidora

Patryk Frąckowiak¹, Laura Kunz², Antje Dittmann², Aleksandra Obrępańska-Stęplowska²,

¹ Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Poznaniu

² Centrum Genomiki Funkcjonalnej w Zurychu

Uprawy pomidora narażone są na różne niebezpieczeństwa, m. in. wirusy mozaiki pomidora (ToMV) czy ziemniaka typu Y (PVY). Aktualnie nie istnieje środek ochrony roślin o charakterze przeciwwirusowym. Alternatywą mogą okazać się biostymulatory (zwane również induktorami odporności), które zwiększają ekspresję genów związanych z odpowiedzią obronną roślin, przygotowując je na kontakt z patogenem.

Celem niniejszej pracy była analiza zmian w proteomie roślin pomidora traktowanych induktorem BTH oraz jego pochodną, cholinową cieczą jonową (Chol-BTH), na odpowiedź obronną roślin pomidora w trakcie infekcji wirusami ToMV oraz PVY. Znacząca ilość wysoko indukowanych białek w roślinach traktowanych biostymulatorami została przypisana do procesów obronnych oraz procesów oksydoredukcyjnych, z kolei obniżony poziom białek obserwowano dla procesów związanych z modyfikacjami ściany komórkowej oraz chloroplastami. Prewencyjna aplikacja testowanych induktorów może przyczynić się do ograniczenia strat powodowanych przez badane wirusy.

Badania współfinansowane z grantu EPIC-XS o nr. (EPIC-XS-0000128), związany z Europejskim grantem Horyzont 2020 (<https://epic-xs.eu/about-2/>) oraz programem statutowym IOR-PIB finansowanym przez Ministerstwo Edukacji i Nauki w Polsce (Biotech-01)

Effect of benzothiadiazole biostimulants on the course of infection with tomato mosaic viruses (ToMV) and potato Y virus (PVY) in tomato plants

Tomato crops are exposed to various dangers, including tomato mosaic virus (ToMV) or potato virus Y (PVY). Currently, there is no antiviral plant protection. As an alternative, biostimulants (also known as resistance inducers (RI)) can be used to increase the expression of genes associated with the defense response of plants, preparing them for exposure to the pathogen.

This study aimed to analyze changes in the proteome of tomato plants treated with BTH RI and its derivative, choline ionic liquid (Chol-BTH) during their defense response to infection with ToMV and PVY. A significant number of highly induced proteins were associated with defense and oxidoreductive processes, while reduced protein levels were observed for processes related to cell wall process and chloroplast. Preventive application of tested inducers may help reduce losses caused by the tested viruses.

This work has been supported by EPIC-XS, project number 823839, funded by the Horizon 2020 programme of the European Union and supported by the Ministry of Education and Science in Poland (No. Biotech-01)

Wykorzystanie transkryptomu i proteomu *Cerrena unicolor* do poszukiwania enzymów o potencjalnym znaczeniu biotechnologicznym

Sylwia Stefanek¹ Grzegorz Janusz¹ Andrzej Mazur²

Katedra Biochemii i Biotechnologii, Wydział Biologii i Biotechnologii, Instytut Nauk Biologicznych,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Akademicka 19, 20-033 Lublin

Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Wydział Biologii i Biotechnologii, Instytut Nauk Biologicznych,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Akademicka 19, 20-033 Lublin

Enzymy pochodzenia naturalnego od lat znajdują zastosowania w przemyśle. Niezwykle interesującą grupą enzymów są oksydoreduktazy, otrzymywane z grzybów podstawkowych (*Basidiomycota*). Na szczególną uwagę zasługuje tutaj grzyb białej zgnilizny drewna – *Cerrena unicolor*. Wykonane analizy transkryptomu i proteomu tego organizmu pozwoliły na stwierdzenie obecności licznych genów kodujących enzymy takie jak lakaza czy oksydaza alkoholu aryłowego mogące znaleźć potencjalne zastosowania w przemyśle. Zainteresowanie wzbudza enzym - oksydaza alkoholowa [E.C.1.1.3.13], która ma zdolność do utleniania alkoholi pierwszorzędowych. W związku z tym, że ten enzym wyizolowany z *C. unicolor* wykazuje selektywną aktywność wobec metanolu, a nie etanolu, co daje nadzieje na potencjalne zastosowania w biotechnologii do szybkiego wykrywania obecności tych alkoholi w próbkach. Uzyskane sekwencje mRNA kodujące ten enzym stwarzają możliwości ekspresji heterologicznej tego enzymu w celu intensyfikacji produkcji i ułatwienia izolacji do celów przemysłowych.

The use of *Cerrena unicolor* transcriptome and proteome to search for enzymes of potential biotechnological importance

Sylwia Stefanek¹ Grzegorz Janusz¹ Andrzej Mazur²

Department of Biochemistry and Biotechnology, Faculty of Biology and Biotechnology, Institute of
Biological Sciences, Maria Curie-Skłodowska University, Akademicka 19, 20-033 Lublin

Department of Genetics and Microbiology, Faculty of Biology and Biotechnology, Institute of Biological
Sciences, Maria Curie-Skłodowska University, Akademicka 19, 20-033 Lublin

Enzymes of natural origin have been used in industry for years. An extremely interesting group of enzymes are oxidoreductases obtained from *Basidiomycota*. Particularly noteworthy here is the white wood rot fungus - *Cerrena unicolor*. The analyzes of the transcriptome and proteome of this organism allowed to determine the presence of numerous genes encoding enzymes, such as laccase or aryl alcohol oxidase, which may find potential applications in industry. Of particular interest is the enzyme - alcohol oxidase [E.C.1.1.3.13], which has the ability to oxidize primary alcohols. Due to the fact that this enzyme isolated from *C. unicolor* shows selective activity towards methanol and not ethanol, it gives hope for potential applications in biotechnology for rapid detection of the presence of these alcohols in samples. The obtained mRNA sequences encoding this enzyme create opportunities for heterologous expression of this enzyme in order to intensify production and facilitate isolation for industrial purposes.

Pozyskiwanie bakterii degradujących polimery – PP, PVC, PLA i PC

Mariusz Wróbel^{1,2}, Sonia Szymańska¹, Edyta Deja-Sikora¹, Katarzyna Hrynkiewicz¹,
Tomasz Kowalkowski²

¹Katedra Mikrobiologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, ul. Lwowska 1, 87 – 100 Toruń

²Katedra Chemii Środowiska i Bioanalitiky, Wydział Chemii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, ul. Gagarina 7, 87 – 100 Toruń

Powszechnie stosowane przez producentów tworzywa sztuczne stały się realnym zagrożeniem ekologicznym XXI wieku. Rosnąca produkcja oraz brak skutecznej metody utylizacji tych materiałów wymusza poszukiwanie nowych metod ich eliminacji ze środowiska. Nowe strategie badań przesiewowych w poszukiwaniu szczepów i konsorcjów o potencjale biodegradacyjnym są jednym z priorytetowych działań podejmowanych w celu rozwiązania problemów zanieczyszczenia środowiska plastikami. Założono, że zarówno środowiska naturalne, jak i zanieczyszczone są źródłem bakterii degradujących wybrane polimery: PP, PVC, PLA, PC. Celami badań była (1) selekcja bakterii o potencjale do degradacji wybranych polimerów, (2) ocena stopnia degradacji testowanych mikroplastików przez konsorcja bakterii, (3) oznaczenie bioróżnorodności mikrobiomu osadu ściekowego, zanieczyszczonej gleby oraz wody rzecznej z uwzględnieniem parametrów fizyko-chemicznych tych środowisk. Podczas prezentacji pokazane zostaną wyniki identyfikacji bakterii degradujących określone polimery, oraz wyniki analiz metagenomowych w odniesieniu do parametrów fizyko-chemicznych badanych środowisk. W oparciu o analizę FTIR oszacowano stopień degradacji badanych mikroplastików.

Doświadczenie sfinansowane w ramach projektu - POWR.03.05.00-00-Z302/17-00.

Acquisition of bacteria capable of degrading polymers - PP, PVC, PLA and PC

Plastics, commonly used by manufacturers, have become a real threat to the environment in the 21st century. Increasing production and lack of access to effective strategies for removing plastics are forcing the search for new techniques of eliminating them from the environment. New screening methods to select strains and consortia with biodegradation potential are a priority in addressing the problem of plastic contamination. It was assumed that both natural and polluted environments can be used as sources of bacteria degrading selected polymers: PP, PVC, PLA, PC. The objectives of the research were: (1) the selection of bacterial strains with the abilities to degrade selected polymers, (2) the evaluation of the level of microplastic degradation by the tested bacterial consortia, (3) the biodiversity analysis of the microbiome of sawage sludge, polluted soil and river water, linked to the physico-chemical parameters of these environments. In the presentation, the results of bacteria identification and metagenomic analysis of environments will be discussed. Based on FTIR analysis, the level of degradation of the tested microplastics was estimated.

Experiment funded by the project - POWR.03.05.00-00-Z302/17-00

POSTERY, DZIEŃ PIERWSZY - 20 CZERWCA 2023



Integrony i geny oporności na antybiotyki β -laktamowe w wodzie i osadzie ujścia Odry

Justyna Gałysa, Marta Koniuszek, Ryszard Koczura, Joanna Mokracka

Zakład Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Celem pracy było określenie występowania integronów i genów β -laktamaz w genomach pałeczek *Enterobacterales* i w środowiskowym DNA wody i osadu ujścia rzeki Odry.

Próbki wody i osadu pobierano czterokrotnie od marca 2022 do lutego 2023 r. Obecność integronów klasy 1 i 2 oraz genów kodujących β -laktamazy w genomach izolatów wykrywano metodą PCR. Liczbę kopii i częstość występowania genów integraz i wybranych genów β -laktamaz określano z użyciem real-time PCR i cyfrowego PCR.

U pałeczek *Enterobacterales* stwierdzono obecność genów integraz integronów klasy 1 i 2. Region zmienny integronów klasy 1 zawierał kasety genowe *aadA*, *dfrA* i *bla_{OXA-2}*. Średnia liczba kopii genu *intI1* w metagenomie wody i osadu wynosiła, odpowiednio, $1,8 \times 10^4$ kopii/ml i $1,7 \times 10^7$ kopii/g, natomiast jego częstość – 10,7% i 9%.

W genomach izolatów wykryto też geny *bla_{TEM}*, *bla_{OXA}*, *bla_{CTX-M1}*, *bla_{CMY}*, *bla_{DHA}* i *bla_{SHV}*. Średnia liczba kopii genu *bla_{TEM}* w metagenomie wody i osadu wynosiła, odpowiednio, $1,4 \times 10^3$ kopii/ml i $2,6 \times 10^6$ kopii/g, natomiast jego częstość – 3,7% i 4,7%. Średnia liczba kopii genu *bla_{SHV}* w metagenomie wody i osadu wynosiła, odpowiednio, $4,5 \times 10^1$ kopii/ml i $5,9 \times 10^4$ kopii/g, natomiast jego częstość – 0,3% i 0,2%.

Integrans and β -lactamase genes in the water and sediment of Odra River estuary

The aim of the study was to determine the occurrence of integrons and β -lactamase genes in the genomes of *Enterobacterales* rods and in environmental DNA of the water and sediment of the Odra River estuary.

Water and sediment were sampled four times between March 2022 and February 2023. The presence of class 1 and class 2 integrons as well as β -lactamase genes in the genomes of the isolates were detected by conventional PCR. The copy number and relative abundance of integron integrase genes and selected β -lactamase genes were determined by digital PCR.

Class 1 and class 2 integrons were found in *Enterobacterales* rods. The variable region of class 1 integrons contained *aadA*, *dfrA*, and *bla_{OXA-2}* gene cassettes. Average copy number of *intI1* gene in the metagenome of the water and sediment was, $1,8 \times 10^4$ copies/ml and $1,7 \times 10^7$ copies/g, respectively, and the relative abundance – 10.7% and 9.0%.

The *bla_{TEM}*, *bla_{OXA}*, *bla_{CTX-M1}*, *bla_{CMY}*, *bla_{DHA}*, and *bla_{SHV}* genes were found in the genomes of the isolates. Average copy number of *bla_{TEM}* in the metagenome of the water and sediment reached $1,4 \times 10^3$ copies/ml and $2,6 \times 10^6$ copies/g, respectively, and the relative abundance – 3.7% and 4.7%. Average copy number of *bla_{SHV}* in the metagenome of the water and sediment was $4,5 \times 10^1$ copies/ml and $5,9 \times 10^4$ copies/g, whereas its relative abundance – 0.3% and 0.2%.

Charakterystyka metagenomu bakteryjnego wód poprocesowych z podziemnego zgazowania węgla

Łukasz Jałowicki¹, Jacek Borgulat¹, Aleksandra Strugała-Wilczek², Grażyna Płaza¹

¹Institut Ekologii Terenów Przemysłowych, ul. Kossutha 6, 40-844 Katowice

²Główny Instytut Górnictwa, Plac Gwarków 1, 40-166 Katowice

W procesie podziemnego zgazowania węgla (PZW) powstają wody poprocesowe, które zawierają wiele niebezpiecznych związków chemicznych typu organicznego: BTEX, fenole, WWA, jak i nieorganicznego typu metale ciężkie, amoniak, cyjanki. Proces PZW, jak i wody poprocesowe są przykładem środowiska antropogenicznego i poliekstremalnego stanowiącego specyficzny biotop dla rozwoju ekstremofilnych mikroorganizmów o różnych właściwościach biotechnologicznych.

Celem badań była charakterystyka i porównanie mikrobiomu wód poprocesowych z podziemnego zgazowania węgla (PZW). W badaniach wyizolowano DNA metagenomowe z trzech wód poprocesowych (WP1, WP2 i WP3) otrzymanych z trzech procesów PZW, w których wykorzystano dwa rodzaje węgla oraz zastosowano różne czynniki zgazowania, t.j. powietrze i tlen.

Analiza metagenomów wód poprocesowych wykazała, że struktura mikrobiomu bakteryjnego wód W1 i W3 była podobna i różna w porównaniu z W2. W W1 i W3 dominowały *Proteobacteria*, kolejno 78% i 83%. Natomiast, w W2 najliczniej występowały *Firmicutes* (68%) z dominującymi rodzajami *Paenibacillus* i *Bacillus*. Głównym czynnikiem różnicującym strukturę bakteryjnych mikrobiomów w wodach poprocesowych był czynnik zgazowania.

Metagenomic characterization of bacterial community in post-processing water from underground coal gasification process

During the underground coal gasification (UCG) process are produced post-processing wastewater containing a large amount of organic and inorganic pollutants, like BTEX, phenols PAHs, heavy metals, ammonia, cyanides. The UCG process as well as the wastewater are an example of an anthropogenic and polyextreme environment constituting a specific biotope for the development of extremophilic microbes with various biotechnological properties.

The aim of the research was to characterize and compare the bacterial microbiomes from UCG-wastewaters. In the study, metagenomic DNA was isolated from three post-process waters named W1, W2 and W3 obtained from three UCG processes, in which two types of coal and various gasification agents (air and oxygen) were used. The analysis showed that the structure of W1 and W3 microbiomes was similar and different compared to W2. *Proteobacteria* dominated in W1 and W3, 78% and 83%, respectively. On the other hand, in W2 dominated *Firmicutes* (68%) with main genus *Paenibacillus* and *Bacillus*. The main factor differentiating the bacterial structure of microbiomes in UCG post-processing wastewaters was the gasification factor.

Badania wykonano w ramach projektu nr 101033964 o akronimie UCGWaterplus (Fundusz Węgla i Stali) oraz projektów z MEiN o numerach 5198/FBWiS/2021/2 i 5211/FBWiS/2021/2

Mykobiom gleby: reakcja na wybrane ekstrakty roślinne

Dominika Matczuk^{1,2}, Anna Siczek¹

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk

²Grupa Azoty Zakłady Azotowe „Puławy” SA

Ekstrakty z roślin zawierają liczne związki chemiczne, które mogą wpływać na mikroorganizmy glebowe. Celem badań było określenie wpływu ekstraktów z owoców borówki i morwy czarnej na różnorodność grzybów w glebach płowej i bielkowej. Próbkę gleby pobrano po 11 tygodniach wzrostu pszenicy w wazonach, wyizolowano z nich DNA, a po amplifikacji sekwencjonowano region ITS1 na platformie Illumina MiSeq. Liczebność grzybów należących do poszczególnych gromad była głównie kształtowana przez typ gleby. Na wskaźniki różnorodności gatunkowej (bogactwo gatunkowe, Shannonn i Simpson, odrębność taksonomiczna) istotnie wpływał typ gleby, ale nie ekstrakty. Hierarchiczna analiza skupień wykazała, że głównym czynnikiem grupującym próbki był typ gleby, efekt ekstraktu był mniejszy, ale istotny (PERMANOVA $p=0,005$).

Badania zostały sfinansowane przez Ministerstwo Edukacji i Nauki w ramach Programu Doktorat Wdrożeniowy, nr umowy DWD/3/51/2019 oraz ze środków własnych Instytutu Agrofizyki im. Bogdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk.

Soil mycobiome: response to selected plant extracts

Plant extracts contain numerous chemical compounds that may affect soil microorganisms. The aim of the study was to determine the effect of blueberry and black mulberry fruit extracts on the diversity of fungi in luvisols and podzols. Soil samples were collected after 11 weeks of wheat growth in pots, DNA was extracted from them, and the ITS1 region was sequenced after amplification on Illumina MiSeq platform. The number of fungi belonging to particular phyla was mainly shaped by the type of the soil. Species diversity (species richness, Shannonn and Simpson, taxonomic distinctness) was significantly affected by soil type, but not extracts. Hierarchical cluster analysis showed that the main factor grouping the samples was soil type, the extract effect was smaller but significant (PERMANOVA $p=0.005$).

This research was funded by the Ministry of Science and Higher Education, Poland, grant numer DWD/3/51/2019 and by statutory activities of Institute of Agrophysics, Polish Academy of Sciences

Potencjalnie chorobotwórcze bakterie Gram-dodatnie w powietrzu miasta Poznania

Mateusz Pluskota¹, Klaudia Kortus¹, Wiktoria Kapłon¹, Martyna Kryger¹,
Anna Maćkowska¹, Joanna Mokracka¹, Ryszard Koczura¹

Zakład Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Obecność chorobotwórczych bakterii w powietrzu stanowi potencjalne zagrożenie dla zdrowia. Celem pracy było więc określenie występowanie wybranych, potencjalnie chorobotwórczych gatunków bakterii Gram-dodatnich w powietrzu miejskim pobranym w budynkach użyteczności publicznej i na zewnątrz w Poznaniu.

Próbki powietrza pobierano z użyciem aspiratora MD8 Airport (Startorius) i filtrów żelatynowych, które inkubowano na podłożu Chapmana, MYP (Mannitol Egg Yolk Polymyxin Agar) i agarze Slanetz-Bartley. Obecność *Staphylococcus aureus*, *Bacillus cereus* i *Enterococcus faecalis* potwierdzano metodą PCR ze specyficznymi starterami. Występowanie ww. bakterii określano również metodą cyfrowego PCR (dPCR) w metagenomowym DNA izolowanym bezpośrednio z filtrów żelatynowych.

Stwierdzono, że w powietrzu miejskim, zarówno wewnątrz jak i na zewnątrz budynków obecne są bakterie *S. aureus* i *B. cereus*. Liczba ww. bakterii sięgała do 625 komórek/m³. Nie wykryto obecności *E. faecalis*.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu 2021/41/B/NZ9/01138.

Potentially pathogenic Gram-positive bacteria in the air in Poznań

The presence of potentially pathogenic bacteria in the air may pose a threat to human health. Therefore, the aim of the study was to evaluate the occurrence of selected, potentially pathogenic Gram-positive bacterial species in public service buildings and outdoor locations in Poznań.

Air samples were collected with the use of MD8 Airport (Startorius) sampler and gelatin filters that were incubated on Mannitol Salt Agar, MYP (Mannitol Egg Yolk Polymyxin) Agar, and Slanetz and Bartley Agar. The presence of *Staphylococcus aureus*, *Bacillus cereus*, and *Enterococcus faecalis* was confirmed by PCR assays with species-specific primers. The occurrence of those species was also determined by digital PCR (dPCR) in metagenomic DNA isolated directly from the gelatin filters.

The study revealed that *S. aureus* and *B. cereus* were present in the indoor and outdoor air samples. The number of those bacteria reached 625 cells per m³. *E. faecalis* was not found.

This research was funded by grant no. 2021/41/B/NZ9/01138 from National Science Centre, Poland

Struktura mikrobiomu powietrza dojrzewalni serów ślesieńskich ze Spizarni Hrabiny Potulickiej

Weronika Goraj¹, Damian Oleksiak¹, Jacek Podlewski², Agnieszka Kuźniar¹,
Agnieszka Wolińska¹

¹Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Wydział Medyczny, ul. Konstantynów II,
20-708 Lublin, weronikagoraj@kul.pl

¹Fundacja Potulicka., Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

Gospodarstwo Rolne Ślesin w ramach „Spizarni Hrabiny Potulickiej” zajmuje się, zgodnie z dawną recepturą, wyrobem tradycyjnego sera ze świeżego mleka, pochodzącego prosto od ślesieńskich krów. Celem badań była analiza bioróżnorodności mikrobiologicznej (bakterii i grzybów) powietrza dojrzewalni serów ślesieńskich ze Spizarni Hrabiny Potulickiej oraz ocena czy mikrobiom ten podlega zmianom sezonowym.

Materiał badawczy (próby powietrza) pobrano z dwóch dojrzewalni w okresie letnim i zimowym za pomocą separatora cyklonowego Coriolis® μ . Analizę metagenomiczną DNA bakterii i grzybów przeprowadzono poprzez sekwencjonowanie wysokoprzepustowe NGS.

Analiza bioróżnorodności wykazała większe zróżnicowanie mikrobiologiczne bioaerozolu pobranego latem niż zimą. Wśród dominujących rodzajów bakterii (latem i zimą) zidentyfikowano *Janibacter* i *Staphylococcus* (ok. 20%). Rodzaje: *Planococcus*, *Pontibacter*, *Knoellia*, *Nesterenkonia* czy *Corynebacterium* stanowiły 3-9%, przy czym ich względna obfitość latem była o 2-5% wyższa niż zimą. Mykobiom dojrzewalni stanowiły natomiast grzyby z rodzajów: *Aspergillus*, *Debaryomyces*, *Penicillium*.

Finansowanie Fundacja Potulicka: Analiza mikrobiomu serów...(1/6-40-21-10-0603-0018-0049)

Structure of the air microbiome of the Ślesin cheeses ripening room from Countess Potulicka's Pantry

The Ślesin Farm within the "Countess Potulicka's Pantry" is engaged, according to the old recipe, in making traditional cheese from fresh milk, straight from Ślesin cows. The purpose of this study was to analyze the microbial biodiversity (bacteria and fungi) of the air of the Ślesin cheese ripening room from Countess Potulicka's Pantry, and to assess whether this microbiome is subject to seasonal changes.

Research material (air samples) was collected from two ripening rooms during summer and winter using a Coriolis® μ cyclone separator. Metagenomic analysis of bacterial and fungal DNA was performed by high-throughput NGS sequencing.

Biodiversity analysis showed greater microbial diversity in bioaerosol collected in summer than in winter. *Janibacter* and *Staphylococcus* (about 20%) were identified among the dominant bacterial genera (summer and winter). Genera: *Planococcus*, *Pontibacter*, *Knoellia*, *Nesterenkonia* or *Corynebacterium* accounted for 3-9%, with their relative abundance in summer being 2-5% higher than in winter. Mycobiomes of the ripening room, on the other hand, were fungi of the genera: *Aspergillus*, *Debaryomyces*, *Penicillium*.

Różnorodność mikroorganizmów w funkcji właściwości fizykochemicznych gleb o różnym sposobie użytkowania i nawożenia wykorzystywanych do uprawy rzepaku

Artur Banach¹, Agnieszka Kuźniar¹, Anna Kruczyńska¹, Andrzej Słomczewski², Jacek Podlewski², Sara Jurczyk¹, Agnieszka Wolińska¹

¹Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1, 20-708 Lublin

²CGFP Sp. z o.o., Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

Celem badań było wykazanie zróżnicowania społeczności mikroorganizmów występujących w gruntach ornych należących do CGFP Sp. z o.o., wykorzystywanych do uprawy rzepaku, które były uprawiane metodą orki głębokiej (G) oraz pasową (P) oraz nawożone w zakresie: 0, 96, 128 i 161 kg N ha⁻¹. Zbadano również wpływ właściwości fizykochemicznych na skład zidentyfikowanych mikroorganizmów.

W rozpoznanej społeczności wyłoniono 16 najobficiej występujących rodzajów bakterii. Ich różnorodność ulegała istotnym zmianom w czasie i była związana z zastosowanym systemem uprawy (większy spadek w G) i wielkością nawożenia (stymulacja wzrostu wraz z dawką nawozu).

Większość ze szczepów była wrażliwa na podwyższone pH ($r = -0,4^*$ do $-0,6^*$), zależna od EC ($r = -0,8^*$ do $0,85^*$), dostępności Ca ($r = -0,2^*$ do $0,5^*$), K ($r = -0,79^*$ do $0,79^*$), siarki ($r = -0,75^*$ do $0,9^*$) oraz biogennych form azotu, fosforu oraz węgla ($r = -0,87^*$ do $0,62^*$). Czynniki o mniejszym wpływie były wilgotność, poziom Mg i dostępność związków próchnicznych. Wyznaczone korelacje były powiązane z systemem uprawy oraz wielkością nawożenia.

Microbial diversity in the function of physicochemical properties of soils with different ways of use and fertilization levels used for rapeseed cultivation

The aim of the study was to demonstrate microbial diversity of arable soils of CGFP Ltd. under used for rapeseed production which have been cultivated with deep plowing (G) and strip tillage (P) systems and fertilized with 0, 96, 128 and 161 kg N ha⁻¹. The influence of soil physicochemical characteristics on diversity of the identified microorganisms was studied too.

The recognized community 16 the most abundant bacterial strains were found. Their diversity underwent significant changes in time and was attributed to tillage system (higher decrease in G) and the fertilization level (increase with fertilizer dose).

Most of the strains were susceptible to pH ($r = -0,4^*$ to $-0,6^*$), depended on EC ($r = -0,8^*$ to $0,85^*$), levels of Ca ($r = -0,2^*$ to $0,5^*$), K ($r = -0,79^*$ to $0,79^*$), S ($r = -0,75^*$ to $0,9^*$) and biogenic forms of N, P and S ($r = -0,87^*$ to $0,62^*$). Moisture, Mg and humic substances were less of importance. These correlation depended on tillage and fertilization.

Strategia KE „Od pola do stołu” na przykładzie mikrobiomu gleb spod uprawy kukurydzy

Agnieszka Wolińska¹, Agnieszka Kuźniar¹, Anna Kruczyńska¹, Jacek Podlewski²,
Andrzej Słomczewski²

¹ Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów,
ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin

² CGFP Sp. z o.o., Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

Strategia Komisji Europejskiej „Od pola do stołu” rekomenduje ograniczenie stosowania nawozów o co najmniej 20% do 2030 r. Mając to na uwadze celem pracy było testowanie efektywności zmniejszonego nawożenia (o 20 i 40% w stosunku do standardowej dawki zalecanej przez producenta) i wykazanie jego wpływu na plonowanie i bioróżnorodność mikroorganizmów. Na areale rolniczym CGFP Sp. z o.o. założono dwa 10 ha pola testowe dedykowane uprawie kukurydzy w systemie orkowym i bezorkowym w zredukowanych warunkach nawożenia. Próby do badań pobierano przed siewem i po zbiorze kukurydzy w 2022 r., stosując zasady rolnictwa precyzyjnego. DNA wyizolowano z użyciem DNeasy PowerLyzer PowerSoil Kit. Sekwencjonowanie następnej generacji w zakresie fragmentu V3-V4 genu 16S rRNA prowadzono w technologii MiSeq Illumina (Genomed S.A., Warszawa). Klasyfikację taksonomiczną wykonano w oparciu o bazę RDP (v.138).

Wykazano, że mikrobiom glebowy na poziomie typu nie różni się w zależności od systemu uprawy czy dawki nawożenia, lecz podlega zróżnicowaniu w zależności od terminu pobrania prób. Redukcja nawożenia o 20% nie zaburzyła bioróżnorodności i wpłynęła na 15% wzrost plonów kukurydzy w systemie bezorkowym.

Projekt dofinansowany ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Edukacji i Nauki pod nazwą „Nauka dla Społeczeństwa” nr projektu Nds/531260/2021/2021, kwota dofinansowania 100%, całkowita wartość projektu 625 910,50 PLN

EC's "field-to-table" strategy based on the example of the microbiome of soils under maize cultivation

The European Commission's "From Field to Table" strategy recommends reducing fertilizer use by at least 20% by 2030. Consequently, the aim of the study was to test the effectiveness of reduced fertilizer application (by 20 and 40% compared to the standard rate recommended by the manufacturer) and demonstrate its effect on yield and microbial biodiversity. Two 10-hectare test fields dedicated to maize cultivation under plowed and no-till systems under reduced fertilization conditions were established on CGFP Ltd.'s agricultural area. Soils were taken before sowing and after the 2022 maize harvest, using precision farming principles. DNA was isolated (DNeasy PowerLyzer PowerSoil Kit). Next-generation sequencing of the V3-V4 fragment of the 16S rRNA gene was carried out using Illumina's MiSeq technology (Genomed S.A., Warsaw, Poland). Taxonomic classification was performed based on the RDP database (v.138).

It was shown that the soil microbiome at the phylum level does not vary according to the tillage system or fertilization rate, but is subject to variation depending on the sampling date. A 20% reduction in fertilization did not disrupt biodiversity and resulted in a 15% increase in maize yields in the no-till system.

Wpływ dawki azotu na strukturę zbiorowisk grzybów glebowych uczestniczących w przemianach N na podstawie uprawy monokultury kukurydzy

Agnieszka Kuźniar¹, Sara Jurczyk¹, Anna Kruczyńska¹, Artur Banach¹,
Jacek Podlewski², Andrzej Słomczewski², Agnieszka Wolińska¹

¹Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1, 20-708 Lublin

²CGFP Sp. z o.o., Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

Celem badań była analiza składu zbiorowiska grzybów w glebach ornych należących do CGFP Sp. z o.o., pozostających pod uprawą orkową i bezorkową monokultury kukurydzy przy zastosowaniu różnego nawożenia azotowego (0, 69; 92 i 115 kg N · ha⁻¹) w jednym sezonie wegetacyjnym.

Analiza zbiorowiska grzybów AMF oraz potencjalnie grzybów próchnicotwórczych nie wykazywała wpływu na system uprawy kukurydzy. Zmiany w bogactwie tych grup odnotowano odpowiednio na poziomie od -0,020±0,012 do -0,120±0,018% oraz od -0,500±0,09 do +1,520±0,02% w stosunku do całej populacji grzybów zidentyfikowanych w strukturze badanych gleb. Jednakże fluktuacje bogactwa grzybów potencjalnie patogenicznych dla roślin i saprotroficznych pozostawały pod wpływem systemu uprawy i były zdecydowanie wyższe w uprawie orkowej. Zastosowanie różnej dawki nawożenia azotowego znacząco wpływało na bogactwo badanych grup grzybów. Zmiany odnotowane dla grzybów saprotroficznych pozostawały na poziomie od -6,666±1,89 do +8,28±2,750% całej populacji grzybów.

Projekt dofinansowany ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Edukacji i Nauki pod nazwą „Nauka dla Społeczeństwa” nr projektu NdS/531260/2021/2021, kwota dofinansowania 100%, całkowita wartość projektu 625 910,50 PLN

Effects of nitrogen application rate on the community structure of soil fungi involved in N transformation based on the cultivation of corn monoculture

The aim of this study was to analyze the composition of the fungal community in arable soils of CGFP Ltd. under plowed and no-till maize monoculture at different nitrogen fertilization rates (0, 69; 92 and 115 kg N·ha⁻¹) in one growing season.

Analysis of the AMF fungal community and potentially humus-forming fungi showed no effect on the type of tillage. Changes in the richness of these groups were recorded at -0.020±0.012 to -0.120±0.018% and -0.500±0.09 to +1.520±0.02%, respectively, in relation to the total fungal population identified in the structure of the studied soils. Meanwhile, fluctuations in the richness of i potentially pathogenic to plants and saprotrophic fungi were reflected by the influence of the type of tillage. It should be noted that these changes were significantly greater in plowed tillage. The application of different rates of nitrogen fertilization significantly affected the fluctuations in the richness of the fungal groups studied. The rate of change recorded for the saprotrophic fungi group ranged from -6.666±1.89 to +8.28±2.750% of the total fungal population.

Strategiczne systemy zarządzania glebą a struktura mykobiomu – nowe perspektywy w odpowiedzi na obniżone nawożenie azotem

Anna Kruczyńska¹, Agnieszka Kuźniar¹, Artur Banach¹, Sara Jurczyk¹, Jacek Podlewski², Andrzej Słomczewski², Anna Marzec-Grządziel³, Anna Sochaczewska¹, Anna Gałązka³, Agnieszka Wolińska¹

¹Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów I I, 20-708 Lublin,
e-mail: anna.kruczynska@kul.pl

²CGFP Sp. z o.o., Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

³Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa,
ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Celem badań było rozpoznanie struktury i bogactwa mykobiomu glebowego w obliczu zmniejszonego nawożenia N w dwóch systemach uprawy: orkowym (P) i bezorkowym (NT). Zakres badań idealnie wpisuje się w unijną strategię "Od pola do stołu", która zaleca 20% redukcję nawożenia azotem gleb rolniczych do 2030 roku.

Próby pobierano dwukrotnie w ciągu jednego sezonu wegetacyjnego. Strukturę mykobiomu określono na podstawie techniki NGS.

Wykazano, że system uprawy ma znaczenie w kształtowaniu się struktury mykobiomu grzybów i jego względnej obfitości. Stwierdzono, że obniżona o 20% dawka nawożenia N może pozytywnie wpłynąć na liczebność społeczności grzybów. Wytypowano również rodzaje, które pozytywnie reagowały na redukcję nawożenia N w dwóch systemach uprawy: P – *Epicoccum*, *Metarhizium*, *Mycosphaerella*, *Paraconiothyrium* i NT – *Peziza*, *Podospora*, *Metarhizium*, *Trechispora*, *Umbelopsis*.

Projekt dofinansowany ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Edukacji i Nauki pod nazwą „Nauka dla Społeczeństwa” nr projektu Nds/531260/2021/2021, kwota dofinansowania 100%, całkowita wartość projektu 625 910,50 PLN

Strategic soil management systems and the structure of the mycobiome – new perspectives in response to reduced nitrogen fertilization

The aim of the study was to identify the structure and relative abundance of the soil mycobiome in the face of reduced N fertilization under two cropping systems: plowed (P) and no-till (NT). The scope of the study perfectly falls into the EU's "From Field to Table" strategy, which recommends a 20% reduction in nitrogen fertilization of agricultural soils by 2030.

Samples were collected twice during one growing season. The structure of the mycobiome was determined using the NGS technique.

The cropping system was shown to be important in the formation of the fungal mycobiome structure and its relative abundance. It was found that a 20% reduced N fertilization rate could positively affect the abundance of the fungal community. The genera that responded positively to N fertilization reduction in two cropping systems were also selected: P – *Epicoccum*, *Metarhizium*, *Mycosphaerella*, *Paraconiothyrium* and NT – *Peziza*, *Podospora*, *Metarhizium*, *Trechispora*, *Umbelopsis*.

Charakterystyka molekularna endofitów zasiedlających metalofit *Armeria maritima*

Agata Goryluk-Salmonowicz, Magdalena Popowska

Zakład Fizjologii Bakterii, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

Od kilku lat opisywany jest fenomen występowania bakterii opornych na metale ciężkie wewnątrz roślin stosowanych do fitoremediacji. Badania wykazują, że bakterie wzmacniają proces usuwania metali ciężkich z gleby. Należy zwrócić uwagę, że profil oporności na antybiotyki tych bakterii oraz ich wpływ na rozprzestrzenianie się antybiotykooporności, nie były przedmiotem kompleksowych badań.

Niniejsza praca obejmuje izolację oraz fenotypową i genotypową charakterystykę bakterii endofitycznych wyizolowanych po raz pierwszy z endosfery rośliny-hiperakumulatora *Armeria maritima* sp. halleri. Badane rośliny pobierano z hałd cynkowo-ołowiowych znajdujących się na południu Polski. Uzyskane z roślin izolaty bakteryjne zaklasyfikowano do rodzaju *Pseudomonas*. Dalsza charakterystyka pozwoliła określić oporność bakterii na szereg antybiotyków, w tym na antybiotyki β-laktamowe, aminoglikozydowe, fosfomicynę, fluorochinolony, makrolidy i glikopeptydy. Bakterie były odporne na wysokie stężenia cynku (220mM) i ołowiu (60mM). Sekwencjonowanie i analiza genomowa potwierdziła obecność genów warunkujących oporność na metale ciężkie oraz na antybiotyki. Wielkości genomów bakteryjnych wahała się od 6 182 403 pz do 7 401 235 pz.

Badanie finansowane przez Narodowe Centrum Nauki (NCN), Polska (UMO-2019/32/Z/NZ8/0011)

Molecular characterization of endophytes inhabiting *Armeria maritima* metallophyte

The occurrence of heavy metal-resistant bacteria in plants and their role in phytoremediation intensification has been quite well recognized in the last few years. Nevertheless, there is a dearth of information on antibiotic resistance profile of those bacteria and their role in antibiotic resistance spread in the environment.

In the presented study endophytic bacteria has been isolated from hyperaccumulator *Armeria maritima* sp. halleri endosphere for the first time. Phenotypic and genotypic characterization of bacteria was performed. Host plant was growing on zinc-lead heap in the southern Poland. Isolates were classified to *Pseudomonas* species. Antibiotic resistance profile revealed resistance to β-lactam antibiotics, aminoglycosides, fosfomicine, fluoroquinolones, macrolides and glycopeptides. Bacteria were resistant to high levels of zinc (220 mM) and lead (60 mM). Sequencing and analysis of their genomes confirmed presence of antibiotic and heavy metal resistance genes. Genome sizes ranged from 6,182,403bp to 7,401,235bp.

This work was supported by the National Science Centre (NCN), Poland (UMO-2019/32/Z/NZ8/0011)

Zmiany w mikrobiomie pomidora wywołane infekcją *Agrobacterium tumefaciens* C58 – badania genomowe

Iwona Komaniecka¹, Katarzyna Suśniak¹, Anna Gałązka², Andrzej Mazur¹, Mikołaj Feculak³, Adam Choma¹

Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Instytut Nauk Biologicznych, UMCS w Lublinie; ²Zakład Mikrobiologii Rolniczej, IUNG-PIB w Puławach; ³ Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, UP w Lublinie

Agrobacterium tumefaciens to fitopatogen zdolny do zakażenia wielu gatunków roślin dwuliściennych i niektórych jednoliściennych. Jest odpowiedzialny za wywołanie choroby zwanej guzowatością, która jest wynikiem transformacji genetycznej rośliny-gospodarza. Rośliny są zasiedlane przez drobnoustroje endofityczne, stanowiące ich naturalny mikrobiom, które promują wzrost gospodarza, przyczyniają się do zwalczania drobnoustrojów chorobotwórczych i indukują odporność systemiczną. Obecność patogenów powoduje zachwianie równowagi w naturalnym mikrobiomie. W efekcie dochodzi do trwałego osłabienia rośliny i strat w uprawach.

Przeprowadzone badania genomowe materiału pozyskanego z siewek pomidora zainfekowanych szczepem *A. tumefaciens* C58 pozwoliły na określenie zakresu zmian w jego mikrobiomie, zarówno w odniesieniu do ilości mikroorganizmów zasiedlających tkanki jak i ich różnorodności. Obecność patogenu zaburzyła równowagę rodzajową w tkankach, wypierając naturalnie występujące w nich bakterie z rodzajów: *Pseudomonas*, *Klebsiella* czy *Ralstonia*. Infekcja spowodowała również wtórny napływ odmiennych mikroorganizmów środowiskowych.

Badania były finansowane ze środków projektu Narodowego Centrum Nauki, projekt Opus nr: 2018/31/B/NZ9/01755

Changes in the tomato microbiome as a result of infection by *Agrobacterium tumefaciens* C58 – a genomic studies

Agrobacterium tumefaciens is a phytopathogen able to infect many species of dicots and some monocots. It is responsible for causing a crown-gall disease (tumors), which is the result of genetic transformation of the plant host. Plants are inhabited by endophytic microorganisms, constituting their natural microbiome, which promote host growth, contribute to the fight against pathogenic microorganisms and induce systemic immune response. The presence of pathogens causes an imbalance in the natural microbiome. As a result, there is a permanent weakening of the plant and crop losses.

The genomic studies of the material obtained from tomato seedlings infected with the *A. tumefaciens* C58 strain allowed to determine the changes in their microbiome, both in terms of the number of microorganisms inhabiting the tissues and their diversity. The presence of the pathogen disturbed the balance in plant tissues, displacing the naturally occurring bacteria of the genera: *Pseudomonas*, *Klebsiella* and *Ralstonia*. The infection caused also a secondary invasion of different environmental microorganisms.

The research were financially supported partly by the National Centre of Sciences project OPUS no. 2018/31/B/NZ9/01755

Aktywność mikroorganizmów glebowych i różnorodność funkcjonalna bakterii zasiedlających rośliny różnych odmian truskawki w uprawie ekologicznej

Anna Siczek¹, Agata Gryta¹, Karolina Oszust¹, Beata Feledyn-Szewczyk², Magdalena Frać¹

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk

²Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Aktywność mikroorganizmów wpływa na jakość plonów. Celem badań było określenie wpływu odmiany roślin truskawki (3 odmiany) w dwóch wariantach uprawy, nawadnianym i nienawadnianym, na aktywność mikroorganizmów w glebie (aktywność dehydrogenazy) oraz na owocach i liściach truskawek (Biolog ECOPlates, wskaźniki różnorodności metabolicznej).

Aktywność dehydrogenazy była zależna od wariantu nawadniania i odmiany truskawek. W przypadku owoców odnotowano istotny wpływ odmiany na wskaźniki różnorodności bakterii, natomiast na różnorodność bakterii zasiedlających liście truskawek istotnie wpływał system nawadniania. Czynnikiemami grupującymi próbki były zarówno odmiana, jak i wariant uprawy (*n*MDS). Wyniki te potwierdziły analizy ANOSIM ($R=0,642$ i $R=0,593$, odpowiednio dla odmiany i wariantu uprawy) oraz PERMANOVA wykazując istotny wpływ obu czynników ($p=0.001$).

Praca finansowana przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu BIOSTRATEG, numer umowy BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Activity of soil microorganisms and functional diversity of bacteria inhabiting plants of various strawberry cultivars in organic cultivation

The activity of microorganisms affects the quality of crops. The aim of the study was to determine the effect of strawberry cultivar (3 cultivars) in two cultivation variants, with and without irrigation, on the activity of microorganisms in the soil (dehydrogenase activity) and on strawberry fruits and leaves (Biolog ECOPlates, indicators of metabolic diversity).

The dehydrogenase activity was dependent on irrigation variant and strawberry cultivar. In the case of fruit, a significant effect of cultivar on bacterial diversity indices was noted, while the diversity of bacteria inhabiting strawberry leaves was significantly influenced by the irrigation system. The grouping factors were both cultivar and irrigation variant (*n*MDS). These results were confirmed by the analyses of ANOSIM ($R=0.642$ and $R=0.593$, respectively for cultivar and irrigation variant) and PERMANOVA, showing a significant effect of both factors ($p=0.001$).

Work financed by The National Centre for Research and Development in frame of the project BIOSTRATEG, contract number BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Biopreparaty do ochrony upraw owoców miękkich przed fitopatogenami z rodzaju *Verticillium*, *Botrytis*, *Colletotrichum* oraz *Phytophthora*

Agata Gryta¹, Karolina Oszust¹, Jacek Panek¹, Lidia Sas-Paszt², Paweł Trzciniński², Anna Lisek², Maciej Walczak³, Aleksandra Burkowska-But³, Stanisław Jamrozik, Beata Feledyn-Szewczyk⁴, Anna Gałązka⁴, Magdalena Frąc¹

1. Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, m.frac@ipan.lublin.pl
2. Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach, ul. Pomologiczna 18, 96-100 Skierniewice
3. Bacto-Tech Sp. z o.o., ul. Polna 148, 87-100 Toruń
4. Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa- Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Uprawy owoców miękkich tj. maliny czy truskawki są narażone na choroby wywoływane przez fitopatogeny takie jak: *Botrytis* sp., *Verticillium* sp., *Colletotrichum* sp. czy *Phytophthora* sp., które wywołują straty ekonomiczne obniżając ilość zebranych owoców, jak również mogą powodować porażenia całych plantacji i usychanie roślin.

Celem badań było opracowanie biopreparatu do utrzymania i/lub poprawy bioróżnorodności mikrobiologicznej gleby przy jednoczesnym kontrolowaniu kluczowych patogenów w uprawie owoców miękkich, wykazującego cechy biostymulacji roślin.

Biopreparaty do zastosowania w ekologicznej uprawie owoców miękkich zostały otrzymane z wykorzystaniem wyizolowanych z ryzosfery roślin szczepów z rodzaju *Bacillus* oraz nośnika i dodatkowych komponentów naturalnych. Otrzymane biopreparaty umożliwiają zwalczanie istotnych patogenów owoców miękkich oraz wpływają na utrzymanie i/lub poprawę bioróżnorodności mikrobiologicznej gleby.

Biopreparation for the protection of soft fruit crops against phytopathogens of the genus *Verticillium*, *Botrytis*, *Colletotrichum* and *Phytophthora*

Soft fruit crops i.e. raspberries or strawberries are exposed to diseases caused by phytopathogens such as: *Botrytis* sp., *Verticillium* sp., *Colletotrichum* sp. or *Phytophthora* sp., which cause economic losses by reducing the amount of harvested fruit, as well as may cause infection of plantations and plant withering.

The aim of the research was to develop a biopreparation to maintain and/or improve soil microbial biodiversity while controlling key pathogens in the cultivation of soft fruit, showing features of plant biostimulation.

Biopreparations for use in the organic cultivation of soft fruit were obtained using strains belonging to *Bacillus* genus isolated from the plant rhizosphere as well as a carrier and additional natural components. The obtained biopreparations make it possible to reducing important pathogens of soft fruits and affect the maintenance and/or improvement of soil microbiological biodiversity.

Praca finansowana przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu BIOSTRATEG, numer umowy BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Analiza korelacji między powstawaniem formazanu i CO₂ w mikromacierzach fenotypowych w badaniach metabolizmu grzybów

Karolina Oszust¹, Flavia Pinzari², Donati Enrica², D’Orazio Giovanni², Michał Pylak¹, Klaudia Szpilska¹, Magdalena Frąc¹

¹Institute of Agrophysics, Polish Academy of Sciences, Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, Poland

²Institute for Biological Systems (IBS), Council of National Research of Italy (CNR), Area della Ricerca di Roma 1, via Salaria Km 29,300, 00015 Monterotondo (RM), Italy

Badanie różnorodności fenotypowej grzybów strzępkowych w obecności różnych źródeł węgla lub azotu można przeprowadzić za pomocą komercyjnych wielodołkowych mikromacierzy (PM), które umożliwiają pomiar aktywności metabolicznej poprzez dodanie do analizy wskaźników aktywności dehydrogenazy. Redukcja soli tetrazoliowych do nierozpuszczalnego, zabarwionego na fioletowo formazanu zachodzi w wyniku działania dehydrogenazy bursztynianowej. Jednak w przypadku niektórych grzybów i nie dla wszystkich substratów PM poziom zabarwienia dołków nie zawsze pokrywa się z poziomem przyrostu biomasy grzybów lub utlenianiem substratów. Dlatego korelacja między zabarwieniem a aktywnością metaboliczną w przypadku grzybów może być stosunkowo niewielka dla niektórych grup substancji. Oznacza to, że wytrącanie się barwnego formazanu w wyniku aktywności dehydrogenazy bursztynianowej może nie odpowiadać rzeczywistemu oddychaniu, a zatem wykorzystaniu źródeł węgla. Dlatego w ramach projektu CNR-PAS chcielibyśmy odpowiedzieć na pytanie czy istnieje powtarzalność uzyskiwania korelacji wyników związanych z tworzeniem zabarwienia i poziomem respiracji.

The joint Polish - Italian project for the years: 2023-2024 under the agreement on scientific cooperation between the Polish Academy of Sciences and the National Research Council of Italy: Functional traits analysis of filamentous fungi implemented with phenotype microarrays

Analysis of correlation between formazan precipitation and CO₂ evolution in phenotype microarrays applied to fungal metabolism studies

The study of the phenotypic expression of filamentous fungi in the presence of different carbon or nitrogen sources can be approached by commercial multi-well microarrays (PM) that allow metabolic activity on different organic compounds to be measured by adding indicators of dehydrogenase activity. The reduction of tetrazolium salts to insoluble, violet-stained formazan occurs following the cleavage of the tetrazole ring by succinate dehydrogenase. However, for some fungi, colouration does not always coincide with biomass growth in all nutrient sources or vice versa with the oxidation of substrates. Therefore, the correlation between the colouration of the wells and metabolic activity in the case of fungi may not be high for some groups of substances. That is, the precipitation of the coloured formazan due to succinate dehydrogenase activity may not correspond to actual respiration and, thus, to the utilisation of the carbon sources. We want to understand whether there is any recurrence of the decoupling between staining and respiration, i.e. whether there are groups of compounds where this occurs regularly.

Potencjał grzybów z rodzaju *Trichoderma* i *Verticillium* do zasiedlania nisz azotowych

Karolina Oszust*¹, Flavia Pinzari², Magdalena Frąc¹

¹Institute of Agrophysics, Polish Academy of Sciences, Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, Poland

²Institute for Biological Systems (IBS), Council of National Research of Italy (CNR), Area della Ricerca di Roma 1, via Salaria Km 29,300, 00015 Monterotondo (RM), Italy

Założono doświadczenie, w którym wykorzystano fenotypowy panel mikromacierzy wyposażony w zestaw substratów azotowych (mikroplątki PM3, PM6, PM7, PM8 BiologTM) z dodatkiem wybranego barwnika redoks (1% F BiologTM). Wykazano, że izolaty *Trichoderma* spp. wykazują konkurencję o składniki pokarmowe względem *Verticillium* spp. w 48 godzinnej hodowli i chętniej niż grzyby z rodzaju *Verticillium* zasiedlają niszę w obecności aminocukrów, pochodnych nukleotydów, amin pierwszorzędowych i amidów. W przypadku obecności takich grup jak: proste związki azotu, aminokwasy i ich pochodne, alkany, dipeptydy i tripeptydy nisze badanych grzybów pokrywały się. Spośród 379 przebadanych substratów azotowych wybrano 41, których obecność powoduje stres metaboliczny dla izolatów *Verticillium* spp., a dla grzybów z rodzaju *Trichoderma* takiego stresu nie zaobserwowano. Efekt ten był szczególnie intensywny dla kwasu ε-amino-N-kapronowego, D,L-laktamidu, tripeptydu D-alanina-glicyna-glicyna i dipeptydu glicyno-D-walina.

Badania współfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach działania naukowego MINIATURA 5 (nr projektu 2021/05/X/NZ9/00341) oraz przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach projektu BIOSTRATEG (nr projektu BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018). FP is funded by the H2020-MSCA-IF-EF-SE project "AlienInSoil" N.892048.

The potential of *Trichoderma* and *Verticillium* fungi to colonise nitrogen niches

The analysis of the phenotype of filamentous fungi through multi-substrate microplates is a very versatile technique. In this context, we used a panel of microarrays containing nitrogenous substrates (PM3, PM6, PM7, PM8 BiologTM microplates). We added a selected redox dye (1% F dye BiologTM). A phenotypic comparison of *Verticillium* and *Trichoderma* strains (pathogen and biocontrol agent, respectively) showed that the tested *Trichoderma* spp. isolates exhibited high competition for nitrogenous substrates compared to *Verticillium* spp. after 48 hours of incubation. Furthermore, *Trichoderma* utilises amino sugars, nucleobases and derivatives, primary amines and amides better than *Verticillium*. On other groups of substrates, such as simple nitrogen compounds, amino acids and their derivatives, aminated alkanes, dipeptides and tripeptides, the trophic niches of the two fungal taxa appear to overlap. Furthermore, of the 379 nitrogenous substrates tested, 41 were selected whose presence causes metabolic stress for isolates of *Verticillium* spp. Such stress was not observed for fungi of the genus *Trichoderma*. This effect was particularly intense for ε-Amino-N-Caproic acid, D,L-Lactamide, the tripeptide D-Alanine-Glycine and a dipeptide Glycine-D-Valine.

Sztuczna inteligencja w badaniach zdrowotności upraw truskawek

Jacek Panek, Dominika Siegieda, Magdalena Frąć

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk ul. Doświadczalna 4,
20-290 Lublin

Polska należy do liderów europejskiej produkcji truskawek, plasując się na drugim miejscu z udziałem 16% rynku i wolumenem wynoszącym 185 tysięcy ton w 2022 roku. Ponadto, w ostatnich latach obserwuje się wzrost udziału rolnictwa zrównoważonego, regeneracyjnego oraz ekologicznego. W latach 2016-2020 produkcja tego typu wzrosła siedmiokrotnie. Jednocześnie redukcja stopnia chemizacji i stosowania środków ochrony roślin znacznie zwiększa ryzyko porażenia roślin przez niepożądane patogeny. Struktura mikrobiomu rośliny jest jednym z czynników determinujących ich podatność na choroby.

Celem badań było określenie wpływu składowych mykobioty roślin truskawek na ich zdrowotność.

Przeprowadzono sekwencjonowanie fragmentu ITS1 mykobioty wyizolowanego z próbek gleby, ryzosfery, korzeni i części nadziemnych roślin truskawek uprawianych ekologicznie na 14 plantacjach. Następnie przeprowadzono analizę metataksonomiczną z wykorzystaniem środowiska QIIME2, po czym klasyfikację zmiennej wyjaśnianej, jaką była makroskopowo oceniona zdrowotność rośliny. Wykorzystano klasyfikator losowego lasu decyzyjnego w oparciu o bibliotekę scikit-learn.

Opracowany model pozwolił na skuteczną klasyfikację zmiennej wyjaśnianej. Model charakteryzował się AUC wynoszącym 0.95.

Praca finansowana przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu BIOSTRATEG, numer umowy BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018.

Artificial intelligence in strawberry crop health research

Poland is among the leaders in European strawberry production, ranking second with a 16% market share and a volume of 185,000 tons in 2022. In addition, recent years have seen an increase in the share of sustainable, regenerative and organic farming which increased sevenfold. The structure of the plant microbiome is one of the factors determining its susceptibility to diseases.

The aim of this study was to determine the influence of the components of the strawberry plant mycobioty on plant health.

Sequencing of the ITS1 fragment of the mycobioty isolated from samples of soil, rhizosphere, roots and aboveground parts of strawberry plants grown organically in 14 plantations was carried out. Metataxonomic analysis was then performed using the QIIME2 environment, followed by classification of plant health. A random decision forest classifier based on the scikit-learn library was used.

The developed model allowed effective classification of the explained variable. The model was characterized by an AUC of 0.95.

This work was financed by The National Centre for Research and Development in frame of the project BIOSTRATEG, contract number BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Łącząc kropki: Macierze korelacji w analizie właściwości chemicznych gleby spod jabłoni

Michał Pylak, Karolina Oszust, Jacek Panek, Klaudia Szpilska, Agata Gryta,
Magdalena Frąć

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4,
20-290 Lublin

Celem przeprowadzonych badań było określenie korelacji pomiędzy właściwościami chemicznymi a aktywnością mikrobiologiczną gleby. Próbkę gleby zostały pobrane spod drzew jabłoni rosnących na terenach o różnym sposobie zagospodarowania (sad uprawiany, sad nieuprawiany, ogród, ogród ze zwierzętami, miedza, las). Badania obejmowały określenie zasobności gleby w składniki pokarmowe, w tym NPK. Ponadto określono poziom aktywności dehydrogenaz glebowych, która wyraża ogólną aktywność biologiczną gleby. Następnie wykonano analizę z wykorzystaniem macierzy korelacji, pozwalającą na identyfikację zależności między testowanymi zmiennymi.

Przeprowadzone badania wykazały pozytywne korelacje między zawartością substancji organicznej a węglem organicznym, a także między zawartością potasu i magnezu. Korelacje między badanymi zmiennymi różniły się dla poszczególnych sposobów zagospodarowania gruntu. Badania tego typu są niezbędne, aby poszerzyć wiedzę na temat relacji między rośliną, mikroorganizmami a glebą, mogą wpłynąć na poprawę produktywności upraw jabłoni oraz jakość i zdrowie gleb.

Praca finansowana przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach projektu LIDER XII, numer umowy LIDER/7/0054/L-12/20/NCBR/2021

Connecting the dots: Correlation matrix analysis of soil chemical properties of soil beneath apple trees

This research aims to explore the relationship between various soil chemical properties and also soil microbial activity. Soil samples were collected from beneath apple trees growing in differently used types of land (cultivated orchard, uncultivated orchard, garden, garden with animals, bound, forest). The soil research included the determination of key nutrients concentrations such as NPK. Moreover, soil dehydrogenase activity was determined as total soil biological activity. The correlation matrix analysis was then used to identify any patterns or relationships between these variables.

The results showed positive correlations between organic matter and organic carbon content, as well as between potassium and magnesium. Furthermore, different types of land use resulted in vastly different relations between examined variables. These findings provide valuable insights into the interplay between plants, microorganisms, and plants, and can influence strategies for improving apple tree productivity and soil health in orchard settings.

Work financed by the National Center for Research and Development as part of the LIDER XII project, contract number LIDER/7/0054/L-12/20/NCBR/2021

Kompleksowa analiza ujawniająca sekrety genomu pożytecznej bakterii *Pseudomonas* sp.

Mateusz Mąćik, Jacek Panek, Michał Pylak, Karolina Oszust, Magdalena Frąć

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4,
20-290 Lublin

Bakterie z rodzaju *Pseudomonas* są z powodzeniem wykorzystane jako mikroorganizmy promujące wzrost i rozwój roślin oraz środki biokontroli przeciwko patogenom roślinnym. Celem badań była analiza genomu pożytecznej bakterii *Pseudomonas* sp. B37/18, wyizolowanej z gleby spod siedliska dziko rosnących malin w miejscowości Kamionka. W tym celu przeprowadzono sekwencjonowanie całogenomowe uzyskanego izolatu bakteryjnego z wykorzystaniem aparatu Illumina MiSeq w technologii SBS (ang. sequence by synthesis - sekwencjonowanie przez syntezę). Najliczniejsze klasy enzymatyczne pod względem liczby przypisanych genów stanowiły transferazy (577 genów), oksydoreduktazy (566 genów) oraz hydrolazy (428 genów). W przypadku klastrów grup ortologicznych (ang. COGs) największą liczbą genów charakteryzowały się procesy związane z metabolizmem aminokwasów (384 geny), przemianami energetycznymi (227 genów) oraz translacją (215 genów). W genomie bakterii *Pseudomonas* sp. B37/18 wykryto geny oporności na polimyksyny (1 gen *arnA*) oraz wankomycynę (1 gen *vanW*). Przeprowadzone badania nie ujawniły występowania innych genów antybiotykooporności w genomie testowanej bakterii.

Unveiling the genomic secrets of beneficial *Pseudomonas* sp. - a comprehensive analysis

Bacteria of the genus *Pseudomonas* are successfully used as microorganisms promoting plant growth and development, as well as biocontrol agents against plant pathogens. The aim of the study was to analyse the genome of beneficial bacterium *Pseudomonas* sp. B37/18, which was isolated from the soil in a wild raspberry habitat in Kamionka. To accomplish this, whole-genome sequencing of the obtained bacterial isolate was performed using the Illumina MiSeq platform based on SBS (sequencing by synthesis) technology. The most numerous enzymatic classes in terms of the number of assigned genes were transferases (577 genes), oxidoreductases (566 genes), and hydrolases (428 genes). In the case of clusters of orthologous groups (COGs), processes related to amino acid metabolism (384 genes), energy metabolism (227 genes), and translation (215 genes) were characterized by the largest number of genes. In the genome of *Pseudomonas* sp. B37/18, genes conferring resistance to polymyxins (1 gene *arnA*) and vancomycin (1 gene *vanW*) were detected. The conducted research did not reveal the presence of any other antibiotic resistance genes in the genome of the tested bacteria.

Praca finansowana przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu BIOSTRATEG, numer umowy BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Badanie alfa i beta różnorodności bakterii w zbiorowiskach drobnoustrojów glebowych pod jabłoniami w zależności od sposobu zagospodarowania gruntu

Klaudia Szpilska, Karolina Oszust, Jacek Panek, Agata Gryta, Michał Pylak, Magdalena Frąc

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

Bakterie są jedną z najbardziej rozpowszechnionych form życia na Ziemi, występującą w różnych środowiskach. Prezentowane badania objęły porównanie alfa i beta różnorodności bakterii glebowych. Próbkę gleby pobrano spod jabłoni pochodzących z sześciu różnych sposobów zagospodarowania gruntu: miedza, las, sad uprawiany, sad nieuprawiany, ogród oraz ogród ze zwierzętami. Następnie wyizolowano DNA i poddano sekwencjonowaniu następnej generacji w technologii Illumina® (NGS). Uzyskane wyniki wskazują, że sposób zagospodarowania gruntu istotnie wpływa na skład mikroorganizmów bakteryjnych w glebie. Zrozumienie czynników wpływających na bogactwo i różnorodność bakterii w glebie pod jabłoniami ma zasadnicze znaczenie dla rozwoju zrównoważonego rolnictwa i stosowania praktyk rolnictwa ekologicznego w celu poprawy jakości gleby i wspierania jej mikrobiologicznej bioróżnorodności.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach projektu LIDER XII (akronim: APPAT(f)REE), numer umowy LIDER/7/0054/L-12/20/NCBR/2021

Exploring alfa and beta diversity of bacteria in soil microbial communities beneath apple trees depending on land use

Bacteria are one of the most abundant forms of life on Earth, inhabiting a wide range of environments. This study investigated the alfa and beta diversity of soil bacteria. Soil samples were collected under the apple trees growing in six different land use: bound, forest, cultivated and uncultivated orchards, gardens and gardens with animals. The DNA was isolated and subjected to next-generation sequencing following Illumina® technology (NGS). The results show that different types of land cultivation significantly influence the bacterial composition in the soil. Understanding the factors that influence the richness and diversity of bacteria in the soil beneath apple trees is essential to developing sustainable agriculture and applying organic farming practices to improve soil quality and support soil microbial biodiversity.

This paper was financed by the National Centre for Research and Development within the framework of the project LIDER XII (acronym: APPAT(f)REE), contract number LIDER/7/0054/L-12/20/NCBR/2021

Skuteczność bakterii kwasu mlekowego w hamowaniu wzrostu *Botrytis cinerea* i *Escherichia coli* w warunkach *in vitro*

Beata Kowalska, Magdalena Szczech

Instytut Ogrodnictwa Państwowy Instytut Badawczy

Celem badań było określenie aktywności wybranych izolatów kwasu mlekowego w hamowaniu rozwoju grzyba *Botrytis cinerea* oraz bakterii *Escherichia coli* w warunkach *in vitro*. Patogeny te stanowią często przyczynę skażeń mikrobiologicznych świeżych owoców i warzyw, gotowych do bezpośredniego spożycia (t.j. sałata, szpinak, rukola czy malina i borówka). Jednocześnie stanowią poważne zagrożenie dla zdrowia konsumentów. Antagonistyczne właściwości bakterii kwasu mlekowego stwarzają możliwość wykorzystania tych mikroorganizmów do minimalizowania zanieczyszczeń mikrobiologicznych na produktach roślinnych.

W badaniach wykorzystano trzy izolaty bakterii kwasu mlekowego wyizolowane z fermentowanych produktów. Stwierdzono, że bakterie te w różnym stopniu ograniczają wzrost badanych trzech izolatów *B. cinerea* na pożywce stałej w teście na antagonizm. Dodatkowo testowano inhibycyjne właściwości supernatantu z hodowli bakterii, który zastosowano jako dodatek do płynnej pożywki z hodowlą *B. cinerea* lub *E. coli*. Hamujący efekt zależał od izolatów bakterii kwasu mlekowego oraz stężenia supernatantu w pożywce. Badania pozwoliły wybrać najbardziej skuteczny izolat bakterii LAB, który posłużył do kolejnych testów w badaniach *in vivo*.

Badania finansowane przez MEiN; „Opracowanie metod ograniczających występowanie skażeń mikrobiologicznych owoców i warzyw przeznaczonych do bezpośredniego spożycia” ZM/2/2018

Efficacy of lactic acid bacteria in inhibiting the growth of *Botrytis cinerea* and *Escherichia coli*

The aim of the study was to determine the activity of selected lactic acid isolates obtained from fermented products in inhibiting the *Botrytis cinerea* fungus and *Escherichia coli* bacteria. These pathogens often cause microbial contamination of fresh fruit and vegetables ready for direct consumption (i.e. lettuce, spinach, rocket or raspberry and blueberry). At the same time, pose a serious threat to consumer health. The antagonistic properties of lactic acid bacteria provides an opportunity to use these microorganisms to minimize microbial contamination of plant products. The study used three isolates of lactic acid bacteria. It was found that these bacteria, to varying degrees to limit the growth of three isolates of *B. cinerea* on solid medium in the antagonism test. In addition, the use of supernatant from the bacterial culture as an additive to the liquid medium in which the *B. cinerea* or *E. coli* was cultured. The inhibitory effect depended on the isolates lactic acid bacteria and the concentration of the supernatant in the medium. Studies allowed the selection of the most effective LAB isolate, which was used for the subsequent tests in *in vivo* studies.

The research was funded by the MEiN; "Development of methods to reduce occurrence of microbiological contamination of fruit and vegetables intended for direct consumption" ZM/2/2018

Innowacyjne konsorcja mikrobiologiczne w akwaponicznej uprawie sałaty rzymskiej

Lidia Sas-Paszt, Paweł Trzcziński, Anna Lisek, Sławomir Głuszek, Bożena Matysiak, Stanisław Kaniszewski

Instytut Ogrodnictwa-PIB, ul. Konstytucji 1/3, 96-100 Skierniewice

Celem badań było opracowanie mikrobiologicznej technologii akwaponicznej uprawy sałaty rzymskiej. Oceniono wpływ pożywki hodowlanej z produkcji jesiotra (*Acipenser gueldenstaedtii* Brandt x *Acipenser baeri* Brandt) wzbogaconej o konsorcja mikrobiologiczne lub z dodatkiem składników mineralnych, na wzrost i jakość sałaty rzymskiej (*Lactuca sativa* var. *longifolium* cv. „Elizium”). Szczepy bakterii wykazywały właściwości utleniania jonów NH_4^+ (*Klebsiella* spp., *Nocardia* spp., *Rhodococcus* spp.) oraz hamowania rozwoju patogena *Phytophthora cactorum* (przez bakterie *Paenibacillus polymyxa*). Zastosowanie konsorcjów mikrobiologicznych i składników mineralnych pozytywnie wpłynęło na świeżą masę i liczbę liści sałaty rzymskiej oraz zwiększyło liczebność i aktywność bakterii w uprawie akwaponicznej. Opracowane konsorcja mikrobiologiczne będą wdrożone jako naturalne biostymulatory wspomagające wzrost i plonowanie roślin sałaty rzymskiej w uprawie akwaponicznej.

Praca wykonana w ramach projektu dofinansowanego z Unii Europejskiej z Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego, w ramach Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój 2014-2020 oraz Narodowego Centrum Badań i Rozwoju w Polsce. Tytuł projektu: „Plantlab – innowacyjny system całorocznej produkcji sałaty rzymskiej i ryb słodkowodnych w technologii akwaponicznej”.

Innovative microbial consortia in aquaponic cultivation of romaine lettuce

The aim of the research was to develop a microbiological technology for the cultivation of romaine lettuce in an aquaponic system. The effect of farm wastewater from the production of sturgeon (*Acipenser gueldenstaedtii* Brandt x *Acipenser baeri* Brandt) enriched with one of three microbiological consortia or with the addition of minerals on the growth and quality of romaine lettuce (*Lactuca sativa* var. *longifolium* cv. ‘Elizium’) was assessed. The bacterial strains showed the ability to oxidize NH_4^+ ions (*Klebsiella* spp., *Nocardia* spp., *Rhodococcus* spp.) and inhibit the pathogen *Phytophthora cactorum* (*Paenibacillus polymyxa*). The use of microbial consortia and minerals positively affected the fresh weight and number of leaves per plant and increased the number and activity of bacteria in aquaponic lettuce cultivation. The developed microbiological consortia will contribute to the implementation of natural technologies supporting the growth and yielding of romaine lettuce plants.

This work was supported by the European Union from the European Regional Development Fund under the Smart Growth Operational Program 2014–2020 and The National Centre for Research and Development in Poland. Project title: “Plantlab – an innovative system of year-round production of romaine lettuce and freshwater fish in aquaponic technology”.

Innowacyjne biopreparaty w ekologicznej uprawie maliny i truskawki

Lidia Sas-Paszt, Anna Lisek, Paweł Trzciński, Krzysztof Górnik, Beata Sumorok, Edyta Derkowska, Sławomir Głuszek, Mateusz Frąc, Magdalena Frąc, Michał Przybył

Instytut Ogrodnictwa-PIB, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 06-100 Skierniewice

Celem przeprowadzonych badań było opracowanie przyjaznych dla środowiska metod stymulujących wzrost i plonowanie roślin oraz przeznaczonych do ochrony roślin przed patogenami. Wyselekcjonowano szczepy bakterii wykazujące antagonizm wobec patogenów roślin truskawki i maliny: *Verticillium dahliae*, *Botrytis cinerea*, *Phytophthora cactorum* i *Colletotrichum acutatum*. Wyselekcjonowane szczepy bakterii należące do *Paenibacillus polymyxa*, *Bacillus subtilis*, *Bacillus* sp. i *Lysobacter* sp. charakteryzowały się wytwarzaniem IAA, sideroforów, udostępnianiem jonów fosforu, wiązaniem azotu atmosferycznego. Stwierdzono pozytywny wpływ pożytecznych szczepów bakterii na wzrost części nadziemnej, korzeni i zawartości chlorofilu w liściach roślin maliny odmian ‘Polana’ i ‘Poemat’, a także na zwiększenie powierzchni liści i powierzchni korzeni oraz długości korzeni roślin truskawki odmian ‘Rumba’ i ‘Elsanta’. Opracowane biopreparaty są obiecującą alternatywą bionawożenia w ekologicznej i integrowanej uprawie roślin truskawki i maliny.

Badania sfinansowano przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju, w ramach projektu BIOSTRATEG, numer grantu BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018.

Innovative biopreparations in the organic cultivation of raspberries and strawberries

The aim of the research was to develop environmentally friendly methods for stimulating plant growth and yielding, and for protecting plants against pathogens. Strains of bacteria were selected that showed antagonism against pathogens of strawberry and raspberry plants: *Verticillium dahliae*, *Botrytis cinerea*, *Phytophthora cactorum* and *Colletotrichum acutatum*. The selected bacterial strains belonging to *Paenibacillus polymyxa*, *Bacillus subtilis*, *Bacillus* spp. and *Lysobacter* spp. were capable of producing IAA and siderophores, making phosphorus ions readily available, and fixing atmospheric nitrogen. Positive effects of the beneficial bacterial strains on the growth of the above-ground part and roots, and the chlorophyll content in the leaves were found in ‘Polana’ and ‘Poemat’ raspberry plants, and also on increasing the leaf and root surface areas, and root length in ‘Rumba’ and ‘Elsanta’ strawberry plants. The developed biopreparations are a promising alternative to biofertilization in organic and integrated cultivation of strawberry and raspberry plants.

This research was supported by The National Centre for Research and Development within the framework of the project BIOSTRATEG, grant number BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018.

Mikrobiom gleby zanieczyszczonej *o*-krezolem poddanej biostymulacji *Perna canaliculus*

Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski

Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa,
Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Zachowanie różnorodności biologicznej jest obecnie nadrzędnym celem w zarządzaniu środowiskiem glebowym generującym szereg dalekosiężnych inicjatyw. Jedną z nich rozwija się na kanwie zainteresowania *o*-krezolem uznanym obecnie za zanieczyszczenie priorytetowe, charakteryzujące się wysoką toksycnością oraz częstotliwością występowania w środowisku, w tym w glebach, wygenerowane przez zdolność produkcyjną krezolu na świecie wynoszącą obecnie ponad $3 \cdot 10^9$ kg rocznie. Pochylając się nad trendami określono odpowiedź mikrobiomu gleby poddanej presji *o*-krezolu uwzględniając zarówno jego strukturalną różnorodność jak i reakcję mikroorganizmów hodowlanych. *o*-krezol odegrał istotną rolę w kształtowaniu różnorodności mikrobiologicznej gleby indukując największą i najbardziej zróżnicowaną obfitość OTU *Proteobacteria* oraz *Firmicutes*. Najwyższą liczebność OTU, w glebie pod presją *o*-krezolu, odnotowano w przypadku bakterii z rodzaju *Arthrobacter*, *Devosia* oraz *Bacillus*, należących odpowiednio do klasy: *Actinobacteria*, *Alphaproteobacteria* i *Bacilli*, co związane jest z ich potencjałem biodegradowującym ten związek fenolowy. *Perna canaliculus* okazała się skuteczna w biostymulacji zarówno bioróżnorodności grzybów jak i namnażania się bakterii uczestniczących w przemianach azotu.

The microbiome of the soil contaminated with *o*-cresol subjected to biostimulation of *Perna canaliculus*

Biodiversity conservation is now an overriding goal in soil management and generates a number of far-reaching initiatives. One of them is developing on the basis of interest in *o*-cresol, currently recognized as a priority pollutant, characterized by high toxicity and frequency of occurrence in the environment, also in soils, generated by the world's production capacity of cresol currently exceeding $3 \cdot 10^9$ kg per year. Leaning over trends, the response of the soil microbiome to the pressure of *o*-cresol was determined, considering both its structural diversity and the reaction of cultured microorganisms. *o*-cresol played an important role in shaping the microbial diversity of the soil by inducing the largest and most diverse abundance of OTUs for *Proteobacteria* and *Firmicutes*. The highest abundance of OTUs in the soil under pressure of *o*-cresol was noted in the case of bacteria of the genus *Arthrobacter*, *Devosia* and *Bacillus*, belonging to the classes: *Actinobacteria*, *Alphaproteobacteria* and *Bacilli*, respectively, which is related to their biodegrading potential of this phenolic compound. *Perna canaliculus* turned out to be effective in biostimulation of both fungal biodiversity and the proliferation of bacteria involved in nitrogen transformations.

Mikrobiom gleb zanieczyszczonych pyretroidami

Agata Borowik, Jadwiga Wyszowska, Magdalena Zaborowska, Jan Kucharski

Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa,
Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Okolo 45% rocznej produkcji żywności jest tracone z powodu inwazji agrofagów, które uzyskują coraz większą odporność na pestycydy. Pyretroidy stanowią okolo 38% światowego rynku insektycydów. Celem badań było określenie wpływu permetyryny i cypermetryny na liczebność bakterii i grzybów hodowlanych oraz zidentyfikowanie wpływu tych pyretroidów na bakterie i grzyby niehodowlane oznaczone metodą NGS oraz na aktywność enzymów glebowych biorących udział w przemianach węgla, azotu, fosforu i siarki oraz określenie wpływu *Zea mays* na łagodzenie skutków zaburzeń powodowanych przez testowane pyretroidy w mikrobiomie gleby.

Stwierdzono, że permetyryna i cypermetryna działały stymulująco na bakterie hodowlane, natomiast hamująco na grzyby oraz enzymy glebowe. Modyfikowały także liczbę operacyjnych jednostek taksonomicznych (OTU) bakterii phylum *Actinobacteria* i *Proteobacteria* oraz grzybów phylum *Ascomycota* i *Basidiomycota*. Presję permetyryny i cypermetryny dobrze znosiły bakterie *Sphingomonas wittichii*, *Bacillus muralis* i *Bacillus flexus* oraz grzyby *Botryotrichum atrogriseum*, *Penicillium coeruleum*, *Chaetomium carinthiacum* i *Chaetomium globosum*. Uprawa *Zea mays* pozytywnie oddziaływała na enzymy glebowe oraz na mikroorganizmy glebowe i łagodziła anomalie wywołane przez testowane insektycydy w mikrobiomie i aktywności enzymów glebowych.

The microbiome of soils contaminated with pyrethroids

Approximately 45% of annual food production is lost due to agrophage invasions, which are becoming increasingly resistant to pesticides. Pyrethroids constitute about 38% of the global insecticide market. The aim of the present study was to determine the impact of permethrin and cypermethrin on the abundance of cultured bacteria and fungi, as well as to identify the effect of these pyrethroids on non-cultured bacteria and fungi identified by NGS method, and on the activity of soil enzymes involved in carbon, nitrogen, phosphorus and sulfur transformations, and to determine the effect of *Zea mays* on mitigating the effects of disturbances caused by tested pyrethroids in the soil microbiome.

It was found that permethrin and cypermethrin had a stimulating effect on cultured bacteria, but a inhibitory effect on fungi and soil enzymes. They also modified the number of operational taxonomic units (OTU) of bacteria from phylum *Actinobacteria* and *Proteobacteria*, as well as fungi from phylum *Ascomycota* and *Basidiomycota*. Permethrin and cypermethrin pressure was well tolerated by *Sphingomonas wittichii*, *Bacillus muralis* and *Bacillus flexus* bacteria, and by *Botryotrichum atrogriseum*, *Penicillium coeruleum*, *Chaetomium carinthiacum* and *Chaetomium globosum* fungi. *Zea mays* cultivation had a positive effect on both soil enzymes and soil microorganisms, and mitigated anomalies caused by tested insecticides in the soil microbiome and soil enzyme activities.

Wrażliwość bakterii glebowych oraz *Sinapis alba* L. i *Avena sativa* L. na działanie kadmu

Edyta Boros-Lajszner, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Kadm jest pierwiastkiem zbędnym dla wzrostu i rozwoju roślin. Jego kumulacja w glebie jest bardziej niebezpieczna dla zdrowia ludzi i zwierząt niż roślin i mikroorganizmów. W doświadczeniu wegetacyjnym wazonowym określono relacje między stopniem zanieczyszczenia gleby kadmem a taksonami bakterii glebowych oraz ustalono rolę aplikacji celulozy do gleby zanieczyszczonej tym metalem w przywracaniu jej homeostazy. Wszystkie zmienne niezależne (zanieczyszczenie gleby kadmem, nawożenie celulozą i gatunek uprawianej rośliny) powodowały zmiany w strukturze różnorodności genetycznej bakterii na wszystkich poziomach taksonomicznych. Największą liczbę OTU spośród wszystkich zidentyfikowanych phylum zaobserwowano u *Proteobacteria* i *Actinobacteria*. W obiektach obsianych *Sinapis alba* L., zarówno niezanieczyszczonych jak i zanieczyszczonych kadmem, bez i z dodatkiem celulozy, dominującym phylum były *Proteobacteria*. Bakterie z rodzaju *Sphingomonas*, *Sphingobium*, *Achromobacter* i *Pseudomonas* stanowiły rdzenny mikrobiom dla gleb obsianych obydwoma gatunkami roślin zanieczyszczonych Cd^{2+} i nawożonych celulożą. Bakterie te mogą być wykorzystane w bioaugmentacji gleb wspomaganą biostymulacją celulożą. Chociaż nawożenie celulożą gleby zanieczyszczonej Cd^{2+} stymulowało namnażanie mikroorganizmów, to nie niwelowało skutków negatywnego oddziaływania Cd^{2+} na różnorodność bakterii.

Sensitivity of soil bacteria and *Sinapis alba* L. and *Avena sativa* L. to cadmium

Cadmium is an essential element for plant growth and development. Its accumulation in soil is more hazardous to human and animal health than to plants and microorganisms. A pot greenhouse experiment was conducted the relationship between the extent of soil contamination with cadmium and soil bacteria taxa, and to established the role of cellulose application to the soil contaminated with this metal in restoring its homeostasis. All independent variables (soil contamination with cadmium, soil fertilization with cellulose, and crop species) caused changes in the structure of the genetic diversity of bacteria at all taxonomic levels. Of all identified phyla, the highest OTU was determined for *Proteobacteria* and *Actinobacteria*. *Proteobacteria* turned out to be the prevailing phylum in the soil sown with *Sinapis alba* L., both in the non-contaminated and contaminated one as well as without and with cellulose addition. Bacteria from the *Sphingomonas*, *Sphingobium*, *Achromobacter*, and *Pseudomonas* genera represented the core microbiome of the soils sown with two plant species, contaminated with Cd^{2+} and fertilized with cellulose. They can be harnessed for soil bioaugmentation assisted by cellulose biostimulation. Although the fertilization of Cd^{2+} -contaminated soil with cellulose stimulated the proliferation of microorganisms, it failed to mitigate the adverse effects of Cd^{2+} on bacterial diversity.

Różnorodność drożdży glebowych w trzech typach lasów

Polina Pidlubna, Dominika Włoch-Salamon, Nataliia Glibovytska,
Beata Klimek

Instytut Nauk o Środowisku, Wydział Biologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

Drożdże, będące jednokomórkowymi grzybami, odgrywają istotną rolę w ekosystemach glebowych. Różnorodność drożdży w glebie jest słabo zbadana, również w lasach strefy umiarkowanej, jednym z największych biomów na Ziemi. Badania drożdży glebowych stanowią wyzwanie metodologiczne, ponieważ strategie pobierania próbek i izolacji zależą od docelowych drożdży i pytań stawianych przez badaczy. Celem pracy była analiza różnorodności drożdży w trzech typach lasów umiarkowanych w Polsce; w suchym borze sosnowym, żyznej buczynie i jesionowym lesie łągowym. Drożdże identyfikowano bezpośrednio po sekwencjonowaniu całego metagenomu glebowego (sekwencjonowanie fragmentów genu 18S rDNA metodą Illumina) oraz pośrednio, po ich izolacji metodami bezpośredniego posiewu na płytki i podłoża wzbogacające i późniejszej identyfikacji metodami molekularnymi. W jednej próbie stwierdzano występowanie nie więcej niż dwóch gatunków *Saccharomyces*, jednakże każda metoda dawała inne wyniki (stwierdzano występowanie różnych gatunków drożdży). Gleby w borach sosnowych były najmniej zasobne w gatunki drożdży w porównaniu do obu typów lasów liściastych.

Soil yeast diversity in three forest types

Yeasts, broadly defined as unicellular fungi, play an essential role in soil ecosystems. Soil yeast diversity is significantly underestimated, including in temperate forests being a widespread global biome. Studies of soil yeasts are methodologically challenging, as sampling and isolation strategies depend on the target yeasts and the questions researchers are asking. The aim of the study was to analyse the diversity of yeasts in three types of temperate forests in Poland, namely dry pine forest, fertile beech forest and riparian forest dominated by ash. Yeasts were identified directly after sequencing the whole soil metagenome (Illumina sequencing of 18S rDNA gene fragments) and indirectly, after their isolation using direct plating and enrichment medium methods and then further identification with molecular methods. No more than two *Saccharomyces* species were found per sample, but each method provided different results (different yeast species were found). Pine forest soils were the least yeast species-rich compared to both broadleaf forest types.

Analiza metagenomiczna bakteryjnych endofitów młodych i dojrzałych nasion *Orobanche lutea* rosnących na obszarze zanieczyszczonym metalami

Kristine Petrosyan^{1,2}, Tomasz Krucoń³, Renata Piwowarczyk¹, Karolina Ruraż¹,
Jaco Vangronsveld^{2,4}, Wiesław Kaca¹

¹Uniwersytet Jana Kochanowskiego w Kielcach, ²Hasselt Uniwersytet, ³Uniwersytet Warszawski,
⁴Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej

Zanieczyszczenie metalami ciężkimi jest ważnym czynnikiem środowiskowym (abiotycznym), któremu poświęca się coraz więcej uwagi ze względu na jego wpływ na różnorodność biologiczną, rolnictwo, zdrowie człowieka i ogólnie na środowisko. Dobrze jest zbadany wpływ warunków środowiskowych i metali ciężkich na związany z roślinami endomikrobiom autotroficznych populacji roślin w różnych ekosystemach. Niemniej jednak nie było danych dotyczących różnorodności i struktury zbiorowisk endofitycznych bakterii heterotroficznych *Orobanche lutea* rosnących w siedliskach ekstremalnych.

Analiza CAP wskazuje na istotną zmianę wzorca społeczności drobnoustrojów między dwoma latami doświadczalnymi oraz wpływ zanieczyszczenia na jej zmianę. Analizy metagenomowe wykazały, że mikrobiom młodych i dojrzałych nasion *O. lutea* składał się z 11 rodzajów bakterii, z których Proteobacteria, Actinobacteriota i Firmicutes były grupami dominującymi. Ponadto 8 rodzajów bakterii zostało zidentyfikowanych jako potencjalne i najbardziej rozpowszechnione mikroorganizmy rdzeniowego mikrobiomu nasion *O. lutea*.

The metagenomic analysis of the bacterial endophytes in young and ripe seed of *Orobanche lutea* growing on a metal polluted area

Heavy metal pollution is considered to be important environmental (abiotic) factor that are receiving increased attention due to their effects on biodiversity, agriculture, human health and for the environment in general. The influence of environmental conditions and abiotic stresses on the plant associated endomicrobiome of autotrophic plant populations in various ecosystems were studied. Nevertheless, prior to the current paper, there was no data relative to the diversity and structure of the seed endophytic bacterial community of heterotrophic *Orobanche lutea* growing in extreme habitats.

The CAP analysis indicates a significant change in the microbial community pattern between two experimental years and the impact of pollution on its change. Metabarcoding revealed that the young and ripe seed microbiome of *O. lutea*, was composed of 11 bacterial phyla from which Proteobacteria, Actinobacteriota and Firmicutes as predominating groups. Meanwhile, eight bacterial genera were identified as the most prevalent species of possible core microbiome of *O. lutea* seeds.

Funding: This study was supported by grants from the Jan Kochanowski University Kielce, Poland (W.K.; K.P., SUPB.RN. 21.235 (2021-2022), SUPB.RN.23.236 (2023-2024)). The Hasselt University Methusalem project (J.V., 08M03VGRJ). BOF-BILA grant from Hasselt University, Belgium BOF21BL12 (K.P.; J.V., 2021-2022).

Wpływ kilkuletniego nawożenia odpadem popieczarkowym na populacje bakterii i grzybów glebowych

Edyta Kwiatkowska¹, Jolanta Joniec¹, Krzysztof Kowalczyk², Michał Nowak²,
Justyna Leśniowska - Nowak², Cezary Kwiatkowski³

¹ Katedra Mikrobiologii Środowiskowej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Leszczyńskiego 7, 20-069 Lublin; ² Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin; ³ Katedra Herbologii i Technik Uprawy Roślin, Zakład Agroturystyki i Rozwoju Obszarów Wiejskich, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin

Badania miały na celu analizę zmian zachodzących w populacjach bakterii i grzybów glebowych, w drugim i trzecim roku nawożenia podłożem popieczarkowym. Odpad stosowano w trzech wariantach tj. oddzielnie oraz łącznie z nawożeniem mineralnym NPK w niższej i wyższej dawce. Uzyskane wyniki wykazały, że odpad wpłynął negatywnie na rozwój bakterii oligotroficznych i celuloリティcznych. Efekt nasilił się wraz z upływem czasu i uwidocznił się szczególnie w przypadku bakterii celuloリティcznych. Oddziaływanie odpadu zastosowanego łącznie z nawożeniem NPK na rozwój grzybów było początkowo pozytywne, ale wraz z upływem czasu osłabło. Analiza względnej ilości DNA wykazała, że w obu latach badań parametr ten zarówno w przypadku bakterii jak i grzybów wykazywał wyższy poziom we wszystkich obiektach z odpadem. Efekt ten uwidocznił się wyraźniej w obiektach z nawożeniem mineralnym. Aktywność βglukozydazy podlegała stymulacji w pojedynczych obiektach z odpadem zastosowanym łącznie z NPK. Natomiast wprowadzenie samego odpadu spowodowało spadek tego parametru utrzymujący się również w kolejnym roku. Aktywność hydrolityczna fluoresceiny wzrosła pod wpływem wszystkich wariantów nawożenia odpadem, ale tylko w pierwszym terminie.

The effect of several years of fertilization with spent mushroom substrate on the populations of soil bacteria and fungi

The research was aimed at analyzing changes in the populations of soil bacteria and fungi in the second and third year of fertilization with the spent mushroom substrate. The waste was used in three variants, i.e. separately and together with mineral fertilization with NPK in a lower and higher dose. The obtained results showed that the waste had a negative impact on the development of oligotrophic and cellulolytic bacteria. The effect intensified over time and was particularly visible in the case of cellulolytic bacteria. The impact of the waste used together with NPK fertilization on the development of fungi was initially positive, but weakened over time. Analysis of the relative amount of DNA showed that in both years of research, this parameter, both in the case of bacteria and fungi, showed a higher level in all objects with waste. This effect was more pronounced in objects with mineral fertilization. β-glucosidase activity was stimulated in single objects with waste used together with NPK. However, the introduction of the waste itself caused a decrease in this parameter, which was also maintained in the following year. The hydrolytic activity of fluorescein increased under the influence of all variants of waste fertilization, but only in the first term.

Efekt działania izofetamidu na populację bakterii i archeonów w glebach

Urszula Wydro¹, Agata Jabłońska-Trypuć¹, Elżbieta Wołejko¹

Politechnika Białostocka, Wydział Budownictwa i Nauk o Środowisku, Katedra Chemii, Biologii i Biotechnologii, ul. Wiejska 45E, 15-351 Białystok

Zanieczyszczenia, takie jak pestycydy mają negatywny wpływ na mikroorganizmy występujące w glebie, co powoduje spadek jej żyzności i urodzajności. Celem pracy było zbadanie wpływu izofetamid (fungicyd) na liczebność bakterii i archeonów w glebie pod uprawą sałaty. Założono eksperyment wazonowy w warunkach kontrolowanych, w których na sadzonki sałaty aplikowano preparat KENJA 400 S.C. w dawce 0,5l/ha (F5) i 1l/ha (F10) zawierający substancję czynną izofetamid (400 g/l). Próbkę gleby pobrano po 24h, 10 dniach i 20 dniach po wykonaniu zabiegu i oznaczono w nich główne właściwości fizykochemiczne i enzymatyczne. Liczebność archeonów i bakterii oznaczono jako liczba kopii genu 16S rRNA specyficznych dla badanych mikroorganizmów, z kolei liczebność bakterii i archeonów nityfikacyjnych określono poprzez amplifikację genu *amoA*. Analizy wykonano stosując technikę *real-time* PCR.

Wyniki badań własnych wykazały, że liczebność badanych mikroorganizmów glebowych zmieniała się podczas trwania eksperymentu, przy czym najniższą liczbę badanych mikroorganizmów odnotowano po 24h. Stwierdzono również wpływ dawki fungicydu na bakterie i archeony. Wyższa dawka powodowała istotne obniżenie liczebności bakterii nityfikacyjnych w porównaniu do kontroli.

Badania zostały zrealizowane w ramach pracy nr WZ/WB-IIŚ/6/2022 w Politechnice Białostockiej i sfinansowane z subwencji badawczej przekazanej przez Ministra Edukacji i Nauki

Effect of isofetamide on bacterial and archaeal populations in soils

Pollutants such as pesticides have a negative impact on soil microorganisms, resulting in a decrease in soil fertility. The aim of this study was to investigate the effect of isofetamide (fungicide) on the abundance of bacteria and archaeons in soil under lettuce cultivation. A pot experiment was conducted in controlled conditions with the simultaneous application of KENJA 400 S.C. fungicide containing the active ingredient isofetamid (400 g/l) on lettuce seedlings at doses: 0.5l/ha (F5) and 1l/ha (F10). The soil samples were collected 24 hours, 10 days and 20 days after isofetamide application and the main physicochemical and enzymatic properties were determined. The abundance of archaeons and bacteria was estimated as the number of copies of the 16S rRNA gene specific to the studied microorganisms, while the abundance of nitrifying bacteria and archaeons was determined by amplification of the *amoA* gene. Analyses were performed using *real-time* PCR.

On the basis of the obtained results, we observed that the abundance of the studied soil microorganisms changed during the experiment, with the lowest number of studied microorganisms recorded after 24h. The effect of the fungicide dose on bacteria and archaeons was also studied. The higher dose caused a significant reduction in the abundance of nitrifying bacteria as compared to the control.

Wpływ odcieków ze składowiska odpadów na populację bakterii i archeonów w glebach

Elżbieta Wołejko¹, Agata Jabłońska-Trypuć¹, Urszula Wydro¹

Politechnika Białostocka, Wydział Budownictwa i Nauk o Środowisku, Katedra Chemii, Biologii i Biotechnologii, ul. Wiejska 45E, 15-351 Białystok

Odcieki ze składowisk stanowią potencjalnie niebezpieczne produkty uboczne powstające przy składowaniu różnego rodzaju odpadów. Jednym z elementów środowiska, na który odcieki mają bezpośrednie oddziaływanie, jest gleba oraz zamieszkujące ją mikroorganizmy. Badania przeprowadzono w warunkach laboratoryjnych gdzie do gleb aplikowano dwie dawki odcieku: L1 (50% dawki azotu) i L2 (100% dawki azotu). Po 6 ty tygodniach eksperymentu, pobrano próbki gleby, w których określono wybrane właściwości fizykochemiczne oraz liczebność archeonów i bakterii na podstawie liczby kopii genu 16S rRNA specyficznych dla tych mikroorganizmów stosując metodę qPCR. Na podstawie otrzymanych wyników stwierdzono, że po aplikacji L2 odcieku nastąpiło obniżenie liczby kopii genu bakteryjnego w porównaniu do kontroli. Z kolei, najwyższa wartość liczby kopii genu archeonów była obserwowana po aplikacji do gleby L1. Uzyskane wyniki pozwoliły stwierdzić, że gleba w pobliżu składowisk odpadów może być narażona na działanie odcieków, które po przedostaniu się do środowiska mogą negatywnie oddziaływać na liczebność mikroorganizmów.

Badania zostały zrealizowane w ramach pracy nr WZ/WB-IIS/6/2022 i sfinansowane z subwencji badawczej przekazanej przez Ministra Edukacji i Nauki

The effect of landfill leachate on the population of bacteria and archaea in soil

Leachate from landfills are potentially hazardous by-products resulting from the storage of various types of waste. One of the elements of the environment that may be directly affected by leachate is soil as well as the microorganisms that inhabit it. In laboratory conditions, the leachate was introduced into soil in two doses: L1 (50% of the nitrogen dose) and L2 (100% of the nitrogen dose). After 6 weeks of the experiment, soil samples, in which selected physicochemical properties and the number of archaea and bacteria were determined based on the number of copies of the 16S rRNA gene specific for these microorganisms using the qPCR method, were collected. Based on the obtained results, it was found that after the application of the L2 leachate, there was a decrease in the number of copies of the bacterial gene compared to the control. In turn, the highest value of the archaeal gene copy number was observed after L1 application to the soil. The obtained results allowed to conclude that the soil in the vicinity of landfills may be exposed to leachate, which, once released into the environment, may have a negative impact on the number of microorganisms.

The research was conducted under project No. WZ/WB-IIS/6/2022 at the Białystok University of Technology and supported by the Minister of Education and Science.

Wpływ odcieków ze składowiska odpadów na różnorodność genetyczną grzybów w glebach

Agata Jabłońska-Trypuć¹, Elżbieta Wołejko¹, Urszula Wydro¹

Politechnika Białostocka, Wydział Budownictwa i Nauk o Środowisku, Katedra Chemii, Biologii i Biotechnologii, ul. Wiejska 45E, 15-351 Białystok

Jednym z ważniejszych problemów związanym z gromadzeniem odpadów na składowiskach jest obecność potencjalnie szkodliwych substancji co związane jest z przenikaniem opadów atmosferycznych przez składowane odpady do gleby. Powoduje to degradację chemiczną gleby i zmianę aktywności mikroorganizmów glebowych. Celem prezentowanych badań było określenie wpływu odcieków składowiskowych na wybrane właściwości gleb. W doświadczeniu wazonowym odciek dodawano do gleby w dwóch dawkach: L1 (50% dawki azotu) i L2 (100% dawki azotu). W próbkach gleby określono wybrane właściwości fizykochemiczne, aktywność enzymów, różnorodność grzybów metodą T-RFLP. Stwierdzono, że badane odcieki powodują wzrost aktywności dehydrogenaz i spadek β -glukozydazy. W glebach traktowanych odciekami najbardziej specyficznymi terminalnymi fragmentami restrykcyjnymi dla grzybów były T-RF (375) pz, (365) pz i (575) pz. Odcieki ze składowisk to złożone matryce o zmiennym składzie, co oznacza, że ich wpływ na środowisko glebowe musi być stale monitorowany.

Badania zostały zrealizowane w ramach pracy nr WZ/WB-IIŚ/6/2022 w Politechnice Białostockiej i sfinansowane z subwencji badawczej Ministra Edukacji i Nauki

The effect of landfill leachate on the genetic diversity of fungi in soils

One of the most important problems related to the accumulation of waste in landfills is the presence of potentially harmful substances, which is related to the penetration of precipitation through the stored waste into the soil. This causes chemical degradation of the soil and changes in the activity of soil microorganisms. The aim of the presented research was to determine the impact of landfill leachate on selected soil properties. In the pot experiment, the leachate was added to the soil in two doses: L1 (50% of the nitrogen dose) and L2 (100% of the nitrogen dose). Selected physicochemical properties, enzyme activity and fungal diversity were determined in soil samples using the T-RFLP method. It was found that the tested effluents cause an increase in the activity of dehydrogenases and a decrease in β -glucosidase. In leachate-treated soils, the most specific fungal terminal restriction fragments were T-RF (375) bp, (365) bp and (575) bp. Landfill leachates are complex matrices with variable composition, which means that their impact on the soil environment must be constantly monitored.

The research was conducted under project No. WZ/WB-IIŚ/6/2022 at the Białystok University of Technology and supported by the Minister of Education and Science.

Mock communities jako narzędzie w analizie społeczności mikroorganizmów metodą sekwencjonowania ampliconów genu 16S rRNA.

Adam Furtak¹, Anna Szafranek-Nakonieczna², Anna Pytlak¹

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk,

²Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

Analiza społeczności mikroorganizmów z wykorzystaniem sekwencjonowania ampliconów genu 16S rRNA jest bardzo wydajnym i powszechnie stosowanym narzędziem badań, które jednak nie jest pozbawione wad. Na wynik analizy ma wpływ szereg czynników, tj. np. metoda izolacji kwasów nukleinowych czy wybór starterów amplifikacji. Ponadto istnieje szereg technik sekwencjonowania różniących się zarówno dokładnością jak i wydajnością. W efekcie porównywanie wyników uzyskiwanych w różnych doświadczeniach lub danych literaturowych następuje z trudnością. Co więcej, co do zasady, sekwencjonowanie ampliconów nie jest metodą ilościową i pozwala jedynie na relatywne (%) określenie składu społeczności mikroorganizmów. Ogranicza to możliwości interpretacji wyników uzyskiwanych nawet w ramach jednego eksperymentu. W normalizacji wyników uzyskiwanych z wykorzystaniem sekwencjonowania ampliconów 16S rRNA pomocny może być dodatek wzorca wewnętrznego w postaci mock communities.

Praca powstała w wyniku realizacji projektu badawczego o nr 2021/41/B/NZ9/03130 finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki.

Mock communities as a tool in microbial community analysis by 16S rRNA gene amplicon sequencing.

Analysis of microbial communities using sequencing of 16S rRNA gene amplicons is a very powerful and widely used research tool, which, however, it is not without drawbacks. A number of factors influence the outcome of the analysis, such as the method of nucleic acid isolation or the choice of sequencing primers. In addition, there is a number of sequencing techniques that vary both in accuracy and efficiency of the reaction. As a result, it is problematic to compare results from different experiments. Furthermore, as a general rule, amplicon sequencing is not a quantitative method and allows only a relative (%) determination of the composition of the microbial community. This reduces the interpretability of the results obtained even within a single experiment. The addition of an internal standard in the form of mock communities can be helpful in normalising the results obtained using 16S rRNA amplicon sequencing.

This work is the result of research project no. 2021/41/B/NZ9/03130 funded by the National Science Centre.

Konsorcjum mikrobiologiczne przeznaczone do bioremediacji zanieczyszczeń atrazyną w środowisku glebowym

Paulina Supel¹, Monika Faruga¹, Grzegorz Bartkiewicz²,
Jan Dziura-Bartkiewicz², Paweł Kaszycki¹

¹Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków

²Petroster Spółka Jawna, ul. B. Leśmiana 2, 30-240 Kraków

Zanieczyszczenie środowiska naturalnego atrazyną jest wyjątkowo uciążliwe ze względu na wysoką toksyczność tego pestycydu i jego niewielką podatność na biodegradację. W badaniach wyselekcjonowano zestaw 26 szczepów bakterii środowiskowych, przejawiających tolerancję na podwyższone stężenia atrazyny. Ze szczepów tych skonstruowano konsorcjum, które poddano immobilizacji i biologicznej stabilizacji na nośnikach organicznych. Otrzymany preparat przetestowano pod kątem jego zdolności do bioremediacji atrazyny w doświadczeniu modelowym, w glebie suplementowanej ksenobiotykiem w stężeniu 217 mg/kg, w ciągu 12 tygodni. Wyniki wskazują na wysoki potencjał degradacyjny zastosowanego konsorcjum względem atrazyny, przy czym zaszczepienie gleby preparatem immobilizowanym skutkowało większą efektywnością biodegradacji w porównaniu z podaniem płynnej hodowli mikroorganizmów (odpowiednio 27% i 14%). Liczebność bakterii w glebie była stabilna (rzędu 10^7 jtk/g s.m.) podczas obserwacji. Po zakończeniu doświadczenia analizowano bioróżnorodność bakterii w glebie poddanej bioremediacji i pozyskano 10 izolatów, z których połowa pochodziła z konsorcjum wykorzystanego jako inoculum.

Praca wykonana w ramach projektu badawczego POIR.01.01.01-00-0451/19, dofinansowanego ze środków NCBR

Microbial consortium for bioremediation of atrazine contamination in the soil environment

Environmental contamination with atrazine is extremely damaging due to the high toxicity and low biodegradability of this pesticide. The study consisted of selection of a set of 26 strains of environmental bacteria tolerant to elevated atrazine concentrations. Based on these strains, a microbial consortium was constructed, then immobilized and biologically stabilized on organic carriers. The consortium was tested for its bioremediation potential towards atrazine in a model experiment involving soil doped with this xenobiotic at a concentration of 217 mg/kg over 12 weeks. The results indicate high atrazine degradation capability of the consortium, with better biodegradation yield obtained for inoculation with the immobilized community compared to the liquid microbial biocenosis (27% and 14%, respectively). A stable bacterial frequency (of the order of 10^7 cfu/g d.m.) was observed throughout the experiment. Having completed the test, soil bacterial biodiversity was analyzed and ten isolates were obtained, half of which were the component strains of the consortium used as an inoculum.

The work was financially supported by the National Centre for Research and Development research project POIR.01.01.01-00-0451/19

Wpływ biostymulantów na funkcjonalne zróżnicowanie mikrobiomu ryzosfery konopi siewnych (*Cannabis sativa* L.) uprawianych na glebie zanieczyszczonej metalami

Karolina Jaros¹, Jolanta Jaroszuk-Ściśle¹, Piotr Sugier¹, Anna Marzec-Grządziel²,
Agata Janczarek², Anna Gałązka², Jaco Vangronsveld¹,
Małgorzata Wójcik¹

¹Institut Nauk Biologicznych, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

²Zakład Mikrobiologii Rolniczej, IUNG – PIB w Puławach

Biostymulanty to uznane substancje poprawiające jakość i ilość plonów, a także tolerancję roślin na stropy biotyczne i abiotyczne. Pośredni mechanizm ich działania polega na zmianie właściwości gleby i jej mikrobiomu. W sąsiedztwie metalonośnej hałdy odpadów poflotacyjnych uprawiano konopie siewne w trzech wariantach doświadczalnych: bez dodatku biostymulanta (Kontrola) (1) oraz z dodatkiem preparatów: Lonite – substancje humusowe (2), Lonite i Symbivit – grzyby mykoryzowe (3). Celem doświadczenia było porównanie liczebności i aktywności fizjologicznej mikrobiomu ryzosfery konopi, uprawianych w warunkach stresu metali, po 4 i 12 tygodniach od zastosowania preparatów. Zaobserwowano charakterystyczne dla okresu wegetacji i wariantu uprawy zależności pomiędzy liczebnościami mikroorganizmów przedstawionymi jako liczba kopii 16S rRNA i liczba JTK grzybów i bakterii oligo- i koptroficznych oraz aktywnością dehydrogenazy i profilem fizjologicznym wyznaczonym za pomocą Biolog EcoPlate (wartości AWCD, R i Shanon index).

Projekt otrzymał dofinansowanie z Programu Badań i Innowacji Unii Europejskiej Horyzont 2020 w ramach Umowy o Grant nr 101006873 (projekt GOLD)

The influence of biostimulants on the functional diversity of the rhizosphere microbiome of hemp (*Cannabis sativa* L.) grown on soil contaminated with metals

Biostimulants are recognized substances that improve the quality and quantity of crops, as well as plant tolerance to biotic and abiotic stresses. The indirect mechanism of their action is to change the properties of the soil and its microbiome. In the vicinity of a metalliferous post-flotation waste heap, industrial hemp was cultivated in three experimental variants: without the addition of a biostimulant (Control) (1), and with the addition of Lonite – fulvic/humic acids (2), or Lonite and Symbivit – mycorrhizal fungi (3). The aim of the study was to compare the abundance and physiological activity of the rhizosphere microbiome of hemp grown under metal stress conditions 4 and 12 weeks after application of the biostimulants. Relationships were observed, characteristic for the vegetation period and experimental variant, between microbial abundances presented as the number of 16S rRNA copies and the JTK number of oligo- and copiotrophic fungi and bacteria, as well as dehydrogenase activity and physiological profile determined using Biolog EcoPlate (AWCD, R and Shanon index values).

This work has received funding from the European Union's Horizon 2020 Research and Innovation Programme under the Grant Agreement No 101006873 (GOLD project)

Antygrzybowe działanie ekstraktów roślinnych na wzrost patogenów roślinnych — badanie *in vitro*

Weronika Kursa, Agnieszka Jamiołkowska

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Katedra Ochrony Roślin ul. Stanisława Leszczyńskiego 7

Nabywanie odporności na substancje czynne oraz wycofywanie wielu fungicydów doprowadziło do poszukiwania nowych rozwiązań w ochronie roślin. Celem badań była laboratoryjna ocena fungistatycznego działania ekstraktów z wrotyczu pospolitego (T), krwawnika pospolitego (Y), szaławii pospolitej (S) i piołunu (W) na wybrane gatunki fitopatogenne grzybów (*Alternaria alternata*, *Botrytis cinerea*, *Colletotrichum coccodes* i *Fusarium oxysporum*). Zastosowano 5%, 10% i 20% stężenia ekstraktów w celu oceny ich wpływu na liniowy wzrost grzybów oraz hamowanie ich wzrostu w stosunku do kontroli. Ekstrakty hamowały wzrost grzybów w różnym stopniu, w zależności od gatunku grzyba, stężenia i czasu działania ekstraktu. 20% ekstrakty z szaławii wykazały najsilniejsze działanie hamujące na wzrost badanych grzybów (S20: 81,8%), natomiast 10% i 5% ekstrakty z tej rośliny były już mniej skuteczne w hamowaniu wzrostu testowanych patogenów (najwyższy współczynnik hamowania dla S10: 75,3%; S5: 68,1%). Wyciągi z wrotyczu, krwawnika i piołunu wykazywały słabsze działanie grzybobójcze. Ich 20% stężenie hamowało rozwój grzybni na poziomie 44,2% (Y20) i 50,0% (T20) i 73,7% (W20). Stężenia 5% i 10% tych ekstraktów w najmniejszym stopniu ograniczały wzrost badanych grzybów (Y5: 5,1%; T5: 8,5%; W5: 3,1%; Y10: 6,6%; T10: 6,6%; W10: 3,6%), a nawet stymulowały wzrost grzybów testowych.

Antifungal effect of plant extracts on the growth of plant pathogens - an *in vitro* study

The development of resistance to active substances and the withdrawal of fungicides led to the search for new solutions in plant protection. The aim of the research was the laboratory evaluation of the fungistatic effect of tansy (T), yarrow (Y), sage (S) and wormwood (W) extracts on selected phytopathogenic species of fungi (*Alternaria alternata*, *Botrytis cinerea*, *Colletotrichum coccodes* and *Fusarium oxysporum*). 5%, 10% and 20% concentrations of extracts were used to assess their effect on the linear growth of fungi and inhibition of their growth in relation to the control. The extracts inhibited the growth of fungi to a different extent, depending on the type of fungus, concentration and duration of action of the extract. 20% extract of sage showed the strongest inhibitory effect on the growth of the tested fungi (S20: 81.8%), while 10% and 5% extracts from this plant were less effective in inhibiting the growth of the tested pathogens (the highest inhibition factor for S10: 75.3 %; S5: 68.1%). Tansy, yarrow and wormwood extracts showed a weaker fungistatic effect. Their 20% concentration inhibited the growth of mycelium at the level of 44.2% (Y20), 50.0% (T20) and 73.7% (W20). Concentrations of 5% and 10% of these extracts limited the growth of the tested fungi the least (Y5: 5.1%; T5: 8.5%; W5: 3.1%; Y10: 6.6%; T10: 6.6%; W10: 3.6%), and even stimulated the growth of these tested fungi.

Konkurencyjne oddziaływania szczepów *Trichoderma* spp. w stosunku do fitopatogenów *Fusarium* spp. na podstawie analizy profili metabolicznych w teście BIOLOG oraz tempa wzrostu

Renata Tyśkiewicz¹, Artur Nowak², Ewa Ozimek², Elżbieta Patkowska³,
Jolanta Jaroszuk-Ścisiel²

¹ Sieć Badawcza Łukasiewicz – Instytut Nowych Syntez Chemicznych w Puławach,

² Uniwersytet Marii Curie Skłodowskiej w Lublinie, ³ Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Konkurencja o składniki pokarmowe i przestrzeń jest jednym z najważniejszych działań w biologicznej ochronie roślin. Mykopasożytnicze grzyby należące do rodzaju *Trichoderma* są powszechnie znane z szybkiego tempa wzrostu oraz uważane są za agresywnych konkurentów. Szybko kolonizują różne substraty i eliminują wolniej rosnące patogeny. Ocena profili metabolicznych w systemie Biolog FF MicroPlate posłużyła do zbadania potencjału biokontrolnego szczepów *T. harzianum* (ThG360) i *T. koningiopsis* (TkSk356) oraz wykazała, że testowane izolaty mogą konkurować z fitopatogenami *F. culmorum* (Fc37) i *F. oxysporum* (Fc38) o składniki odżywcze dostępne w ryzosferze, zwłaszcza intensywnie wykorzystywane przez mykopasożyty węglowodany proste, alkohole cukrowe oraz oligosacharydy. Analiza tempa wzrostu strzępek wykazała, że szczepy *Trichoderma* spp. charakteryzowały się wyraźnym, nawet 2- i 4-krotnie wyższym tempem wzrostu grzywni odpowiednio na prostych substratach węglowych oraz alkoholach cukrowych. Wartość współczynnika tempa wzrostu grzywni (R) dla badanych szczepów rosnących na dwóch minimalnych stałych podłożach, których główne źródło węgla stanowiła glukoza lub sacharoza, była kilkunastokrotnie wyższa dla szczepów *Trichoderma* spp. (34,54–2102,75 jednostek R) niż dla fitopatogenów *Fusarium* spp. (6,98–263,76 jednostek R).

Competitive effects of *Trichoderma* spp. strains against *Fusarium* spp. phytopathogens based on the analysis of metabolic profiles in the BIOLOG test and growth rate

Competition for nutrients and space is one of the most important activities in biological plant protection. Mycoparasitic fungi belonging to the genus *Trichoderma* are widely known for their rapid growth rate and are considered aggressive competitors. They quickly colonize various substrates and eliminate slower-growing pathogens. The assessment of metabolic profiles in the Biolog FF MicroPlate system was used to examine the biocontrol potential of *T. harzianum* (ThG360) and *T. koningiopsis* (TkSk356) strains and showed that the tested isolates can compete with the phytopathogens *F. culmorum* (Fc37) and *F. oxysporum* (Fc38) with nutrients intensively used by mycoparasites, such as simple carbohydrates, sugar alcohols and oligosaccharides. *Trichoderma* spp. strains were characterized by a clear, even 2- and 4-times higher growth rate of mycelium on simple carbon substrates and sugar alcohols, respectively. The value of the mycelial growth rate (R) for the tested strains growing on two minimal solid substrates, whose main carbon source was glucose or sucrose, was several times higher for *Trichoderma* spp. strains (34.54–2102.75 R units) than for *Fusarium* spp. phytopathogens (6.98–263.76 R units).

Występowanie wybranych genów wirulencji u bakterii z rodzaju *Campylobacter* izolowanych od koni pełnej krwi angielskiej

Marek Selwet

Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Celem prowadzonych badań było określenie częstotliwości występowania wybranych genów wirulencji (*cadF*, *flaA*, *iam*) oraz genów warunkujących powstawanie cytotoksyny CDT (*cdtA*, *cdtB*, *cdtC*) u bakterii *Campylobacter* spp. Obiekt badawczy stanowiło 100 próbek kału pobranych od klaczy koni pełnej krwi angielskiej niewykazujących objawów campylobakteriozy. Izolacji *Campylobacter* spp. dokonano na podłożu Karmali. W celu potwierdzenia obecności bakterii z rodzaju *Campylobacter* wykonano test biochemiczny API Campy. Różnicowanie gatunkowe bakterii wykonano z zastosowaniem metody Real-time PCR z systemem BAX System Real-Time PCR Assay for *Campylobacter*. Identyfikacji genów *cadF*, *flaA*, *iam*, *cdtA*, *cdtB*, *cdtC* dokonano z zastosowaniem techniki PCR. Obecność bakterii z rodzaju *Campylobacter* spp. stwierdzono u 25 osobników (25%). Zastosowane w badaniach techniki biologii molekularnej pozwoliły spośród próbek pozytywnych wyodrębnić następujące gatunki bakterii: *C. jejuni* (68%); *C. coli* (28%) i *C. lari* (4%). Łącznie w obrębie oznaczonych gatunków stwierdzono występowanie genów: *cadF* (n=10); *flaA* (n=5); *iam* (n=3); *cdtA* (n=1); *cdtB* (n=10) i *cdtC* (n=2). U żadnego z pozyskanych izolatów nie stwierdzono jednoczesnego występowania genów odpowiedzialnych za syntezę toksyny CDT.

Occurrence of selected virulence genes in *Campylobacter* bacteria isolated from English Thoroughbred horses

The aim of the conducted studies was to determine the frequency of selected virulence genes (*cadF*, *flaA*, *iam*) and genes determining CDT cytotoxin formation (*cdtA*, *cdtB*, *cdtC*) in *Campylobacter* spp. The study object consisted of 100 fecal samples collected from mares of thoroughbred English horses showing no signs of campylobacteriosis. Isolation of *Campylobacter* spp. was performed on Karmali medium. An API Campy biochemical test was performed to confirm the presence of *Campylobacter* bacteria. Species differentiation of bacteria was performed using Real-time PCR with the BAX System Real-Time PCR Assay for *Campylobacter*. Identification of *cadF*, *flaA*, *iam*, *cdtA*, *cdtB*, *cdtC* genes was performed using PCR. The presence of *Campylobacter* spp. was found in 25 individuals (25%). The molecular biology techniques used in the study made it possible to isolate the following bacterial species from the positive samples: *C. jejuni* (68%); *C. coli* (28%) and *C. lari* (4%). A total of the following genes were found within the determined species: *cadF* (n=10); *flaA* (n=5); *iam* (n=3); *cdtA* (n=1); *cdtB* (n=10) and *cdtC* (n=2). None of the isolates obtained showed the simultaneous presence of genes responsible for CDT toxin synthesis.

Kształtowanie się różnorodności bakterii i grzybów w trakcie rozwoju znamion słupka w kwiatach gatunków holopasożytniczych *Orobanche alsatica* i *O. bartlingii* (Orobanchaceae)

Karolina Ruraż¹, Sebastian Wojciech Przemieniecki², Renata Piwowarczyk¹

¹Centrum Badań i Ochrony Różnorodności Biologicznej, Zakład Biologii Środowiska, Instytut Biologii, Uniwersytet Jana Kochanowskiego w Kielcach

²Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Podstawowa wiedza na temat mikrobiomu związanego z kwiatami pozostaje w dużej mierze nieznana, zwłaszcza w odniesieniu do zagrożonych gatunków roślin. Celem badań była analiza różnorodności mikroorganizmów zasiedlających znamiona słupka dwóch spokrewnionych holopasożytniczych gatunków *Orobanche* (*O. alsatica* i *O. bartlingii*), ze stanowisk oddalonych od siebie o około 90 km. Za pomocą techniki NGS zbadano jak kształtuje się dynamika społeczności bakteryjnych i grzybowych w różnych stadiach rozwoju znamion. Znamiona słupka roślin pasożytniczych stanowią bardzo bogate siedlisko bakterii głównie Enterobacteriaceae, *Cellulosimicrobium*, *Pantoea* i *Pseudomonas* (75% w puli OTU), a także grzybów *Aureobasidium*, *Cladosporium*, *Malassezia*, *Mycosphaerella* i Pleosporales (53% w puli OTU). Wykazano, że zarówno mikrobiom bakteryjny i grzybowy był bardziej różnorodny w przypadku znamion dojrzałych. Zidentyfikowane mikroorganizmy mogą pełnić kluczowe role w wielu procesach związanych z rozwojem tej specyficznej grupy roślin.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki (nr 2021/05/X/NZ8/01154) i Uniwersytet Jana Kochanowskiego w Kielcach (nr SUPB.RN.21.244, 22.132 i 23.244).

Formation of bacterial and fungal diversity during the development of pistil stigmas in flowers of holoparasitic species *Orobanche alsatica* and *O. bartlingii* (Orobanchaceae)

The basic understanding of the flower-related microbiome remains largely unknown, especially in relation to endangered plant species. The aim of the study was to analyze the diversity of microorganisms inhabiting the stigmas of two related holoparasitic *Orobanche* species (*O. alsatica* and *O. bartlingii*), from sites approximately 90 km apart. Using the NGS technique, the dynamics of bacterial and fungal communities at various stages of stigmas development was examined. The stigmas of the pistil of parasitic plants are a very rich habitat for bacteria, mainly Enterobacteriaceae, *Cellulosimicrobium*, *Pantoea* and *Pseudomonas* (75% OTU), as well as fungi *Aureobasidium*, *Cladosporium*, *Malassezia*, *Mycosphaerella* and Pleosporales (53% OTU). Both bacterial and fungal microbiomes were shown to be more diverse in mature stigmas. The identified microorganisms may play key roles in many processes related to the development of this specific group of plants.

The research was funded by the National Science Centre (No. 2021/05/X/NZ8/01154) and Jan Kochanowski University in Kielce (No. SUPB.RN.21.244, 22.132 and 23.244).

Reakcja mikroflory grzybowej na obecność produktów spalania drewna w glebach leśnych.

Piotr Boroń¹, Ewa Błońska², Jarosław Lasota², Tomasz Babiak³, Wojciech Piaszczyk²,
Wojciech Prażuch², Hanna Stępniewska¹, Robert Jankowiak¹, Anna Lenart-Boroń⁴

¹Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie

²Katedra Ekologii i Hodowli Lasu, Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie

³Biuro Urządzania Lasu i Geodezji Leśnej oddział w Szczecinku

⁴Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie

Intensywne użytkowanie lasu, a zwłaszcza pozyskanie drewna, wiąże się z ryzykiem pogorszenia dostępności związków odżywczych. Jedną z proponowanych metod zaradczych jest wykorzystanie produktów spalania drewna, tj. węgla drzewnego i popiołu, jako nawozów naturalnych. Jednak ważnym etapem przy ocenie przydatności metod tego typu jest ocena ich wpływu na zasobność i różnorodność mikroflory glebowej, której kluczowym elementem w środowisku leśnym są grzyby. W związku z tym w dwóch doświadczeniach przeprowadzono analizę składu gatunkowego grzybów w glebach leśnych wzbogaconych w węgiel drzewny (pozostałości mielerzy używanych do wyrobu węgla drzewnego) i w popiół uzyskany ze spalania drewna jesionu (doświadczenie z użyciem 3, 4,5 i 6 t/ha). Nasze wyniki pokazują, że dodatek węgla drzewnego zwiększa różnorodność mikroflory grzybowej, podczas gdy popiół drzewny bardzo silnie modyfikuje jej strukturę filogenetyczną. Jego dodatek (dawka 6 t/ha) spowodował odwrócenie proporcji pomiędzy *Ascomycota* i *Basidiomycota* upodabniając w tym aspekcie gleby leśne do zbiorowisk trawiastych. Jednak najbardziej znaczącym efektem dużych dawek popiołu był dramatyczny spadek liczebności grzybów ektomykoryzowych, których udział w porównaniu do kontroli był mniejszy o 93,75%.

The impact of wood-burning byproducts on the fungal communities in forest soils.

Intense land management, particularly heavy wood harvesting, may lead to decreased nutrient availability. One of proposed remedies for this problem involves fertilization with wood-burning byproducts, such as charcoal or wood ash, that could be an attractive alternative for mineral fertilizers. However, an important step in developing such procedures is evaluation of their impact on abundance and biodiversity of soil microbiota whose key component in forests are fungi. Thus, this study describes results of two independent experiments involving analysis of species composition of fungi in forest soils augmented with biochar (relic charcoal hearths used in the past for charcoal production) and with European ash wood ash (fertilization experiment using 3, 4.5, and 6 t/ha). Our results indicate that biochar admixture significantly increases biodiversity of fungal microflora in forest soil while wood ash very strongly modifies its phylogenetic structure. Its addition completely overturned *Ascomycota* / *Basidiomycota* ratio in forest soils coming close in this regard to grassland soils. However, the most notable effect of high doses of wood ash (6 t/ha) was dramatic decrease of ectomycorrhizal fungi whose abundance compared to control was lower by 93.75%.

Analiza mikrobiomu osadu czynnego w oparciu o różne regiony genu kodującego 16S rRNA

Wiktor Babis¹, Maciej Florczyk¹, Agnieszka Cydzik-Kwiatkowska¹, Jan Jastrzębski², Sławomir Ciesielski¹

¹ Katedra Biotechnologii w Ochronie Środowiska, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie,

²Katedra Fizjologii, Genetyki i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Wysokoprzepustowe sekwencjonowanie DNA jest coraz częściej stosowane do charakteryzowania struktury mikrobiomu osadu czynnego. Jednakże, do tej pory nie dokonano standaryzacji metody w kontekście wyboru do analizy konkretnego regionu 16S rRNA. W dużym stopniu utrudnia to porównywanie wyników uzyskiwanych w różnych laboratoriach. Dlatego też celem niniejszej pracy było porównanie wyników sekwencjonowania trzech zmiennych regionów 16S rRNA (V1-V3, V3-V4, V4-V5). Uzyskane wyniki dowiodły, że badane próbki były najmniej różnorodne gdy wykorzystano region V1-V3. W tym przypadku otrzymano najmniejszą liczbą OTU oraz najniższe wskaźniki bioróżnorodności (Shannon'a i Simpson'a). Analiza regionu V3-V4 wykazała najwyższą liczbę OTU oraz najwyższe wskaźniki bioróżnorodności. Otrzymane wyniki sugerują, że najbardziej wartościowym regionem genu 16S rRNA do analiz osadu czynnego jest region V3-V4.

Badania finansowane w ramach projektu *Integrated system for Simultaneous Recovery of Energy, organics and Nutrients and generation of valuable products from municipal wastewater project* (nr NOR/POLNOR/SIREN/0069/2019-00)

Activated sludge microbiome analysis based on different regions of the 16S rRNA gene

The high-throughput DNA sequencing methods is increasingly used to characterize the structure of the activated sludge microbiome. However, the method is not yet standardized in terms of selecting a specific 16S rRNA region for analysis. This makes it difficult to compare the results obtained in different laboratories. Therefore, the aim of this study was to compare the sequencing results of three variable 16S rRNA regions (V1-V3, V3-V4, V4-V5). The results showed that the studied samples were the least diverse when the V1-V3 region was used. In this case, the lowest number of OTUs and the lowest biodiversity indicators (Shannon and Simpson indices) were obtained. The analysis of region V3-V4 resulted in the highest number of OTUs and the highest biodiversity indices. The obtained results suggest that the most valuable region of the 16S rRNA gene for the analysis of activated sludge is the V3-V4 region.

This research funded under the project *Integrated system for Simultaneous Recovery of Energy, organics and Nutrients and generation of valuable products from municipal wastewater project* (nr NOR/POLNOR/SIREN/0069/2019-00)

Analiza porównawcza genów *csp* uczestniczących w adaptacji bakterii symbiotycznych *Rhizobium leguminosarum* do stresu zimna

Monika Janczarek¹, Paulina Adamczyk¹, Michał Kalita², Anna Gromada¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, ²Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin, e-mail: monika.janczarek@mail.umcs.pl

Rhizobium leguminosarum należy do bakterii glebowych, które posiadają zdolność nawiązywania symbiotycznych interakcji z roślinami bobowatymi i przekształcania azotu atmosferycznego do form azotu dostępnych dla roślin. Różne czynniki środowiskowe, takie jak np. niska temperatura, wpływają na efektywność tego procesu. W adaptacji *R. leguminosarum* do niskich temperatur istotną rolę odgrywają białka CSP (ang. Cold-Shock Proteins).

W tej pracy przeprowadzono analizę sekwencji nukleotydowych siedmiu regionów genomowych *R. leguminosarum* zawierających potencjalne geny *csp*. W wyniku przeprowadzonych analiz wykazano, że geny adaptacji do stresu zimna kodują białka o niskiej masie cząsteczkowej (poniżej 10 kDa). Geny te wykazują również duże podobieństwo długości ORF oraz sekwencji w obrębie analizowanej grupy: *csp1* – 210 nt, *csp2* – 210 nt, *csp3* – 210 nt, *csp4* – 213 nt, *csp6* – 216 nt oraz *csp7* – 285 nt. Jedynym wyjątkiem jest gen *csp5* o długości 579 nt. Geny te są wysoce konserwatywne wśród przedstawicieli gatunków należących do rodzaju *Rhizobium*. Wykazano bowiem bardzo wysokie podobieństwo sekwencji nukleotydowych tych genów (90%-100 %). Uzyskane wyniki potwierdzają, że bakterie *R. leguminosarum* posiadają bogaty zestaw genów zaangażowanych w adaptację do stresu niskich temperatur.

Badania zostały sfinansowane z funduszy projektu NCN nr 2018/31/B/NZ9/00663

Comparative analysis of *csp* genes engaged in adaptation of symbiotic bacterium *Rhizobium leguminosarum* to cold stress

Rhizobium leguminosarum belongs to soil bacteria that possess an ability to establish symbiotic interactions with legumes and reduce atmospheric dinitrogen to nitrogen forms available to plants. Different environmental factors such as a low temperature, influence effectiveness of this process. CSP proteins (Cold Shock Proteins) play an important role in adaptation of *R. leguminosarum* to a low temperature stress.

In this work, analyses of nucleotide sequences of seven genomic *R. leguminosarum* regions with *csp* genes have been performed. It was found that genes engaged in adaptation to cold stress encode proteins of low molecular masses (below 10 kDa). These genes also show a high similarity in respect to their ORF length and sequence identity within the analyzed group: *csp1* – 210 nt, *csp2* – 210 nt, *csp3* – 210 nt, *csp4* – 213 nt, *csp6* – 216 nt and *csp7* – 285 nt. The only one exception is *csp5* of the length 579 nt. The *csp* genes are highly conserved among representatives of *Rhizobium* genus.

This was confirmed by a high nucleotide sequence identity of these genes (90%-100 %). The obtained results confirm that bacteria *R. leguminosarum* possess a rich set of genes engaged in adaptation to low temperature stress.

Zróźnicowanie genetyczne i metaboliczne gleby uprawnej uzyskanej spod monokultury rzodkiewki (*Raphanus sativus* var. *sativus*)

Artur Nowak¹, Anna Marzec-Grządziel², Ewa Ozimek¹, Małgorzata Majewska¹,
Anna Gałązka², Jolanta Jaroszuk-Ścisiel¹

¹ Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, UMCS, Lublin

² Zakład Mikrobiologii Rolniczej, IUNG, Puławy

Zwiększenie produkcji żywności, wymusza prowadzenie hodowli w długotrwałych monokulturach. Przykładem takiej rośliny jest rzodkiewka (*Raphanus sativus* var. *sativus*), gdzie zaraz po zakończeniu jednego cyklu hodowlanego, rozpoczyna się kolejny. W ramach doświadczenia określano aktywność enzymatyczną (dehydrogenazy i fosfatazy) oraz zmienność genetyczną (liczba kopii genu 16S rRNA) w 12 próbach glebowych pobieranych przez cały okres trwania hodowli. Aktywność dehydrogenaz w pierwszym kwartale roku utrzymywała się na zbliżonym poziomie (0,8 µg TPF/h/g), aby następnie wzrosnąć do poziomu 1,4 µg TPF/h/g, początkiem II kwartału. Następnie obserwowano spadek aktywności do poziomu 0,4 µg TPF/h/g. Aktywność fosfataz zasadowych była 1,5-2-krotnie wyższa niż fosfataz kwaśnych. Początkiem II kwartału aktywność fosfataz zasadowych wynosiła 600 µmol PNP/h/g, a kwaśnych 260 µmol PNP/h/g. Liczba kopii genu 16S rRNA była zmienna przez cały okres hodowli. Najwyższą liczbę kopii analizowanego genu zaobserwowano w sierpniu (1,37E7), najmniejszą zaś w lutym (3,43E6). Pierwszy i ostatni kwartał roku charakteryzowała porównywalna liczba kopii genu 16S rRNA (7,74E6; 8,37E6). Analogiczna sytuacja miała miejsce dla II oraz III kwartału (1,12E7; 1,07E7).

Genetic and metabolic variability of cultivated soil obtained from under radish monoculture (*Raphanus sativus* var. *sativus*)

Increasing food production necessitates cultivation in long-term monocultures. An example of such a plant is radish (*Raphanus sativus* var. *sativus*), where as soon as one cultivation cycle is completed, another begins. The experiment determined enzyme activity (dehydrogenase and phosphatase) and genetic variation (number of copies of 16S rRNA gene) in 12 soil samples taken throughout the cultivation period. The activity of dehydrogenases remained at a similar level during the first quarter of the year (0.8 µg TPF/h/g), before increasing to a level of 1.4 µg TPF/h/g by the beginning of the second quarter. Subsequently, a decrease in activity to a level of 0.4 µg TPF/h/g was observed. The activity of alkaline phosphatases was 1.5-2 times higher than that of acid phosphatases. At the beginning of Q2, alkaline phosphatase activity was 600 µmol PNP/h/g and acid phosphatase activity was 260 µmol PNP/h/g. The number of copies of the 16S rRNA gene was variable throughout the entire culture season. The highest copy number of the analysed gene was observed in August (1,37E7), while the lowest in February (3,43E6). The first and last quarters of the year were characterized by a comparable number of copies of the 16S rRNA gene (7,74E6; 8,37E6). The analogous situation was for the second and third quarters (1,12E7; 1,07E7).

Ocena wpływu sposobu przygotowania próbki wody rzecznej na wyniki sekwencjonowania następnej generacji

Karolina Furtak¹, Anna Marzec-Grządziel¹

Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa - Państwowy Instytut Badawczy

Powszechnie stosowaną metodą przygotowania próbek wody do izolacji DNA środowiskowego jest filtrowanie próżniowe próbki wody przez filtry membranowe.

Celem niniejszej pracy było sprawdzenie wydajności 5 sposobów przygotowania próbek wody rzecznej do izolacji DNA. Izolację DNA wykonano zestawem komercyjnym, a sekwencjonowanie następnej generacji wykonano na aparacie Illumina Miseq.

We wszystkich próbkach dominującym rodzajem bakterii był *Pseudomonas*. Jednakże, jego względna liczebność różniła się między próbkami. W zależności od objętości przefiltrowanej wody z przesączu uzyskano: 62-63% ($V = 100$ mL), 59-63.9% ($V = 50$ mL), 17,8-19,4% ($V = 500$ mL), względnej liczebności *Pseudomonas* sp.. Natomiast, izolacja DNA z filtra membranowego ($V = 100$ mL) pozwoliła na uzyskanie 38%, a z osadu po wirowaniu - 27%. Różnice zostały odnotowane dla wszystkich uzyskanych taksonów.

Uzyskane wyniki wskazują, że nawet objętość zastosowanej do filtracji próbki ma wpływ na wyniki uzyskane z sekwencjonowania następnej generacji.

Badania wykonano w ramach projektu nr 2019/35/N/NZ9/00830 pt. „Poszukiwanie bakterii adaptujących się do ekstremalnych warunków wilgotności gleby oraz ocena wpływu stresu hydrologicznego na jakość środowiska glebowego” finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki (NCN).

Assessing the impact of preparation of river water samples on next generation sequencing results

A common method of preparing water samples for environmental DNA isolation is to vacuum filter the water sample through membrane filters.

The aim of the present study was to test the performance of five methods of preparing river water samples for DNA isolation. DNA isolation was performed with a commercial kit, and next-generation sequencing was performed on an Illumina Miseq instrument.

In all samples, *Pseudomonas* was the dominant bacterial genus. However, its relative abundance varied between samples. Depending on the volume of filtered water, the filtrate yielded: 62-63% ($v = 100$ mL), 59-63.9% ($V = 50$ mL), 17.8-19.4% ($V = 500$ mL), of the relative abundance of *Pseudomonas* sp. In contrast, DNA isolation from the membrane filter ($V = 100$ mL) resulted in 38% and from the sediment after centrifugation 27%. Differences were noted for all taxa obtained.

The results indicate that even the volume of sample used for filtration influences the results obtained from next-generation sequencing.

The research was carried out within the framework of project No. 2019/35/N/NZ9/00830 entitled: “The search for bacteria adapting to extreme soil moisture conditions and the assessment of the effects of hydric stress on the quality of the soil environment” funded by the National Science Centre Poland (NCN).

Profil fizjologiczny zbiorowisk bakteryjnych w wodzie z rzeki Wisły

Karolina Furtak

Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa - Państwowy Instytut Badawczy

Wisła jest najdłuższą rzeką w Polsce, a jej wody okresowo zalewają sąsiednie obszary podczas zimowych lub letnich powodzi. Celem niniejszej pracy było określenie potencjału metabolicznego zbiorowisk bakteryjnych w wodzie pobranej z Wisły.

Woda została pobrana z rzeki Wisły w miejscowości Opatkowice w województwie lubelskim. Wodę pobierano z nurtu rzeki do sterylnego pojemnika o pojemności 50 l. Profil metaboliczny mikroorganizmów określono za pomocą metody EcoPlate™ Biolog®.

Analiza potencjału metabolicznego mikroorganizmów wykazała, że były one najbardziej aktywne po 120-godzinnej inkubacji na płytkach EcoPlate™. Wartość indeksu różnorodności Shannona (H') wzrastała liniowo w trakcie inkubacji płytek, tak jak i indeksu AWCD. Najintensywniej degradowaną grupą substratów były węglowodany (36,2%), a najmniej aminy i amidy (5,3%).

Uzyskane wyniki różnią się od rezultatów wcześniejszych badań przeprowadzonych na próbkach z rzeki Wisły pobranych w miejscowości Janowiec. Społeczności bakteryjne w wodach rzecznych wymagają rozszerzonych badań.

Badania wykonano w ramach projektu nr 2019/35/N/NZ9/00830 pt. „Poszukiwanie bakterii adaptujących się do ekstremalnych warunków wilgotności gleby oraz ocena wpływu stresu hydrologicznego na jakość środowiska glebowego” finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki (NCN).

Bacterial community-level physiological profiles in water from Vistula River

The Vistula is the longest river in Poland, and its waters periodically flood neighbouring areas during winter or summer floods. The aim of this study was to determine the metabolic potential of bacterial communities in water taken from the Vistula River.

Water was taken from the Vistula River in Opatkowice, Lublin Province. Water was collected from the river current into a sterile 50-litre container. The metabolic profile of microorganisms was determined using the EcoPlate™ Biolog® method.

Analysis of the metabolic potential of the microorganisms showed that they were most active after a 120-hour incubation on EcoPlate™ plates. The value of the Shannon diversity index (H') increased linearly during incubation of the plates, as did the AWCD index. Carbohydrates were the most intensively degraded substrate group (36.2%) and amines and amides the least (5.3%).

The results obtained differ from those of a previous study conducted on samples from the Vistula River taken at Janowiec. Bacterial communities in river waters require extended research.

The research was carried out within the framework of project No. 2019/35/N/NZ9/00830 entitled: “The search for bacteria adapting to extreme soil moisture conditions and the assessment of the effects of hydric stress on the quality of the soil environment” funded by the National Science Centre Poland (NCN).

Analiza genomu bakterii endofitycznej o potencjalnych cechach umożliwiających zastosowanie jako składnik preparatów mikrobiologicznych

A. Janczarek¹, A. Marzec- Grządziel¹, A. Gałązka¹

¹ Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, Puławy, Zakład Mikrobiologii Rolniczej

Obecność bakterii endofitycznych w tkankach wspomaga wzrost i rozwój roślin. Ponadto ułatwia adaptację do niekorzystnych warunków środowiska. Dzięki właściwościom wykazywanym przez te mikroorganizmy można opracowywać preparaty mikrobiologiczne służące do zwalczania szkodników i chorób upraw.

Charakterystykę wyizolowanych ze środowiska drobnoustrojów można przeprowadzić klasycznymi metodami mikrobiologicznymi lub metodami biologii molekularnej. Obecnie badania nad nowo wykrytymi mikroorganizmami opierają się na technikach sekwencjonowania. Sekwencjonowanie pełnego genomu może dostarczyć wielu informacji na temat pochodzenia szczepu, jego przynależności taksonomicznej oraz charakterystyki fenotypowej. W przeprowadzonych badaniach sekwencjonowanie wykonano w technologii Illumina NovaSeq 6000, Paired end Read, 2 x 150bp.

Badania realizowane w ramach realizacji zadania 1.7 z dotacji pochodzącej ze środków rezerwy budżetowej MRiRW w 2023 r. pt. „Preparaty mikrobiologiczne”

Genome analysis of an endophytic bacterium with potential traits for use as a component of microbial preparations

The presence of endophytic bacteria in tissues promotes plant growth and development. In addition, it facilitates adaptation to unfavorable environmental conditions. Due to the properties exhibited by these microorganisms, microbiological preparations can be developed to control crop pests and diseases.

Characterization of microorganisms isolated from the environment can be carried out by classical microbiological methods or by molecular biology methods. Currently, the study of newly discovered microorganisms is based on sequencing techniques. Sequencing of the full genome can provide a lot of information about the origin of the strain, its taxonomic status and phenotypic characteristics. In the studies conducted, sequencing was carried out using Illumina NovaSeq 6000, Paired end Read, 2 x 150bp technology.

Research carried out within the framework of the implementation of task 1.7 from the grant from the budget reserve of the Ministry of Agriculture and Rural Development in 2023 entitled "Microbiological preparations"

Charakterystyka genetyczna oraz potencjał metaboliczny szczepów bakterii wyizolowanych z ryzosfery roślin uprawnych

Karolina Gawryjolek, Anna Gałązka

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa- Państwowy Instytut Badawczy
Zakład Mikrobiologii Rolniczej

Pozytywne oddziaływanie drobnoustrojów na rozwój rośliny określane jest mianem promowania wzrostu. Bakterie należące do PGPR (ang. *Plant Growth Promoting Rhizobacteria*) wpływają na kondycję roślin między innymi poprzez dostarczenie składników mineralnych, syntezę fitohormonów czy ograniczenie szkodliwego działania patogenów. Celem badań była identyfikacja genetyczna oraz określenie aktywności metabolicznej szczepów bakterii wyizolowanych z ryzosfery jęczmienia i kukurydzy. Na podstawie wyników sekwencjonowania genu 16S rRNA metodą Sangera badane szczepy zidentyfikowano do dwóch rodzajów: *Stenotrophomonas* oraz *Achromobacter*. Potencjał metaboliczny określono przy pomocy systemu Biolog, wykorzystując płytki Gen III, służące do identyfikacji bakterii tlenowych. Na podstawie wyników wykonano mapy cieplne oraz analizę skupień metodą Warda obrazujące zróżnicowanie szczepów pod kątem intensywności zużycia analizowanych związków. Bakterie z rodzaju *Stenotrophomonas* odznaczały się bardzo wysoką aktywnością pod względem rozkładu węglowodanów w porównaniu do szczepów z rodzaju *Achromobacter*.

Badania wykonano w ramach realizacji zadania 1.7 z dotacji pochodzącej ze środków rezerwy budżetowej MRiRW w 2023 r. pt. „Preparaty mikrobiologiczne”

Genetic characteristic and metabolic potential of bacterial strains isolated from the rhizosphere of cultivated plants

The positive effect of microorganisms on the development of the plant is referred to as growth promotion. Bacteria belonging to PGPR affect the condition of plants, among others, by providing minerals, synthesis of phytohormones, or reducing the harmful effects of pathogens. The aim of the study was genetic identification and determination of the metabolic activity of bacterial strains isolated from the rhizosphere of barley and maize. Based on Sanger sequencing 16S rRNA gene we found that bacterial strains belong to two species: *Stenotrophomonas* and *Achromobacter*. The metabolic potential was determined using both the BIOLOG system and GEN III plates. Based on the results the heat maps were made and the cluster analysis according to Ward's method was conducted thus illustrating the diversity of strains in terms of the intensity and pace of the individual compounds consumption. The bacteria of the genus *Stenotrophomonas* were characterized by very high activity in terms of carbohydrate consumption compared to the strains of the genus *Achromobacter*.

Czy istnieje związek między fenyloketonurią a rozwojem mykobioty?

Małgorzata Ostrowska¹, Justyna Jarczak²

¹Katedra Biotechnologii, Mikrobiologii i Żywności Człowieka, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, malgorzata.ostrowska@up.lublin.pl

²Laboratorium Medycyny Regeneracyjnej, Warszawski Uniwersytet Medyczny, justyna.jarczak@wum.edu.pl

Fenyloketonuria (PKU) to choroba należąca do wrodzonych wad metabolizmu, spowodowana jest defektem genu hydroksylazy fenyloalaniny (PAH). Niedobory PAH powodują wzrost stężenia Phe we krwi, która gromadząc się w mózgu powoduje zaburzenia neurologiczne. Dietoterapia osób z PKU polega na restrykcyjnym ograniczeniu podaży produktów zawierających Phe. Celem badawczym pracy było poznanie mykobioty jelita 63-letniego pacjenta z PKU oraz mężczyzny bez PKU (kontrola), od których pobrano kał. Zsekwencjonowano regiony hiperzmiennie grzybowego genu *ITS1* przy użyciu aparatu iSeq100 (Illumina). W PKU przeważającą klasą grzybów stanowiły: *Saccharomycetes* (48,68%), *Dothideomycetes* (9,91%), *Agaricomycetes* (9,25%), natomiast w grupie kontrolnej dominowały *Saccharomycetes* (73,26 %). Z kolei w rodzaju w PKU przeważały: *Saccharomycopsis* (20,21%) and *Candida* (18,57%) natomiast w kontroli: *Cyberlindnera* (53,48%) i *Kazachstania* (8,29%). Zarówno sama dieta jak i predyspozycje genetyczne powodują, iż mykobioty u osób z PKU może różnić się w znacznym stopniu w porównaniu z osobami z grupy kontrolnej.

Badania finansowane przez NCN w ramach projektu nr rej.: 2022/06/X/NZ9/00519

Is there an association between phenylketonuria and the development of mycobiome?

Phenylketonuria (PKU) is a disease belonging to inborn errors of metabolism and is caused by a defect in the phenylalanine hydroxylase (PAH) gene. PAH deficiencies cause an increase in the concentration of Phe in the blood, which accumulates in the brain and causes neurological disorders. Dietary therapy for people with PKU consists of restrictively limiting the supply of Phe-containing products. This study aimed to explore the gut mycobiome of a 63-year-old PKU patient and a male without PKU (control), from whom faeces were collected. Selected hypervariable regions of the fungal *ITS1* gene were sequenced using the iSeq100 instrument (Illumina). In PKU, the predominant fungal classes were: *Saccharomycetes* (48.68%), *Dothideomycetes* (9.91%), *Agaricomycetes* (9.25%), while the control group was dominated by *Saccharomycetes* (73.26%). In contrast, the genus in the PKU was predominant: *Saccharomycopsis* (20.21%) and *Candida* (18.57%) while in the control: *Cyberlindnera* (53.48 %) and *Kazakhstan* (8.29%). Both the diet itself and genetic predisposition mean that the mycobiome in PKU subjects may differ significantly compared to controls.

Research funded by NSC Poland, project reg. no: 2022/06/X/NZ9/00519

Jak metale ciężkie zmieniają mikrobiom nasion?

Rafał Ważny¹, Magdalena Zyzik¹, Roman J. Jędrzejczyk¹, Agnieszka Domka²,
Artur Pliszko³, Piotr Rozpądek¹

¹Małopolska Centre of Biotechnology, Jagiellonian University in Kraków, Poland

²W. Szafer Institute of Botany Polish Academy of Sciences, Kraków, Poland

³Institute of Botany, Jagiellonian University in Kraków, Poland

Abstrakt w języku polskim: Endofity nasion zwiększają przeżywalność siewek oraz mają korzystny wpływ na odpowiedź rośliny na działanie czynników stresu biotycznego i abiotycznego. Niewiele wiadomo jednak, jak metale toksyczne obecne w glebie zmieniają mikrobiom nasion? Wstępne badania wykazały, że siewki *Arabidopsis arenosa* z populacji nieprzystosowanej do wegetacji w warunkach skażenia metalami toksycznymi charakteryzowały się wyższą opornością na metale toksyczne niż siewki z populacji zasiedlającej hałdę pogórnictwa. Dodatkowo, zastosowanie endofitów nasion pochodzących z roślin populacji referencyjnej wykazało pozytywny wpływ na wzrost siewek. Pozwoliło to postawić hipotezę, że wpływ toksyczności metali na kolejne pokolenia roślin może być związany ze zmianami w strukturze zbiorowisk mikroorganizmów zasiedlających nasiona. Różnorodność grzybowej i bakteryjnej mikrobioty nasion *A. arenosa*, pochodzącego z siedlisk skażonych oraz nieskażonych metalami toksycznymi opisano z wykorzystaniem metody sekwencjonowania następnej generacji (NGS). W dalszej kolejności zostanie zbadana wertykalna transmisja endofitów w kolejnych pokoleniach roślin, rosnących w środowisku wzbogaconym w metale toksyczne.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki (OPUS22 nr 2021/43/B/NZ9/03034)

How do heavy metals change the seed microbiome?

Abstrakt w języku angielskim: It is well known that seed endophytes increase seedling viability and have a beneficial effect on the plant's response to biotic and abiotic stresses. However, little is known about how toxic metals present in the soil change the seed microbiome? Preliminary studies showed that *Arabidopsis arenosa* seedlings from a population not adapted to toxic metal contamination had higher resistance to toxic metals than seedlings from a population inhabiting a post-mining heap. In addition, the application of seed endophytes from plants of the reference population showed a positive effect on seedling growth. This lead us to hypothesise that the intergenerational effect of metal toxicity on vegetation may be related to alterations in plant seed microorganism community structure or diversity. The diversity of the fungal and bacterial microbiota of *A. arenosa* seeds from both toxic metal-contaminated and non-toxic metal-contaminated habitats was described using next-generation sequencing (NGS). Subsequently, the vertical transmission of endophytes in subsequent plant generations growing in toxic metal-enriched environments will be investigated.

This work was supported by National Science Center (OPUS22 no 2021/43/B/NZ9/03034)

Analiza filogenetyczna genów adaptacji do stresu zimna *Rhizobium leguminosarum*

Paulina Adamczyk¹, Michał Kalita², Anna Gromada¹, Monika Janczarek¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, ²Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin, e-mail: paulina.adamczyk@mail.umcs.pl

Rhizobium to grupa bakterii żyjących w symbiozie z korzeniami roślin motylkowych. Wykazują zdolność do asymilacji azotu atmosferycznego i przekazywania jego zredukowanych form roślinnemu gospodarzowi. Jednym z czynników, wpływających na intensywność przebiegu tego procesu jest temperatura. W odpowiedzi na szok spowodowany niską temperaturą bakterie wykształciły mechanizm adaptacyjny polegający na indukcji syntezy białek CSP (ang. Cold-Shock Proteins).

W ramach niniejszej pracy przeprowadzono analizę sekwencji nukleotydowych siedmiu regionów genomowych *R. leguminosarum* zawierających potencjalne geny *csp*. Na podstawie otrzymanych wyników skonstruowano drzewa filogenetyczne bazujące na sekwencjach badanych izolatów oraz wybranych szczepów referencyjnych. Zaobserwowano wysoką konserwatywność sekwencji w regionach *csp2*, *csp4* i *csp6* dla wszystkich badanych i wzorcowych szczepów (w tym *R. leguminosarum*, *R. pisi* i *R. fabae*). Z kolei geny *csp3*, *csp5* i *csp7* charakteryzował wyższy poziom zmienności sekwencji. Ponadto w genomach kilku typowych szczepów referencyjnych nie wykazano obecności sekwencji odpowiadających genom *csp2*, *csp3* i *csp7*. Uzyskane wyniki świadczą o dużym zróżnicowaniu zestawu genów *csp* wśród różnych gatunków bakterii z rodzaju *Rhizobium*.

Badania zostały sfinansowane z funduszy projektu NCN nr 2018/31/B/NZ9/00663

Phylogenetic analysis of cold stress adaptation genes of *Rhizobium leguminosarum*

Rhizobium is a group of bacteria living in symbiosis with roots of legumes. They show the ability to assimilate atmospheric nitrogen and transfer its reduced forms to the plant host. One of the factors influencing the intensity of this process is temperature. In response to the shock caused by low temperature, the bacteria developed an adaptive mechanism consisting in inducing the synthesis of CSP proteins (Cold-Shock Proteins).

As part of this work, the nucleotide sequence analysis of seven genomic *R. leguminosarum* regions containing potential *csp* genes was performed. Based on obtained results, phylogenetic trees were constructed using sequences of the tested isolates and selected reference strains. High sequence identity in the *csp2*, *csp4* and *csp6* regions was observed for all the tested and reference strains (including *R. leguminosarum*, *R. pisi* and *R. abae*). In turn *csp3*, *csp5* and *csp7* genes were characterized by a higher level of sequence variability. In addition, sequences corresponding to the *csp2*, *csp3* and *csp7* genes were not found in the genomes of several common reference strains. The obtained results indicate a large diversity of the *csp* gene set between different species of the genus *Rhizobium*.

Wykorzystanie metataksonomiki do oceny wpływu strategii chowu drobiu na skład mikrobiomu jelitowego – badania pilotażowe

Aleksandra Giza¹, Arkadiusz Bomba¹, Ewelina Kamińska¹, Eliza Czarnecka¹, Magdalena Zajac², Aleksandra Śmiałowska-Węglińska², Dariusz Wasyl^{1,2}

Państwowy Instytut Weterynaryjny - PIB; Zakład Analiz Omiczych¹, Zakład Mikrobiologii²

Mikrobiom jelit drobiu stymuluje układ odpornościowy, wspomaga trawienie i hamuje namnażanie patogenów. Celem badań była charakterystyka i porównanie składu mikrobiomu jelit ślepych: brojlerów i niosek z chowu przemysłowego oraz kur z chowu przyzagrodowego. Przygotowane metodą customową biblioteki sekwencjonowano (Illumina MiSeq; V3 2x300) i wykonano analizę metataksonomiczną (qiime2 2022.8. dada2, vsearch-based consensus taxonomy classifier oraz baza danych SILVA 138).

U kur z chowu przyzagrodowego zidentyfikowano 50 (zakres 38÷66) bakteryjnych jednostek taksonomicznych (OTU), u niosek 41 (30÷60) i 24 u brojlerów (22÷25). U brojlerów dominowały rodzaje: *Lachnospiraceae*, *Clostridia* i *Ruminococcaceae*, u niosek *Lachnospiraceae*, *Bacteroidaceae*, *Rikenellaceae* i *Ruminococcaceae*, a u kur przyzagrodowych *Bacteroidaceae*, *Lachnospiraceae*, *Rikenellaceae*, *Ruminococcaceae* oraz *Clostridia*.

Kury przyzagrodowe z dostępem do różnorodnego pożywienia mają najbardziej zróżnicowany mikrobiom. Mikrobiom brojlerów jest najmniej zróżnicowany, z większym niż u innych grup udzialem potencjalnie patogennych bakterii z rodzaju *Clostridia*, który znacznie rzadziej obserwowano u niosek. Badania pilotażowe wymagają kontynuacji z wykorzystaniem większej liczby próbek.

Using metataxonomic to study the influence of poultry breeding on bowels microbiome composition – a preliminary study

The poultry intestinal microbiome stimulates the immune system, improves digestion, and inhibits pathogens' growth. The study aimed to characterize and compare the composition of the caecal microbiome of broilers and layers from industrial farming, as well as backyard hens. Custom-made libraries were sequenced (Illumina MiSeq (V3, 2x300), and metataxonomic analysis was performed (qiime2 2022.8 and dada2; vsearch-based consensus taxonomy classifier and Silva 138).

Fifty Operational Taxonomic Units (OTU) were noted in backyard hens (range: 38÷66), 41 in layers (30÷60), and 24 in broilers (22÷25). Dominant genera in broilers were *Lachnospiraceae*, *Clostridia*, and *Ruminococcaceae*; in layers *Lachnospiraceae*, *Bacteroidaceae*, *Rikenellaceae*, and *Ruminococcaceae*; and *Bacteroidaceae*, *Lachnospiraceae*, *Rikenellaceae*, *Ruminococcaceae*, and *Clostridia* in backyard hens.

Backyard hens with access to various feeds showed the most diverse microbiome. Broilers had the least diverse microbiome, with a considerable component of potentially pathogenic *Clostridium*, which was less frequent in layers. The pilot study requires continuation with more intensive sampling.

Profil kataboliczny oraz identyfikacja molekularna endofitycznego szczepu *Diaporthe eres* 1420S pozyskanego z pędów *Prunus domestica*

Barbara Abramczyk¹, Anna Marzec-Grządziel¹, Ewa Król², Wiesław Oleszek¹

¹Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa - Państwowy Instytut Badawczy,
ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy, babramczyk@iung.pulawy.pl

²Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Leszczyńskiego 7, 20-069 Lublin, Poland

Grzyby z rodzaju *Diaporthe* zasiedlają wiele gatunków roślin, jako groźne patogeny, saprotrofy lub endofity. W ostatnich latach *Diaporthe* zyskały zainteresowanie badaczy ze względu na bogate źródło wydzielanych metabolitów wtórnych wykazujących szerokie spektrum bioaktywności. Endofityczny szczep *Diaporthe eres* 1420S został wyizolowany ze zdrowych pędów *P. domestica* w toku wcześniejszych badań własnych. W niniejszej pracy przeprowadzono analizy sekwencji 4 loci (ITS, TEF, TUB, CAL), na podstawie których badany szczep został przypisany do kompleksu *Diaporthe eres*. Ponadto, za pomocą płytek BIOLOG FF, określono również zdolność badanego szczepu do wykorzystywania szerokiego zakresu źródeł węgla. Otrzymane wyniki stanowią uzupełnienie przeprowadzonych wcześniej badań własnych nad właściwościami antagonistycznymi oraz profilem biochemicznym badanego szczepu. Zdobyta wiedza daje podstawę do przyszłych badań nad możliwościami wykorzystania szczepu *D. eres* 1420 jako potencjalnego kandydata do produkcji biologicznych środków ochrony roślin.

Badania zostały sfinansowane w ramach projektu Narodowego Centrum Nauki Nr 2016/21/N/NZ9/01526

Catabolic profile and molecular identification of the endophytic strain *Diaporthe eres* 1420S obtained from the shoots of *Prunus domestica*

Fungi of the genus *Diaporthe* colonize many plant species, as dangerous pathogens, saprotrophs or endophytes. In recent years, *Diaporthe* have gained the interest of researchers due to the rich source of secreted bioactive secondary metabolites. The endophytic *D. eres* 1420S strain was isolated from healthy shoots of *P. domestica* during previous research. In this study, the strain was assigned to the *D. eres* species complex based on the sequence analyzes of 4 loci (ITS, TEF, TUB, CAL). The ability of the tested strain to use a wide range of carbon sources was also determined by using the BIOLOG FF plates. The obtained results supplement the data obtained from the previous own research on the antagonistic properties and the biochemical profile of the tested strain. The acquired knowledge provides the basis for the future research on the possibilities of using the *D. eres* 1420 strain as a potential candidate for the production of biological plant protection products.

This research was funded by the National Science Centre, Poland, the grant number 2016/21/N/NZ9/01526.

Analiza proteomu *Pseudomonas putida* KT2440 podczas syntezy polihydroksyalkanianów w warunkach stresowych

Justyna Możejko-Ciesielska¹, Bartosz Skierkowski²

Katedra Mikrobiologii i Mykologii, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Polihydroksyalkaniany (PHA) są poliestrami syntezowanymi przez wiele gatunków mikroorganizmów jako substancje zapasowe w warunkach ograniczonego stężenia składników limitujących wzrost. Ze względu na korzystne właściwości takie jak: podatność na biodegradację, biokompatybilność czy termoplastyczność są brane pod uwagę jako alternatywny materiał w stosunku do polimerów syntetycznych, których powszechne użycie stanowi problem środowiskowy. Chociaż technologiczne aspekty produkcji PHA były szeroko badane w ciągu ostatnich kilku dziesięcioleci, mechanizm kontroli ich syntezy na poziomie molekularnym nie jest do końca poznany. Dlatego też, celem badań było określenie wpływu stresu środowiskowego na syntezę mcl-PHA przez *Pseudomonas putida* KT2440 poprzez identyfikację białek zaangażowanych w ten proces. Przeprowadzone badania pozwoliły na poznanie sieci metabolicznych warunkujących powstanie tych biopolimerów. Wiedza na temat poziomu ekspresji białek może ułatwić wydajniejsze projektowanie i sterowanie procesami mikrobiologicznej syntezy PHA, aby w przyszłości efektywniej produkować inteligentne materiały biodegradowalne o unikalnych właściwościach.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach programu SONATA (numer umowy 2014/15/D/NZ9/04255)

Proteome analysis of *Pseudomonas putida* KT2440 during polyhydroxyalkanoates synthesis under stressed conditions

Polyhydroxyalkanoates (PHAs) are synthesized by many bacteria as a storage material for carbon and reducing equivalents when an essential nutrient is available in limited concentrations. Due to their useful properties such as: biodegradability, biocompatibility, thermoplasticity, PHAs can be used instead of conventional petroleum-based polymers which contribute to the environmental problems. Although the technological aspects of PHAs production have been extensively studied during the past few decades, knowledge on the regulatory mechanisms at the molecular level is still limited. Therefore, the main goal of this research was to determine the influence of the nutrients limitations on mcl-PHAs synthesis by *Pseudomonas putida* KT2440 through the identification of the sets of proteins affecting this process. The conducted research allowed elucidating the metabolic networks that drive these biopolymers synthesis. Knowledge about the protein expression levels may aid in more efficient design and control of the microbial PHA synthesis process for improved production of biodegradable polymers with unique properties.

The research was funded by The National Science Center in frame of the project SONATA (contact number 2014/15/D/NZ9/04255)

Mykobiom ziarna pszenicy jarej

Marta Damszel¹, Bożena Cwalina - Ambroziak¹, Edyta Kwiatkowska¹, Bartłomiej Porzuc¹

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej

Produkcję roślinną kształtuje wiele czynników, do których należą wzajemnie oddziałujące organizmy żywe wraz z abiotycznymi komponentami środowiska. Czynniki środowiskowe oraz ochrona roślin przed patogenami wpływają również bezpośrednio na kompleks mikroorganizmów decydujących o kondycji roślin na polu oraz w okresie przechowywania ziarna. Sterują także strategią troficzną mikroorganizmów różnych grup ekologicznych oraz występującymi między nimi interakcjami. Celem badań było określenie różnorodności oraz udziału grzybów saprotroficznych i patogenicznych zasiedlających ziarno pszenicy jarej w zależności od poziomu ochrony w okresie wegetacji. W badaniach klasycznych i molekularnych weryfikowano udział mikroorganizmów zasiedlających ziarno pszenicy jarej w zależności od intensywności integrowanych i biologicznych metod ochrony roślin. Wyniki analiz mykologicznych wykazały dominujący udział grzybów saprotroficznych z frekwencją taksonów o uzdolnieniach antagonistycznych względem patogenów.

W grupie mikroorganizmów chorobotwórczych dominowały grzyby: rodzaju *Fusarium*, *Parastagonospora*, *Zymoseptoria* i *Alternaria* najliczniej reprezentowane po stosowaniu jedynie ochrony biologicznej. Ponadto, wykazano możliwość dyspersji grzybów rodzaju *Ramularia* z materiałem nasiennym pszenicy jarej.

Mycobiome of spring wheat grain

Plant production is influenced by many factors which include interacting living organisms along with the abiotic environmental components. The environmental factors and plant protection against pathogens have a direct impact on the complex of microorganisms which determine the condition of crops in the field and during the grain storage period. They also control the trophic strategy of microorganisms belonging to various ecological groups and the interactions occurring between them. The aim of the research was to determine the diversity and share of saprotrophic and pathogenic fungi colonizing spring wheat grain depending on the level of protection during the vegetation period. In classical and molecular studies, the share of microorganisms colonizing spring wheat grain was verified depending on the intensity of integrated and biological methods of plant protection. The results of mycological analyzes showed a dominant share of saprotrophic fungi with the frequency of taxa with antagonistic abilities towards pathogens.

The group of pathogenic microorganisms was dominated by fungi of the following genera: *Fusarium*, *Parastagonospora*, *Zymoseptoria* and *Alternaria*, most numerously represented after using only biological plant protection. Moreover, the possibility of dispersion of *Ramularia* fungi with spring wheat seed material was demonstrated.

Zbiorowiska bakterii zdrowych i zainfekowanych patogenami plantacji truskawek - zróżnicowanie obfitości i bogactwa mikrobioty

Dominika Siegieda, Jacek Panek, Magdalena Frąć

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk
m.frac@ipan.lublin.pl

Rolnictwo ekologiczne nieustannie zyskuje popularność, co znalazło odzwierciedlenie w strategii Unii Europejskiej dotyczącej różnorodności biologicznej do roku 2030. Badania nad migracją społeczności bakteryjnych pomiędzy glebą i rośliną oraz analiza różnicowa obfitości mikroorganizmów są obiecującymi obszarami w tej dziedzinie.

Przeprowadzone badania obejmowały sekwencjonowanie metataksonomiczne markera 16S rDNA, regionu v3-v4 dla mikroorganizmów bakteryjnych obecnych w glebie, ryzosferze, korzeniach oraz częściach nadziemnych roślin truskawki uprawianych w ekologicznym systemie produkcji (plantacje zdrowe oraz zainfekowane patogenami). Przeprowadzono analizę różnicowej obfitości (ANCOMBC) dla wszystkich typów próbek pomiędzy plantacjami zdrowymi i chorymi oraz dokonano analizy różnic w zakresie bogactwa tych mikrobiomów (SourceTracker) w poszczególnych typach próbek dla plantacji zdrowych oraz porażonych patogenami.

Analiza wykazała potencjalne zmiany składu mikrobioty analizowanych plantacji zdrowych i porażonych. Zrozumienie tych zmian może przyczynić się do poszerzenia wiedzy na temat interakcji gleba-roślina-mikrobiom oraz do opracowania strategii zarządzania zdrowiem roślin i promowania zrównoważonych praktyk rolniczych.

Badania są finansowane przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach projektu BIOSTRATEG, numer umowy BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Bacterial communities in healthy and infested strawberry farms – differential abundance and richness of microbiota

Organic farming is steadily gaining popularity, as reflected in the European Union's 2030 Biodiversity Strategy. Research on the migration of bacterial communities between soil and plant and differential analysis of microbial abundance are promising areas in this field.

Conducted research included metataxonomic sequencing of the 16S rDNA v3-v4 region marker for bacterial microorganisms present in the soil, rhizosphere, roots and shoots of organically grown strawberries (healthy and infested farms). A differential abundance analysis (ANCOMBC) for all sample types between healthy and diseased plantations was performed, and tracked differences in richness of these microbiomes (SourceTracker) across sample types for healthy and diseased farms was conducted.

The analysis revealed potential changes in microbiota composition under healthy and diseased farms. Understanding these changes can contribute to deepen knowledge of soil-plant-microbiome interactions and to develop strategies to manage plant health and promote sustainable agricultural practices.

The research is funded by The National Centre for Research and Development in frame of the project BIOSTRATEG, contract number BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Zmiany aktywności metabolicznej grzybów z rodzaju *Neosartorya* (anamorfa: *Aspergillus*) po hodowli na podłożu zawierającym ekstrakt z nagietka

Wiktoria Maj¹, Giorgia Pertile¹, Sylwia Różalska², Magdalena Frąc¹

¹Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, ²Uniwersytet Łódzki
m.frac@ipan.lublin.pl

Grzyby z rodzaju *Neosartorya* (anamorfa: *Aspergillus*) zaliczane są do mikrobiologicznych zanieczyszczeń żywności, które powodują psucie się i pleśnienie produktów. W niniejszej pracy zbadano wpływ suchego ekstraktu z kwiatów nagietka o znanych zdolnościach przeciwdrobnoustrojowych na aktywność metaboliczną grzybów z rodzaju *Neosartorya* przy użyciu metody opartej na badaniu fluorescencji. Badania obejmowały pięć izolatów grzybów o różnej wrażliwości na ekstrakty naturalne, wybrane na wcześniejszym etapie prac badawczych. Uzyskane wyniki wskazują, że preinkubacja *Neosartorya* spp. na podłożu z ekstraktem z nagietka prowadziła do znacznego zmniejszenia aktywności metabolicznej testowanych izolatów grzybów. Otrzymane rezultaty mogą świadczyć o tym, że naturalne ekstrakty roślinne mają potencjał do modulowania metabolizmu grzybów i zmiany biosyntezy metabolitów wtórnych. Wyniki te są ważne dla opracowania nowych, zrównoważonych rozwiązań problemów psucia się żywności w rolnictwie, na co zwraca uwagę Strategia „Od Pola Do Stołu”.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki, w ramach projektu Preludium Bis-2 2020/39/O/NZ9/03421

Changes in metabolic activity of the fungi from *Neosartorya* genus (anamorph: *Aspergillus*) pre-cultured on the medium with marigold extract

The fung belonging to the *Neosartorya* genus (anamorph: *Aspergillus*) are a microbiological food contaminants, that cause spoilage and mould of products. This study investigated the effects of marigold flower dry extract of known antimicrobial capabilities on the metabolic activity of fungi from *Neosartorya* genus using a fluorescence-based method. The research included five fungal isolates with different sensitivities to natural extracts. The results showed that pre-incubation of *Neosartorya* spp. on the medium with marigold extract led to a significant reduction in the metabolic activity of tested fungal isolates. The results can indicate the potential inhibitory effect of the substances contained in the marigold extract, especially as modulation of fungal metabolism and secondary metabolites biosynthesis. These findings are important for developing novel, sustainable solutions to problems of food spoilage in agriculture, as highlighted by the Farm to Fork Strategy.

The work was supported by the National Science Centre, Poland, Preludium Bis-2, 2020/39/O/NZ9/03421

Występowanie kluczowych fitopatogenów w glebie oraz liściach roślin różnych odmian malin

Giorgia Pertile, Magdalena Frąc

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk
m.frac@ipan.lublin.pl

W ostatnich latach Polska mocno wyspecjalizowała się w uprawie malin, stając się jednym z pierwszych eksporterów tego owocu w Europie. Jednak najważniejszy problem zgłaszany przez producentów tych owoców dotyczy czterech patogenów: *Botrytis cinerea*, *Verticillium* sp., *Phytophthora* sp. i *Colletotrichum acutatum*. Patogeny te mogą powodować choroby roślin prowadząc do strat ekonomicznych w produkcji owoców miękkich. Dlatego prezentowane badania koncentrowały się na monitoringu tych patogenów w ramach doświadczenia polowego założonego w Kańczudze przez GRUPĘ PRODUCENTÓW BIO-FOOD ROZTOCZE (podziękowania dla Pana Stanisława Jamrozika odpowiedzialnego za doświadczenie polowe), z wykorzystaniem zoptymalizowanej reakcji łańcuchowej polimerazy (PCR) metoda. Badania obejmowały ocenę obecności patogenów roślin w glebie i liściach czterech odmian malin. Zaobserwowaliśmy, że występowanie fitopatogenów zależało od typu badanej próbki (gleba lub liście roślin), a także od badanej odmiany maliny.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach projektu BIOSTRATEG, numer umowy BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/20188

The presence of key phytopathogens in soil and plant leaves of different raspberry cultivars

In recent years, Poland has been specializing a lot in the cultivation of raspberries, becoming one of the first exporters in Europe. However, the most important problem reported by producers of that fruit concerns four pathogens: *Botrytis cinerea*, *Verticillium* sp., *Phytophthora* sp. and *Colletotrichum acutatum*. These pathogens can cause plant diseases leading to economic losses in the production of soft fruit. Therefore, presented research focused on the monitoring of these pathogens in a field experiment set out in Kańczuga by BIO-FOOD ROZTOCZE PRODUCER GROUP (thanks to Mr. Stanisław Jamrozik responsible for the field experiment), using optimized Polymerase Chain Reaction (PCR) method. The study included the evaluation of the presence of plant pathogens in soil and leaves of four raspberry cultivars. We observed that the presence of these phytopathogens depended on the sample type (soil or plant leaves) and also on the tested raspberry cultivar.

The research funded by The National Centre for Research and Development in frame of the project BIOSTRATEG, contract number BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Bioróżnorodność mikrobiologiczna gleby i zmiany mikrobiomu korzeni roślin malin poddanych działaniu nawozowego produktu mikrobiologicznego

Magdalena Frąc¹, Jacek Panek¹, Agata Gryta¹, Karolina Oszust¹, Paweł Trzciniński², Lidia Sas-Pasz²

1. Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, m.frac@ipan.lublin.pl
2. Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach, ul. Pomologiczna 18, 96-100 Skierniewice

W celu określenia działania nawozowego produktu mikrobiologicznego na bioróżnorodność mikrobiologiczną gleby i mikrobiom roślin przeprowadzono eksperyment szklarniowy na roślinach maliny odmiany Polana. W celu określenia zmian bioróżnorodności wykonano badania obejmujące charakterystykę zbiorowisk bakterii i grzybów za pomocą sekwencjonowania następnej generacji (NGS) z wykorzystaniem wysokoprzepustowego sekwencjonowania w technologii Illumina SBS (Sequencing-by-Synthesis) za pomocą aparatu MiSeq oraz narzędzi bioinformatycznych takich jak QIIME2, dokonując analizy uzyskanych wyników w oparciu o sekwencjonowanie markera 16S rDNA dla bakterii oraz ITS1 dla grzybów. Uzyskane wyniki wykazały, że w korzeniu roślin traktowanych nawozowym produktem mikrobiologicznym zaobserwowano obniżenie patotrofów, a także odnotowano zwiększenie saprotrofów. Wykazano również bardzo duże obniżenie patotrofów, oraz trybów mieszanych: patotrof-saprotrof-symbiotrof oraz patotrof-symbiotrof, a także duże zwiększenie symbiotrofów i trybu mieszanego grzybów sapro-symbiotrofów w ryzosferze malin traktowanych nawozowym produktem mikrobiologicznym, co potwierdza zasadność wykorzystania produktu w celu kondycjonowania gleby.

Soil microbial biodiversity and root microbiome changes of raspberry plants treated with a fertilizing microbial product

The effect of a fertilizing microbial product on soil microbial biodiversity and Polana raspberry roots microbiome was determined in a greenhouse experiment. In order to determine changes in biodiversity, characteristics of bacterial and fungal communities was assessed via next generation sequencing (NGS) using Illumina SBS (Sequencing-by-Synthesis) technology on the MiSeq apparatus and using bioinformatics tools such as QIIME2. The results were based on the sequencing of the 16S rDNA marker for bacteria and ITS1 for fungi. The obtained results showed that in the root of the plants treated with the fertilizing microbiological product, a reduction in pathotrophs was observed, and an increase in saprotrophs in the root was also noted. A very significant reduction in pathotrophs and mixed modes: pathotroph-saprotroph-symbiotroph and pathotroph-symbiotroph, as well as a large increase in symbiotrophs and the mixed mode of sapsymbiotroph fungi in the rhizosphere of raspberries treated with a fertilizing microbiological product was also demonstrated, which confirms the legitimacy of using the product for soil conditioning.

Praca finansowana przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu BIOSTRATEG, numer umowy BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Uprawa współrzędna zbóż i roślin bobowatych dla rozwoju zrównoważonego rolnictwa – bioróżnorodność i aspekt metagenomiczny

Magdalena Frac¹, Jacek Panek¹, Agata Gryta¹, Karolina Oszust¹, Giorgia Pertile¹, Dominika Siegieda¹, Mateusz Mącik¹, Michał Pylak¹, Shamina Imran Pathan², Giacomo Pietramellara²

1. Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, m.frac@ipan.lublin.pl
2. University of Florence, Piazza San Marco 4, Florence 50121, Italy

Badania wpływu różnorodności roślin na zrównoważoną produkcję w systemach upraw współrzędnych roślin bobowatych i zbóż odgrywają znaczną rolę ze względu na korzyści środowiskowe i ekonomiczne. Literatura donosi, że uprawa współrzędna roślin bobowatych i zbóż może zwiększyć efektywność wykorzystania azotu o ponad 20%, przy jednoczesnej wyższej plonie sięgającej 26%. Pomimo korzyści agronomicznych uprawy współrzędne nadal stanowią niewielką niszę w systemach upraw. Dlatego celem projektu jest szersze spojrzenie na uprawy współrzędne zbóż i roślin bobowatych, zwłaszcza w kontekście różnorodności mikrobiologicznej gleb i roślin na podstawie zmian w strukturze i funkcji ich mikrobiomu.

Projekt zakłada maksymalne wykorzystanie różnorodności biologicznej i efektów synergii między roślinami towarzyszącymi, zapewniając bogactwo wydzielin korzeniowych, które stymulują różne zbiory mikroorganizmów, a także stwarzają lepsze warunki dla tworzenia wspólnych sieci mykoryzowych, przyczyniając się do poprawy jakości i zdrowotności gleb oraz roślin. Badania będą obejmowały analizę mikrobiomu gleb i roślin przy użyciu metod mikrobiologicznych, biochemicznych i molekularnych, w tym sekwencjonowania następnej generacji.

Legume-cereal intercropping for sustainable agriculture – biodiversity and metagenomic aspect

Research on the impact of plant diversity on sustainable crop production in legume-cereal intercropping systems play a significant role due to environmental and economic benefits. The literature reports that the intercropping of legumes and cereals can increase the efficiency of nitrogen use by more than 20%, while increasing the yield by up to 26%. Despite the agronomic benefits, intercropping still represents a small niche in cropping systems. Therefore, the aim of the project is a broader look at legume-cereal intercropping, especially in the context of microbial diversity of soils and plants based on changes in the structure and function of their microbiome.

The project assumes the maximum use of biodiversity and synergy effects between accompanying plants, providing a wealth of root secretions that stimulate various microbial communities, and also create better conditions for the formation of common mycorrhizal networks, contributing to the improvement of the quality and health of soils and plants. The research will include soil and plant microbiome study using microbiological, biochemical and molecular biology methods, including next generation sequencing.

Badania finansowane w ramach Programu Horyzont Europa, numer umowy: Project 101082289 — LEGUMINOSE

Interakcje mikrolistków i mikrobiomów jako funkcjonalne regulatory ich jakości, odporności i trwałości

Magdalena Frac¹, Sylwia Różalska², Katarzyna Turnau³

1. Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, m.frac@ipan.lublin.pl

2. Uniwersytet Łódzki, ul. Prezydenta G. Narutowicza 68, 90-136 Łódź

3. Uniwersytet Jagielloński w Krakowie, ul. Gołębia 24, 31-007 Kraków

Microgreens (mikrolistki mikro rośliny) to rośliny jadalne na wczesnym etapie rozwoju (7-20 dni), pomiędzy kiełkiem a młodą rośliną. Jednym z głównych ograniczeń rozwoju produkcji *microgreens* jest szybkie pogorszenie ich jakości występujące tuż po zbiorach, ponieważ mikrolistki odwadniają się, więdną, gniją i szybko tracą część składników odżywczych. Literatura donosi o stosowanych zabiegach, takich jak optymalizacja warunków świetlnych, temperatury, pakowanie mikrolistków w zmodyfikowanej atmosferze czy obróbka wapniem w celu utrzymania ich jakości, zwiększenia wartości odżywczej i wydłużenia okresu trwałości. Jednakże dotychczasowe wyniki wskazują na konieczność dalszych badań w celu wypracowania zrównoważonych strategii hodowli i przechowywania *microgreens* w celu poprawy jakości, bezpieczeństwa, odporności i wreszcie trwałości mikrolistków. Zwłaszcza ze względu na brak dostępnych danych literaturowych, istnieje potrzeba prowadzenia badań podstawowych nad interakcjami i mechanizmami między *microgreens* a mikrobiomami. Idea projektu opiera się na wykorzystaniu ogromnej siły i cech funkcjonalnych oferowanych przez rozwiązania oparte na mikroorganizmach, w tym grzybach endofitycznych i mykoryzowych oraz pożytecznych bakteriach, a także zrozumieniu interakcji *microgreens*-mikrobiom.

Interactions of microgreens and microbiomes as functional regulators of its quality, resistance and shelf-life

Microgreens are edible seedlings usually harvested 7–20 days after germination when they have two fully developed cotyledon leaves. One major limitation to the growth of the *microgreen* agroindustry is the fast quality deterioration occurring soon after harvest, which restricts commerce to local sales and keeps prices high. After harvested, *microgreens* quickly dehydrate, wilt, decay and rapidly lose some nutrients. Available literature research has explored pre- and post-harvest interventions, such as light and temperature control, modified atmosphere packaging, and calcium treatments to maintain quality, increase nutritional value, and extend shelf-life. However, more work is required to optimize production and storage conditions to improve microgreens' quality, safety, resistance and shelf-life; fundamental research on interactions and mechanisms between microgreens and microbiomes is missing and needed. The idea of the project is based on using the power and functional traits provided by the microbial-based solutions including endophytic and mycorrhizal fungi and beneficial bacteria, as well as understanding *microgreens*-microbiome interactions.

Praca finansowana przez Narodowe Centrum Nauki w ramach programu OPUS23, numer umowy UMO-2022/45/B/NZ9/04254

Wpływ różnych systemów uprawy na zbiorowiska mikroorganizmów glebowych oraz ich aktywność i różnorodność funkcjonalną

Magdalena Frac¹, Karolina Oszust¹, Giorgia Pertile¹, Agata Gryta¹, Jacek Panek¹,
Jerzy Weber²

¹. Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4,
20-290 Lublin, m.frac@ipan.lublin.pl

². Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Norwida 25, 50-375 Wrocław

Celem projektu jest określenie wpływu różnych sposobów gospodarowania glebą w zróżnicowanych warunkach glebowo-klimatycznych Europy na aktywność mikrobiologiczną oraz strukturę i funkcje mikroorganizmów glebowych. W ramach projektu prowadzone będą badania dotyczące określenia właściwości mikrobiologicznych gleb z uwzględnieniem profilowania fizjologicznego na poziomie społeczności, wybranych genów funkcjonalnych zaangażowanych w obieg C i N, analizy mikrobiomu i mykobiomu poprzez sekwencjonowanie następnej generacji oraz oceny różnorodności genetycznej z wykorzystaniem polimorfizmu długości terminalnych fragmentów restrykcyjnych. Prowadzone prace badawcze obejmą również określenie aktywności enzymatycznej (dehydrogenaz, proteazy, kwaśnej fosfatazy, β -glukozydazy) gleb w różnych warunkach użytkowania. Ze względu na koncentrację badań w ramach wieloletnich doświadczeń polowych, uzyskane wyniki posłużą do określenia wpływu długoterminowego użytkowania i różnych sposobów uprawy gleby na bioróżnorodność środowiska glebowego z uwzględnieniem sekwestracji węgla oraz właściwości glebowej materii organicznej.

The impact of different cultivation systems on soil microorganism communities, their activity and functional diversity

The aim of the project is to determine the impact of various soil management methods in diverse soil and climatic conditions in Europe on the microbial activity as well as the structure and functions of soil microorganisms. The project will conduct research on the determination of the microbiological properties of soils, taking into account the community level physiological profiling, selected functional genes involved in the C and N cycles, microbiome and mycobiome analysis by next generation sequencing and the assessment of genetic diversity using terminal restriction fragment length polymorphism. The conducted research will also include the determination of enzymatic activity (dehydrogenases, proteases, acid phosphatase, β -glucosidase) of soils under various conditions of use. Due to the concentration of research in the framework of long-term field experiments, the obtained results will be used to determine the impact of long-term use and various methods of soil cultivation on the biodiversity of the soil environment, taking into account carbon sequestration and the properties of soil organic matter.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach Programu EJP SOIL, Projekt SOMPACS, numer umowy: EJPSOIL/1/78/SOMPACS/2022

POSTERY, DZIEŃ DRUGI - 21 czerwca 2023



Sekwencjonowanie nowej generacji w badaniach nad wpływem mikroorganizmów na wietrzenie biologiczne

Anna Marzec-Grządziel¹, Anna Gałązka¹, Łukasz Pawlik²

¹ Zakład Mikrobiologii Rolniczej

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
agrzadziel@iung.pulawy.pl

² Instytut Nauk o Ziemi 41-200 Sosnowiec, ul. Będzińska 60, Uniwersytet Śląski

Mikroorganizmy glebowe są ważnym składnikiem środowiska i pełnią w nim szereg pozytywnych funkcji. Zarówno bakterie jak i grzyby mogą wpływać na wzrost i rozwój roślin, strukturę gleby ja i jej produktywność.

Głównym celem badań była ocena wpływu bakterii i grzybów występujących w środowisku na proces wietrzenia biologicznego. Obszar poboru próbek znajdował się w przełomie rzeki Poprad w południowej części Beskidów. Próbki gleby pobrano w 2021 roku.

Różnorodność strukturalną mikroorganizmów określono za pomocą metod sekwencjonowania nowej generacji. DNA wyizolowano z wykorzystaniem komercyjnie dostępnych zestawów. Dogłębna analiza bioinformatyczna pozwoliła na określenie różnic w składzie mikrobiologicznym próbek pobranych z terenów wykazujących cechy biologicznego wietrzenia w stosunku do obszarów kontrolnych.

Badania wykonano w ramach projektu: NCN 2019/33/B/ST10/01009

Next-generation sequencing in the study of the impact of microorganisms on biological weathering

Soil microorganisms are important components of the environment and perform a number of positive functions in it. Both bacteria and fungi can affect plant growth and development, soil structure ja and its productivity.

The main objective of the study was to evaluate the impact of bacteria and fungi in the environment on the process of biological weathering. The sampling area was located in the watershed of the Poprad River in the southern part of the Beskid Mountains. Soil samples were taken in 2021.

The structural diversity of microorganisms was determined using next-generation sequencing methods. DNA was isolated using commercially available kits. In-depth bioinformatics analysis made it possible to determine differences in the microbial composition of samples taken from areas showing features of biological weathering compared to control areas.

The research was carried out as part of the implementation of the project: NCN 2019/33/B/ST10/01009

Bioróżnorodność bakterii endofitycznych wybranych roślin miododajnych

Anna Marzec-Grządziel¹, Jarosław Ciepiał¹, Agata Janczarek¹, Grażyna Korbecka-Glinka², Marcin Przybyś²

¹ Zakład Mikrobiologii Rolniczej

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
agrzadzziel@iung.pulawy.pl

² Zakład Hodowli i Biotechnologii Roślin

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Pszczoły miodne (*Apis mellifera* L.) są najbardziej rozpowszechnionymi owadami zapylającymi na całym świecie. Zdecydowana większość roślin rosnących w warunkach klimatycznych Polski wymaga do swojego efektywnego wzrostu i rozwoju obecności zapylaczy.

Bakterie endofityczne kolonizują zdrowe tkanki gospodarza, nie wywołując jednocześnie żadnych objawów chorobowych. W warunkach laboratoryjnych mikroorganizmy te izolowane są z powierzchniowo wysterylizowanych organów roślinnych. Udowodniono, że wiele bakterii endofitycznych korzystnie wpływa na gospodarza, stymulując jego wzrost i rozwój czy zwiększenie zdolności do przeżycia w niekorzystnych warunków środowiska.

Przedstawione badania opierały się na izolacji bakterii endofitycznych z trzech wybranych roślin stanowiących pożytki pszczele. Z roślin wyizolowano DNA które poddano sekwencjonowaniu NGS w celu określenia bioróżnorodności bakterii.

Badania wykonano w ramach tematu statutowego 1.04 IUNG-PIB „Charakterystyka endofitów bakteryjnych wyizolowanych z wybranych roślin miododajnych oraz określenie ich potencjału biotechnologicznego”

Biodiversity of the endophytic bacteria of selected melliferous plants

Honey bees (*Apis mellifera* L.) are the most widespread pollinating insects worldwide. The vast majority of plants growing under Polish climatic conditions require the presence of pollinators for their effective growth and development.

Endophytic bacteria colonize healthy host tissues without causing any disease symptoms. Under laboratory conditions, these microorganisms are isolated from surface-sterilized plant organs. Many endophytic bacteria have been proven to have beneficial effects on the host, stimulating its growth and development or increasing its ability to survive in adverse environmental conditions.

The research presented here was based on the isolation of endophytic bacteria from three selected bee beneficial plants. DNA was isolated from the plants which was subjected to NGS sequencing to determine the biodiversity of the bacteria.

The research was carried out within the framework of the statutory subject 1.04 of IUNG-PIB "Characterization of bacterial endophytes isolated from selected melliferous plants and determination of their biotechnological potential"

Nowe sposoby zwalczania antybiotykooporności

Anna Marzec-Grządziel¹

¹ Zakład Mikrobiologii Rolniczej

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
agrzdziel@iung.pulawy.pl

Problem oporności bakterii na środki przeciwdrobnoustrojowe (AMR), staje się coraz bardziej rozpowszechniony na całym świecie. Dlatego potrzebne jest poszukiwanie nowych sposobów walki z bakteriami wielolekoopornymi. Konsorcjum nawiązane w ramach konkursu JPIAMR-ACTION ma na celu zbadanie efektywności innowacyjnej strategii opartej na zastosowaniu plazmidów TAP (Targeted-Antibacterial-Plasmids), które wykorzystują koniugację DNA w celu dostarczenia systemów CRISPR/Cas wywierających aktywność antybakteryjną na specyficznym ukierunkowane szczepy AMR. Przełożenie badań przeprowadzonych w warunkach *in vitro* na różne środowiska *in situ* miałyby niewątpliwie rzeczywisty wpływ, otwierając nowe możliwości interwencji w celu wyeliminowania szczepów AMR. W tym celu, planowane jest opracowanie bibliotek TAP skierowanych przeciwko wielu klinicznie i środowiskowo istotnym szczepom AMR lub przeciwko specyficznym genom AMR nadającym oporność na beta-laktamy. Polski zespół zajmie się zbadaniem rozprzestrzeniania się TAPs i ich zdolnością do eliminacji szczepów AMR w ryzosferze roślin oraz glebie.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki [2021/03/Y/NZ7/00123] oraz JPIAMR-ACTION GA no 963864.

Novel methods to control antibiotic resistance

The problem of antimicrobial resistance (AMR) in bacteria, is becoming increasingly widespread around the world. Therefore, the search for new ways to combat multidrug-resistant bacteria is needed. The consortium established under the JPIAMR-ACTION competition aims to test the effectiveness of an innovative strategy based on the use of Targeted-Antibacterial-Plasmids (TAPs), which use DNA conjugation to deliver CRISPR/Cas systems that exert antibacterial activity against specifically targeted AMR strains. Translating studies conducted *in vitro* to different *in situ* environments would undoubtedly have a real impact, opening up new opportunities for interventions to eradicate AMR strains. To this end, it is planned to develop TAP libraries targeting multiple clinically and environmentally relevant AMR strains or against specific AMR genes conferring resistance to beta-lactams. The Polish team will investigate the spread of TAPs and their ability to eliminate AMR strains in the plant rhizosphere and soil.

This research was co-funded in whole or in part by National Science Centre [2021/03/Y/NZ7/00123] and JPIAMR-ACTION GA no 963864

Wpływ innowacyjnego biostymulatora nawozowego na aktywność i bioróżnorodność mikrobiomu glebowego oraz plon marchwi (*Daucus carota* L.)

Agnieszka Wolna-Maruwka¹, Alicja Niewiadomska¹, Adam Kamiński², Adrianna Kubiak¹, Agnieszka A. Pilarska³, Dorota Swędrzyńska¹

¹ Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Szydłowska 50, 60-656 Poznań; amaruwka@up.poznan.pl

² International Chemical Company S.A., Łużycka 50, 66-200 Świebodzin

³ Katedra Inżynierii Wodnej i Sanitarnej, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Piątkowska 94A, 60-649 Poznań

Celem badań było określenie różnic w strukturze bakterii oraz poziomie aktywności enzymatycznej (BIF-Biochemiczny Wskaźnik Żyzności) dwóch typów gleb, po aplikacji dwóch dawek biostymulatorów nawozowych (16g i 28g nawozu na 5,6kg gleby), wytworzonych z substratu lignocelulozowego i melasy z dodatkiem szczepu *Trichoderma* sp. Wymiernym wyznacznikiem skuteczności działania bionawozów był skład chemiczny oraz plon roślin uprawianych w warunkach szklarniowych.

Stwierdzono, że wprowadzone biostymulatory niezależnie od typu gleby wpływały zarówno na strukturę, jak i zawartość procentową OTU, przyczyniając się do obniżenia zawartości Proteobacteria oraz wzrostu Acidobacteriota, Chloroflexi i Gemmatimonadota. Stymulowały ponadto aktywność dehydrogenaz i katalazy (indeks BIF). Odnotowano również pozytywny wpływ biostymulatorów, w szczególności z dodatkiem *Trichoderma* sp. (dawka - 28g/5,6kg gleby) na plonowanie i skład chemiczny marchwi.

The influence of an innovative fertilizer biostimulant on the activity and biodiversity of soil microbiome and carrot yield (*Daucus carota* L.)

The aim of the study was to determine the differences in the structure of bacteria and the level of enzymatic activity (BIF-biochemical fertility index) of two types of soil, after application two doses of a biostimulators (16g and 28g of fertilizer per 5.6kg of soil), made of lignocellulosic substrate and molasses with the addition of *Trichoderma* sp. The chemical composition and yield of crops grown in greenhouse conditions was a measurable indicator of the effectiveness of the biofertilizers.

It was found that the introduced biostimulants, regardless of the type of soil, affected both the structure and the percentage of OTU, contributing to the reduction of Proteobacteria content and a growth of Acidobacteriota, Chloroflexi and Gemmatimonadota. They also stimulated the activity of dehydrogenase and catalase (BIF index). A positive effect of biostimulators was also observed, in particular with the addition of *Trichoderma* sp. (dose - 28g/5.6kg of soil) on the yield and chemical composition of carrots.

The European Regional Development Fund of the Regional Operational Program – Lubuskie 2020 (RPLB.01.01.00-08-0004/18).

Molekularne podstawy antybiotykoodporności w glebach

Jarosław Ciepiel, Anna Marzec-Grządziel

Zakład Mikrobiologii Rolniczej

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

jciepiel@iung.pulawy.pl

W obecnym stuleciu infekcje bakteryjne stały się głównym zagrożeniem klinicznym. Rosną obawy dotyczące niepowodzenia leczenia chorób za pomocą antybiotyków z powodu rozwoju oporności na nie wielu bakterii. Niewłaściwa utylizacja leków, odpady przy produkcji antybiotyków czy stosowanie ich w produkcji roślinnej i przy hodowli zwierząt znacząco zwiększa ten problem.

Antybiotyki to związki chemiczne dozowane w kontrolowanej ilości, które mają za zadanie zabić lub ograniczyć wzrost mikroorganizmów. Przyjęta przez człowieka lub zwierzę dawka antybiotyku w procesach metabolicznych ulega degradacji w przedziale od 10-90%. Pozostała ilość leku w postaci niezmienionej, wydalana jest z odchodami, które mogą dotrzeć do górnych warstw gleby, wód powierzchniowych, a dalej gruntowych. Oporność na antybiotyki może wynikać zarówno z mutacji, jak i z transferu obcego DNA. Kluczową cechą mikrobiomu środowiskowego jest jego ogromna różnorodność, zapewniająca liczne geny, w tym te wielolekooporności.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki [2021/03/Y/NZ7/00123] oraz JPIAMR-ACTION GA no 963864.

Molecular basis of antibiotic resistance in soils

A In the current century, bacterial infections have become a major clinical threat. There is growing concern about the failure of antibiotic treatment of diseases due to the development of resistance in many bacteria. Improper disposal of drugs, waste in antibiotic production, or use in crop production and animal husbandry significantly increases this problem.

Antibiotics are chemical compounds dosed in controlled amounts to kill or limit the growth of microorganisms. The dose of antibiotic ingested by a human or animal in metabolic processes is degraded in the range of 10-90%. The remaining amount of the drug in unchanged form, is excreted with feces, which can reach the upper layers of soil, surface water and further groundwater.

Antibiotic resistance can result from both mutations and the transfer of foreign DNA. A key feature of the environmental microbiome is its enormous diversity, providing numerous genes, including those of multidrug resistance.

Metody sekwencjonowania nowej generacji wykorzystywane w badaniach nad mikrobiomem jelitowym pszczół miodnych

Jarosław Ciepiał¹, Anna Marzec-Grządziel¹, Grzegorz Borsuk²

¹ Zakład Mikrobiologii Rolniczej
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
jciepiel@iung.pulawy.pl

² Zakład Pszczelnictwa
Wydział Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Pszczółki miodne (*Apis mellifera*) pełnią rolę zapylacza w ekosystemie. Odporność pszczoły na insektycydy, metabolizm czy prawidłowy rozwój uwarunkowany jest w mikrobiomie (mikroflorze jelitowej). Mikroorganizmy obecne w przewodzie pokarmowym pszczoły pochodzą w znacznej części ze środowiska naturalnego.

Celem tego badania było scharakteryzowanie mikroflory jelitowej pszczoły miodnej i porównanie z mikroorganizmami obecnymi w pyłku pszczelim. DNA izolowano z wykorzystaniem komercyjnego zestawu i poddano analizie sekwencjonowania genu 16S rRNA. Przeprowadzono analizy statystyczne mające na celu ukazanie ewentualnych różnic pomiędzy próbkami.

Analiza NGS wykazała, iż większość bakterii zasiedlających jelito pszczoły należała do Proteobacteria, do rodzajów *Snodgrassella* oraz *Giliamella*. Znaczną ilość stanowiły także bakterie niesklasyfikowane. W próbkach pyłku przeważały natomiast bakterie należące do Actinobacteria, Proteobacteria, oraz Firmicutes, do rodzajów *Bacillus*, *Nocardia*, oraz *Methylobacterium*.

Badania wykonano w ramach tematu statutowego 1.04 IUNG-PIB „Charakterystyka endofitów bakteryjnych wyizolowanych z wybranych roślin miododajnych oraz określenie ich potencjału biotechnologicznego”

Next-generation sequencing methods used to study the gut microbiome of honey bees

Honey bees (*Apis mellifera*) play a pollinator role in the ecosystem. The bee's resistance to insecticides, metabolism or proper development is determined in the microbiome (intestinal microflora). Gastrointestinal microbes in bees come mostly from the environment.

The purpose of this study was to characterize the gut microflora of the honey bee and compare it to the microorganisms present in bee pollen. DNA was isolated using a commercial kit and was subjected to 16S rRNA sequencing. Statistical analyses were performed to show possible differences between samples.

NGS analysis showed that most of the bacteria colonizing the bee intestine belonged to Proteobacteria, to the genera *Snodgrassella* and *Giliamella*. Unclassified bacteria were also present in significant numbers. In pollen samples, however, bacteria belonging to Actinobacteria, Proteobacteria, and Firmicutes, to genera *Bacillus*, *Nocardia*, and *Methylobacterium* prevailed.

Przebieg procesu produkcji kwasów organicznych z wykorzystaniem syntetycznej frakcji organicznej odpadów komunalnych oraz struktura produkującego go mikrobiomu

Hanna Prusak, Natalia Gutowska, Nay Yee Wint, Mateusz Łężyk,
Piotr Oleśkowicz-Popiel

Politechnika Poznańska, Wydział Inżynierii Środowiska i Energetyki, Instytut Inżynierii Środowiska i Instalacji Budowlanych, Zakład Zaopatrzenia w Wodę i Biogospodarki

Zastosowanie w procesie fermentacji naturalnie występujących w środowisku konsorcjów mikroorganizmów, tzw. kultur otwartych, pozwala na zredukowanie kosztów prowadzenia procesu, m.in. dzięki ograniczeniu potrzeby sterylności. Atrakcyjność w porównaniu do metod konwencjonalnych pod względem zarówno ekonomicznym, jak i ekologicznym, zwiększa możliwość użycia w bioprocessach substratów odpadowych takich jak frakcja organiczna odpadów komunalnych. W wyniku zastosowania odpowiednich warunków operacyjnych, możliwe jest przekierowanie procesu fermentacji do produkcji pożądaných produktów. Pozwala to na uzyskanie w wyniku fermentacji mieszaniny związków o mnogości zastosowań przemysłowych, należących zarówno do grupy krótko-łańcuchowych kwasów karboksylowych (kwasy octowy, propionowy, masłowy, walerianowy), kwasów dikarboksylowych (kwas bursztynowy), czy średnio-łańcuchowych kwasów karboksylowych takich jak kwas kapronowy oraz kwas kaprylowy.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki, numer grantu: UMO-2021/43/B/ST8/0039

Course of the production of organic acids process using an organic fraction of municipal waste (OFMW) and a structure of the microbiome that produces it

The application of naturally occurring microorganisms in the fermentation process, the so-called open cultures, allows for reducing the costs of the process, e.g., by reducing the need for sterility. The attractiveness, compared to conventional methods in terms of both economic and ecological aspects, increases the ability to use waste-derived feedstock such as the organic fraction of municipal waste in the bioprocess. As a result of applying appropriate operating conditions, it is possible to redirect the fermentation process to the production of desired products. As a result, it is possible to obtain a mixture of compounds with a multitude of industrial applications, belonging to the group of short chain carboxylic acids (acetic, propionic, butyric, valeric acids), dicarboxylic acids such as succinic acid, or medium-chain carboxylic acids like caproic or caprylic acids.

The study was funded by the National Science Center, grant no.: UMO-2021/43/B/ST8/00393

Bioinokulanty mykoryzowe zwiększają tolerancję *Alnus glutinosa* Gaertn. na zasolenie

Dominika Thiem¹, Marcin Gołębiowski^{2,3}, Tomasz Kowalkowski⁴, Christel Baum⁵, Jarosław Tyburski^{2,3}, Katarzyna Hryniewicz¹

¹Katedra Mikrobiologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika; ²Interdyscyplinarne Centrum Nowoczesnych Technologii, UMK; ³Katedra Fizjologii i Biotechnologii Roślin, WNBiW, UMK; ⁴Katedra Chemii Środowiska i Bioanalitiky, Wydział Chemii, UMK; ⁵Soil Science, Faculty of Agriculture and Environmental Sciences, University of Rostock

Zastosowanie bioinokulantów mykoryzowych może być skutecznym i ekologicznym rozwiązaniem umożliwiającym poprawę wzrostu siewek drzew leśnych na nieużytkach i w glebach zasolonych. Chociaż wpływ szczepionek mykoryzowych na wzrost roślin i tolerancję na stres solny jest dość dobrze znany, niewiele wiadomo o ich wpływie na poziom jonów sodu w korzeniach, transporcie do liści jak również o zmianach w strukturze taksonomicznej zbiorowisk grzybów obecnych w strefie korzeniowej powstałych wskutek zasolenia bądź zastosowania bioinokulatu.

Z tego względu celem przeprowadzonego doświadczenia doniczowego było: (i) określenie wpływu dwóch inokulantów mykoryzowych na wzrost siewek *Alnus glutinosa* Gaertn. w glebie zasolonej sztucznie i naturalnie oraz (ii) opisanie różnorodności i struktury taksonomicznej grzybów w korzeniach siewek i w badanych glebach.

Na konferencji zostaną zaprezentowane wyniki analizy parametrów fizykochemicznych gleb, parametrów ekofizjologicznych i biochemicznych, analizy poziomu sodu, wskaźników biokoncentracji i translokacji, a także analizy metagenomowej populacji grzybów.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki PRELUDIUM 2016/23/N/NZ8/00294.

Mycorrhizal bioinoculants increase the tolerance of *Alnus glutinosa* Gaertn. for salinity

The use of mycorrhizal bioinoculants can be an effective and ecological solution to improve the growth of forest tree seedlings on wastelands and in saline soils. Although the effect of mycorrhizal inoculations on plant growth and tolerance to salt stress is quite well known, little is known about their effects on sodium ion levels in roots, their transport to leaves, as well as changes in the taxonomic structure of fungi present in the root zone as a consequence of salinity or application of bioinoculate.

For this reason, the aim of pot experiment was to (i) determine the effect of two mycorrhizal inocula on the growth of *Alnus glutinosa* Gaertn. seedlings in artificially and naturally saline soils and (ii) to describe diversity and taxonomic structure of root endophytic and rhizospheric fungi.

We present soil, ecophysiological and biochemical parameters, results of sodium ions concentrations, bioconcentration and translocation indicators as well as metagenomic analysis describing taxonomic structure of fungi.

Analiza mykobioty w diagnostyce przyczyn zamierania pszenicy twardej?

Urszula Wachowska¹, Weronika Giedrojć¹, Edyta Kwiatkowska¹, Kinga Szablewska-Stuper², Dariusz Gontarz³

¹Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej

²Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Zakład Chemii Ogólnej

³Polskie Zakłady Zbożowe Lubella GMW Ltd. LP w Lublinie

Fuzaryjna zgorzel podstawy źdźbła (*Fusarium* spp.), łamliwość źdźbła zbóż i traw (*Oculimacula* spp.), zgorzel podstawy źdźbła (*Gaeumannomyces graminis*) oraz ostra plamistość oczkowa (*Rhizoctonia* spp.) należą do kompleksu chorób podsuszkowych. Patogeny porażające podstawy źdźbeł znacząco obniżają plonowanie roślin, a w skrajnych przypadkach prowadzą do ich zamierania. Dodatkowo gatunki rodzaju *Fusarium* mogą infekować liście i kłosa pszenicy wytwarzając wiele mykotoksyn będących źródłem poważnych mykotoksykoz zarówno u ludzi, jak i zwierząt. Celem badań była analiza mykobioty źdźbeł zamierających roślin pszenicy twardej odmiany Ceres, a także analiza zawartości trichotecenów w źdźbłach. Gatunkami dominującymi w podstawach źdźbeł były *Fusarium graminearum* (5 211 OTU), *F. avenaceum* (19 063 OTU) i *G. graminis* (20 503 OTU). Obecność patogenów rodzaju *Fusarium* stwierdzono także w czwartym od dołu międzywęźlu zamierających roślin pszenicy twardej. Koncentracja deoksyniwalenolu w podstawach źdźbła wynosiła 0,858 mg/kg a w czwartym od dołu międzywęźlu 0,791 mg/kg. Zawartość niwalenolu kształtowała się kolejno na poziomie 1,055 i 1,541 mg/kg. Analiza mykobioty źdźbeł zamierających roślin wykazała, że przyczyną zamierania pszenicy twardej były patogeny powodujące fuzaryjną zgorzel podstawy źdźbła oraz zgorzel podstawy źdźbła.

The applicability of mycobiome analysis for identifying the possible causes of durum wheat withering

Fusarium foot rot (*Fusarium* spp.), eyespot (*Oculimacula* spp.), foot rot (*Gaeumannomyces graminis*) and sharp eyespot (*Rhizoctonia* spp.) are classified as take-all disease. Pathogens infecting stem bases considerably reduce crop yields and, in extreme cases, lead to plant death. In addition, species of the genus *Fusarium* can infect wheat leaves and ears, and produce various mycotoxins causing mycotoxicoses in humans and animals. The aim of this study was to analyze the mycobiome of stems in dying plants of durum wheat cv. Ceres, and to determine the trichothecene content of stems. *Fusarium graminearum* (5 211 OTU), *F. avenaceum* (19 063 OTU) and *G. graminis* (20 503 OTU) were the three dominant species detected in wheat stem bases. *Fusarium* pathogens were also identified in the fourth internode from the bottom of dying durum wheat plants. The concentration of deoxynivalenol in stem bases and in the fourth internode reached 0.858 mg/kg and 0.791 mg/kg, respectively. The concentration of nivalenol was 1.055 mg/kg and 1.541 mg/kg, respectively. An analysis of the mycobiome of stems in dying durum wheat plants revealed that their withering was caused by the pathogens responsible for *Fusarium* foot rot and foot rot.

Mykobiom ryzosfery siewek pszenicy twardej modyfikowany zaprawianiem ziarna

Weronika Giedroją, Urszula Wachowska

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej

Pszenica twarda (*Triticum turgidum* ssp. *durum*) jest gatunkiem szczególnie podatny na infekcje patogenami, które mogą być przenoszone z ziarnem, a w trakcie wegetacji roślin infekują siewki, liście i kłosa. Zaprawianie ziarna jest jednym z najprostszych i dość skutecznych metod chroniących kiełkujące rośliny przed infekcją patogenami. Celem badań była analiza mykobiomu ryzosfery siewek pszenicy twardej odmian Floradur i Durasol po zastosowaniu zaprawiania ziarna zaprawą Triter 050 FS i zawiesiną *Debaryomyces hansenii*. Porównanie profili wszystkich zbiorowisk grzybów uzyskanych z gleby ryzosferowej siewek pszenicy twardej wyrastających z ziarna zaprawianego fungicydem i biologicznie wykazało, że zdecydowana większość przypisanych odczytów OTU należała do gromad *Ascomycota* (47,12% ogółu OTUs), *Mortierellomycota* (25,95%) i *Basidiomycota* (15,73%). Zbiorowiska grzybów uzyskane z gleby ryzosferowej obu odmian w kombinacji z zaprawianiem metodą biologiczną wykazywało większą bioróżnorodność niż zbiorowisko z kombinacji kontrolnej i z zaprawą fungicydową. Frekwencja roślin z objawami fuzaryjnej zgorzeli podstawy źdźbła była istotnie ujemnie skorelowana z liczbą siewek ($r = -0,829$). Mykobiom ryzosfery pszenicy twardej był bardzo bioróżnorodny, a użycie zaprawiania ziarna zdecydowanie zmieniło jego strukturę, głównie w kierunku wzrostu liczebności grzybów antagonistycznych wobec patogenów i redukcji grzybów rodzaju *Fusarium*.

Modification of the rhizosphere mycobiome of durum wheat seedlings by seed dressing

Durum wheat (*Triticum turgidum* ssp. *durum*) is a species particularly susceptible to infections caused by seed-borne fungal pathogens that colonize seedlings, leaves and ears during the growing season. Seed dressing is one of the simplest and relatively effective methods applied to protect seedlings against infections caused by fungal pathogens. The aim of this study was to analyze the mycobiome of the rhizosphere of durum wheat seedlings cvs. Floradur and Durasol after seed dressing with Triter 050 FS and a cell suspension of *Debaryomyces hansenii*. A comparison of the profiles of all fungal communities isolated from the rhizosphere of durum wheat seedlings grown from seeds subjected to fungicide and biological treatments revealed that the vast majority of OTUs belonged to the phyla *Ascomycota* (47.12% of total OTUs), *Mortierellomycota* (25.95%) and *Basidiomycota* (15.73%). The fungal communities obtained from the rhizosphere of wheat seedlings of both cultivars in the biological treatment exhibited higher biodiversity than the communities from the control and fungicide treatments. The prevalence of plants showing symptoms of *Fusarium* foot rot was significantly negatively correlated with the number of seedlings ($r = -0.829$). The mycobiome of durum wheat rhizosphere was highly diverse, and its structure was considerably altered by seed dressing, including an increase in the abundance of fungal antagonists and a decrease in the abundance of *Fusarium* fungi.

Dynamika populacji mikrobioty glebowej w warunkach użycia włóknin ochronnych wytworzonych z odpadowych piór drobiowych

Katarzyna Starzec, Paulina Supel, Piotr Kacorzyk, Paweł Kaszycki

Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków

Stoki narciarskie, skarpy czy nasypy ze względu na glebę o niskiej zawartości substancji odżywczych, znaczne nachylenie terenu oraz duże nasłonecznienie, są terenami o ubogiej naturalnej roślinności, która jest niezwykle pożądana ze względu na swoje właściwości stabilizujące. Wzrost traw na terenach trudnych może być stymulowany innowacyjnymi, biodegradowalnymi geowłókninami wykonanymi z wełny owczej z dodatkiem odpadowych piór drobiowych. Materiały te promują wzrost roślin dzięki wysokiej (13%) zawartości azotu oraz zdolności do wiązania wody. Celem pracy było określenie wpływu stosowania geowłóknin na mikrobiotę glebową. Badania prowadzono z wykorzystaniem 10 biodegradowalnych włóknin różniących się udziałem piór (od 26 do 40%) i gramaturą. Wyniki porównywano z doświadczeniami kontrolnymi: glebą nieokrywaną oraz użyciem włókniny handlowej. Testowane biowłókniny nie wpływały negatywnie na rozwój mikrobioty glebowej, a w wybranych wariantach pozwoliły na wzrost ogólnej liczebności bakterii w porównaniu do kontroli. Liczebności grzybów pleśniowych były zbliżone dla poletek okrywanych i gleby nieokrywanej. W analizach pH gleby stwierdzono nieznaczne zmiany kwasowości wraz z sezonem, jednak nie zaobserwowano istotnego wpływu użycia włóknin. Podobnie, wilgotność gleby nie była zależna od zastosowanych okryć.

Praca wykonana w ramach projektu badawczego Narodowego Centrum Badań i Rozwoju POIR.04.01.04-00-0059/17

Soil microbiota population dynamics under the use of protective geotextiles made from waste poultry feathers

Ski slopes, escarpments and embankments are areas of poor natural vegetation due to the soil with low nutrient content, steep slopes and high exposure to sunlight. However, a strong growth of plants is highly desirable due to their stabilizing properties. Grass growth can be stimulated in difficult areas by the use of innovative, biodegradable geotextiles made from sheep's wool with the addition of waste poultry feathers. These materials promote plant development due to their high nitrogen content (13%) and water binding capacity. The studies were conducted to assess the effect of geotextiles on soil microorganisms. Ten biodegradable non-woven fabrics differing in feather content (26–40%) and grammage were tested and compared with the use of non-degradable commercial fabric and the non-covered soil. The geotextiles had no negative effect on the soil microbiota and in some variants led to an increase of the total bacterial count relative to the control. The number of molds was similar in both covered and non-covered soils. Soil pH changed slightly along with the season, but no significant effect of the nonwovens on acidity was observed. Also, the soil moisture was not dependent on the use of feather-containing covers.

The work was financially supported by the National Centre for Research and Development research project POIR.04.01.04-00-0059/17

Profil fizjologiczny genetycznie zidentyfikowanych izolatów *Trichoderma virens* i *Fusarium* spp. pozyskanych z grochu oraz zdolność hamowania wzrostu fitopatogenów i stymulacji wzrostu grochu przez szczep *T. virens*

Jolanta Jaroszuk-Ściśeł¹, Artur Nowak¹, Renata Tyśkiewicz², Elżbieta Patkowska³,
Agata Janczarek⁴, Agata Majewska¹, Julia Flakiewicz¹, Adam Żmuda¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Instytut Nauk Biologicznych,
Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

²Sieć Badawcza Łukasiewicz-Institut Syntez Chemicznych

³Katedra Ochrony Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

⁴Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa-PIB

Szczep *T. virens* TvG38 wyizolowany z grochu wykazał zdolność stymulowania wzrostu siewek tej rośliny oraz silnego (w ok. 60%) hamowania wzrostu szczepów *Fusarium* spp. (*F. asiaticum*, *F. culmorum*, *F. oxysporum*, *F. solani*) wyizolowanych z grochu oraz *F. culmorum* i *F. oxysporum* fitopatogenicznych dla pszenicy i żyta w zakresie temperatur 8-36°C na podłożach stałych. *T. virens* był zdolny do rozpuszczania fosforanów, lipolizy, wytwarzania egzopolimerów i sideroforów hydroksamowych a optymalną temperaturą okazało się 12°C, a dla biomasy grzybni dodatnio skorelowanej z temperaturą, 28°C. Tempo wzrostu *T. virens* było znacznie wyższe (o 40-70%) niż szczepów *Fusarium* spp. Natomiast parametry wyznaczone na podstawie zużycia substratów Biolog EcoPlate (AWCD i Richness-R) były nawet kilkakrotnie niższe niż te obliczone dla szczepów *Fusarium* spp. a Index Zasiedlenia Niszy (NOI) wskazywał, że *T. virens* posiada odrębną niszę metaboliczną niż *Fusarium* spp. a jedynie amidy i aminy wykorzystywał silniej niż szczepy *Fusarium* spp.

Physiological profile of genetically identified isolates of *Trichoderma virens* and *Fusarium* spp. extracted from peas and the ability of the *T. virens* strain to inhibit phytopathogen growth and stimulate pea growth

T. virens strain TvG38 isolated from peas showed the ability to stimulate the growth of stems and roots of seedlings of this plant and to strongly (about 60%) inhibit the growth of *Fusarium* spp. strains (*F. asiaticum*, *F. culmorum*, *F. oxysporum*, *F. solani*) isolated from peas and *F. culmorum* and *F. oxysporum* strains phytopathogenic to wheat and rye in a wide temperature range (8-36°C) on various solid media. *T. virens* was capable of phosphate solubilisation, lipolysis, production of exopolymers and hydroxamate siderophores and the optimum temperature for these activities proved to be 12°C, while for mycelial biomass positively correlated with temperature, the optimum was 28°C. The growth rate of *T. virens* was significantly higher (by 40-70%) than that of *Fusarium* spp. strains. In contrast, parameters determined on the basis of consumption of Biolog EcoPlate substrates (AWCD and Richness-R) were even several times lower than those calculated for *Fusarium* spp. strains, and the Niche Occupancy Index (NOI) indicated that *T. virens* has a separate metabolic niche than *Fusarium* spp. and only utilised amides and amines more strongly than *Fusarium* spp. strains.

Analiza funkcjonalna ryzosfery mącznicy lekarskiej (*Arctostaphylos uva-ursi*) rosnącej na stanowiskach o różnym stopniu zanieczyszczenia metalami

Jolanta Jaroszuk-Ściseł, Karolina Jaros, Małgorzata Wójcik, Izabela Baczevska, Rafał Krawczyk, Piotr Sugier

Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

Porównano parametry biologiczne (aktywność dehydrogenazy, liczebność mikrobioty oraz parametry fizjologicznego profilowania uzyskane z użyciem EcoPlate) gleb ryzosfery mącznicy lekarskiej (*Arctostaphylos uva-ursi*), należącej do wrzosowatych rośliny o dużym znaczeniu medycznym, z właściwościami fizyko-chemicznymi tych gleb. Próby pobrano z 4 odrębnych stanowisk (młody i stary las sosnowy na glebach bielcowych oraz dwa wrzosowiska położone na piaszczystych wydmach poligonów) o bardzo wysokiej (82-95%) zawartości piasku w składzie granulometrycznym i bardzo niskich wartościach pH ($pH_{KCl}=3,8$ i $pH_{H_2O}=3,9$). Analiza PCA takich cech, jak zawartość C, N, P i K, kationów wymiennych i metali (Fe, Cu, Ni, Mn, Pb, Cr, Zn, Cd, Co) pozwoliła wskazać na wyraźne zależności z parametrami biologicznymi. Wykazano dodatnią korelację pomiędzy aktywnością dehydrogenazy, liczebnością grzybów i bakterii koptotroficznych oraz wskaźnikami AWCD, Richness (R) i różnorodności Shannon-Weaver (H). Wykazano też, że najniższa wartość stosunku AWCD (590nm) do AWCD (750nm) odpowiada najniższej aktywności dehydrogenazy i liczebności grzybów oraz wskaźnika Shannon-Weaver (H) (490nm), zbliżonym do zera wartościom AWCD (490, 590, 750nm) i szczególnie niskim wartościom Richness (R).

Functional analysis of the rhizosphere of bearberry (*Arctostaphylos uva-ursi*) growing on sites with different levels of metal contamination

Biological parameters (dehydrogenase activity, microbiota abundance and physiological profiling parameters obtained with Biolog EcoPlate) of bearberry (*Arctostaphylos uva-ursi*) rhizosphere soils, a member of the heath plant of high medicinal importance, were compared with the physico-chemical properties of these soils. Samples were taken from four separate sites (a young and an old pine forest on podzolic soils and two heathlands located on sandy dunes of the training grounds) with very high (82-95%) sand content in the granulometric composition and very low pH values ($pH_{KCl}=3.8$ and $pH_{H_2O}=3.9$). PCA analysis of such features as content, C, N, P and K, exchangeable cations, metals (Fe, Cu, Ni, Mn, Pb, Cr, Zn, Cd, Co) allowed to indicate clear relationships of the physico-chemical properties of these rhizosphere soils with biological parameters. A positive correlation was shown between dehydrogenase activity, fungal and copiotrophic bacterial abundance and AWCD, Richness (R) and Shannon-Weaver diversity (H) indices. It was also shown that the lowest value of the AWCD ratio (590nm) to AWCD (750nm) corresponds to the lowest dehydrogenase activity and fungal abundance, as well as Shannon-Weaver (H) index (490nm), close to zero values of AWCD (490, 590, 750nm) and particularly low Richness (R) values.

Wpływ preparatu zawierającego nanocząstki miedzi na przeżywalność wybranych bakterii glebowych – składników aktywnych biopreparatów stosowanych w rolnictwie

Małgorzata Hałat-Łaś¹, Anna Ambroszczyk², Paweł Kaszycki¹

¹Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków

²Organika-Agrarius sp. z o. o., Prałkowce 177/1, 37-700 Przemyśl

Miedź odgrywa istotną rolę w życiu roślin, wspierając ich odporność i pozytywnie wpływając na wzrost i rozwój. Na rynku dostępnych jest wiele preparatów zawierających aktywne biologicznie jony Cu(II), w tym produkty zawierające miedź działającą na rośliny systemicznie w postaci dolistnie aplikowanych nanozawiesin. Nanocząstki są strukturami o wymiarach <100 nm zdolnymi do szybkiego i łatwego wnikania do komórek roślin. Badano komercyjny preparat nawozowy i fitosanitarny, zawierający 5,0% miedź w postaci 0,5-nm nanocząstek. Aktywność jako środka ochrony przed patogenami może jednak hamować rozwój korzystnej mikroflory glebowej i dlatego określano wpływ stosowania produktu na wybrane bakterie wchodzące w skład bionawozów roślin uprawnych: *Azotobacter chroococcum*, *Bacillus subtilis*, *B. azotofixans*, *B. megaterium*. W analizach prowadzonych na podłożach zestalonych agarem posiewano poszczególne hodowle mikrobiologiczne, po czym w wyciętych studzienkach umieszczano badane roztwory w wariantowych stężeniach. Wykazano, że preparat nierozcieńczony był toksyczny względem wszystkich drobnoustrojów. Z kolei, roztwór stosowany w stężeniu zalecanym do bezpośredniej aplikacji na rośliny nie hamował wzrostu bakterii. Preparat należy jednak stosować rozważnie w uprawach rolniczych, warzywniczych i sadowniczych, ponieważ nanocząstki Cu mogą kumulować się w środowisku i hamować bioróżnorodność oraz wzrost drobnoustrojów glebowych.

Effect of the preparation containing copper nanoparticles on the survival of selected soil bacteria – components of active bioproducts used in agriculture

Copper plays an important role in the life of plants by promoting their resistance as well as positively affecting growth and development. Currently, there are many market-available preparations containing Cu (II) biologically active ions including systemic products with copper applied foliar as nanosuspensions. Nanoparticles are structures with dimensions <100 nm, capable of fast and easy penetration into plant cells. A commercial fertilizing and phytosanitary formulation was examined, which contained 5.0% of 0.5-nm Cu nanoparticles. Since the plant-protective activity against pathogens may hamper proliferation of beneficial soil microbiota, the influence of the product was determined on selected bacterial components of crop biofertilizers: *Azotobacter chroococcum*, *Bacillus subtilis*, *B. azotofixans*, *B. megaterium*. The analyses were carried out using agar-solidified media, based on the culture spread plate technique together with the application of wells filled with appropriate dilutions of the tested product suspensions. It was shown that undiluted solution was toxic against all the strains. In turn, the Cu-preparation at concentrations recommended for direct application to plants did not inhibit bacterial growth. However, the product must be used with caution in agricultural, vegetable and orchard crop production since Cu-nanoparticles may tend to cumulate in the environment and thus hamper the biodiversity and development of soil bacteria.

Ocena właściwości izolatów z rodzaju *Paenibacillus*, *Azotobacter* na wzrost i plonowanie upraw rolniczych

Ilona Kafel-Krawczyk¹, Anna Gierut- Kot¹, Katarzyna Góralska¹, Magdalena Jopek¹, Krzysztof Ambroziak¹, Weronika Walczak¹

Intermag Sp. z o.o. - Dział Badań i Rozwoju

W obecnym kryzysie energetycznym, stosowanie nawozów azotowych jest bardzo kosztowne, a wręcz nieopłacalne przez rolnika. Alternatywą mogą być nowe technologie uprawy roślinnej oparte na stosowaniu biostymulatorów zawierających mikroorganizmy ryzosferyczne oraz endofityczne wiążące azot atmosferyczny.

Podczas prowadzonych doświadczeń biologicznych na uprawach rolniczych skupiano się na określeniu potencjału działania izolatów bakteryjnych należących do gatunków: *Paenibacillus azotofixans*, *Paenibacillus polymyxa* oraz *Azotobacter chroococcum*. Bakterie poddano szczegółowej analizie pod kątem zdolności wiązania azotu atmosferycznego, w zależności od rodzaju stosowanego podłoża glebowego.

Wyniki przeprowadzonych badań dowodzą na wysoką aktywność wiązania azotu atmosferycznego przez bakterie, a także zwiększenie plonu, poprawę vitalności i zdrowotności roślin.

Badania realizowane w ramach projektu pod nazwą: „Nowa generacja produktów mikrobiologicznych zapewniających wyższą efektywność produkcji roślinnej przy jednoczesnym ograniczeniu chemizacji rolnictwa” współfinansowanego przez UE, realizowanego w ramach konkursu NCBiR: Działanie 1.2 „Sektorowe programy B+R INNOCHEM”, Nr Umowy: POIR.01.02.00-00-0060/17-00.

Evaluation of the properties of *Paenibacillus* and *Azotobacter* isolates on the growth and yielding of agricultural crops

In the current energy crisis, the use of nitrogen fertilizers is very expensive, and even unprofitable for the farmer. An alternative may be new plant cultivation technologies based on the use of biostimulators containing rhizosphere and endophytic microorganisms that fix atmospheric nitrogen.

During the biological experiments conducted on agricultural crops, the focus was on determining the action potential of bacterial isolates belonging to the following species: *Paenibacillus azotofixans*, *Paenibacillus polymyxa* and *Azotobacter chroococcum*. Bacteria were subjected to a detailed analysis in terms of their ability to fix atmospheric nitrogen, depending on the type of soil substrate used.

The results of the conducted tests prove the high activity of fixing atmospheric nitrogen by bacteria, as well as increasing the yield, improving the vitality and health of plants.

Research carried out as part of the project entitled: "A new generation of microbiological products ensuring higher efficiency of plant production while reducing the use of chemicals in agriculture" co-financed by the EU, implemented as part of the NCBiR competition: Measure 1.2 "INNOCHEM Sectoral R&D Programs", Agreement No. POIR. 01.02.00-00-0060/17-00.

Różnorodność funkcjonalna szczepów bakterii solubilizujących fosforany wyizolowanych z gleb ornych Polski

Monika Kozieł, Anna Gałązka

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Charakterystykę profilu metabolicznego 9 szczepów bakterii solubilizujących fosforany wykonano z wykorzystaniem systemu Biolog z użyciem płytek GenIII. Przeprowadzone badania wskazują, że szczepy PSB wykazały zróżnicowanie metaboliczne w stosunku do substratów wszystkich analizowanych grup: węglowodanów, aminokwasów, kwasów karboksylowych oraz pozostałych substratów. Na ogół u wszystkich badanych szczepów najintensywniej przebiegał katabolizm związków z grupy węglowodanów i kwasów karboksylowych. Izolat F331-2 (*Paraburkholderia caledonica*) najefektywniej metabolizował węglowodany, 16 z 26 źródeł węgla wykorzystywał na bardzo wysokim poziomie. Szczepy F139 (*Pseudomonas fluorescens*), F171 (*Pseudomonas arsenicoxydans*) i F175 (*Paraburkholderia caledonica*) okazały się skuteczne w degradacji aminokwasów, a szczep F431 (*Pseudomonas helmanticensis*) wykazał najsilniejszy potencjał do metabolizowania kwasów karboksylowych. Ponadto, szczepy F139 (*Pseudomonas fluorescens*), F171 (*Pseudomonas arsenicoxydans*), F175 (*Paraburkholderia caledonica*) i F431 (*Pseudomonas helmanticensis*) rosły w najszerszym zakresie pH i efektywnie metabolizowały antybiotyki, surfaktanty (w tym odporny Niaaproof 4) i barwniki.

Badania były realizowane w ramach Statutowego Projektu Badawczego nr 1.22 (2018-2021) oraz zadania 1.7 Rezerwy Budżetowej MRiRW w 2023 r. pt. „Preparaty mikrobiologiczne”

Functional diversity of phosphate solubilizing bacterial strains isolated from arable soils in Poland

Characterization of the metabolic profile of 9 phosphate solubilizing bacterial strains was performed with the Biolog system using GenIII plates. The conducted studies on the metabolic profile show that the PSB strains showed metabolic differentiation in relation to the substrates of all analyzed groups: carbohydrates, amino acids, carboxylic acids and other substrates. In general, the catabolism of compounds from the group of carbohydrates and carboxylic acids was the most intensive in all the tested strains. Isolate F331-2 (*Paraburkholderia caledonica*) metabolized carbohydrates most effectively, using 16 out of 26 carbon sources at a very high level. Strains F139 (*Pseudomonas fluorescens*), F171 (*Pseudomonas arsenicoxydans*) and F175 (*Paraburkholderia caledonica*) were efficient in degradation of amino acids, and strain F431 (*Pseudomonas helmanticensis*) exhibited the strongest metabolizing potential for carboxylic acids. Strains F139 (*Pseudomonas fluorescens*), F171 (*Pseudomonas arsenicoxydans*), F175 (*Paraburkholderia caledonica*) and F431 (*Pseudomonas helmanticensis*) grew at the widest range of pH and efficiently metabolized antibiotics, surfactants (including persistent Niaproof 4) and dyes.

Metagenomowa analiza próbek pochodzących ze złóż borowin leczniczych

Łukasz Mąka, Marta Bartosik, Jolanta Solecka

Zakład Bezpieczeństwa Zdrowotnego Środowiska, Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego PZH -
Państwowy Instytut Badawczy, Polska

Od wielu wieków naturalne surowce stosowano w celach leczniczych. Obecnie w wielu ośrodkach uzdrowiskowych stosowane są zabiegi z wykorzystaniem borowin leczniczych. Ich właściwości przypisuje się m.in. związkom humusowym, solom mineralnym czy substancjom czynnym będącym wynikiem aktywności mikrobiologicznej. Celem pracy była charakterystyka populacji mikroflory borowin leczniczych oraz ocena potencjału do dalszego ich wykorzystania w takich dziedzinach jak ochrona środowiska, rolnictwo czy medycyna. Z pobranych próbek izolowano DNA, wykonano PCR w celu uzyskania ampliconów obejmujących region V3-V4 16S r RNA. Otrzymane produkty oczyszczano, a następnie sekwencjonowano i przeprowadzano analizy bioinformatyczne. Uzyskane wyniki wskazują, na obecność drobnoustrojów, które mogą posiadać potencjał do dalszego ich wykorzystania w takich dziedzinach jak ochrona środowiska, rolnictwo czy medycyna. We wszystkich próbkach zidentyfikowano sekwencje bakterii należących do 47 klas, w tym najczęściej *Acidobacteriae*, *Gammaproteobacteria*, *Alphaproteobacteria*. Zaobserwowano różnice między próbkami pobranymi z tych samych złóż. Złoża borowin, z których pobrano próbki mogą być źródłem drobnoustrojów o potencjale ekonomicznym.

Badania finansowane w ramach projektów NIZP PZH-PIB 1/BKML/21 oraz 2BKBW/2022

Metagenomic analysis of samples from therapeutic peat deposits.

For many centuries, natural resources have been used for medicinal purposes. Currently many health resorts use therapeutic mud treatment. Their properties are attributed to humic compounds, mineral salts or active compounds resulting from microbial activity. The aim of the study was to characterize the microflora population of medicinal peloids and to assess their potential for further use in such fields as environmental protection, agriculture and medicine. DNA was isolated from the collected samples and PCR was performed to obtain amplicons covering the V3-V4 region of 16S r RNA. The obtained products were purified and then sequenced and bioinformatics analyzes were performed. Obtained results indicate the presence of microorganisms that may have the potential for their further use in such fields as environmental protection, agriculture or medicine. In all samples, sequences of bacteria belonging to 47 classes were identified, most often *Acidobacteriae*, *Gammaproteobacteria*, *Alphaproteobacteria*. Differences were observed between samples taken from the same deposits. The mud deposits from which the samples were taken may be a source of microorganisms with economic potential.

Research funded by projects NIZP PZH-PIB 1/BKML/21 and 2BKBW/2022

Wpływ zmienności genetycznej w 3'UTR RNA1 wirusa nekrozy pomidora (ToTV-Kra) na transmisję przez wektor owadzi

Marta Budziszewska¹, Arnika Przybylska¹, Aleksandra Obrępańska-Stęplowska¹

Instytut Ochrony Roślin-Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

Wirus nekrozy pomidora (ToTV) poraża *Solanum lycopersicum* wywołując na roślinach nekrozy, co prowadzi do znacznych strat w produkcji pomidorów. Cechą charakterystyczną polskich izolatów ToTV jest zmienność genetyczna w regionie 3'UTR nici RNA1 przejawiająca się występowaniem różnej długości delecji sekwencji. Celem badań była analiza wpływu tej zmienności na poziom akumulacji wirusa podczas jego transmisji przez wektor *Trialeurodes vaporariorum*. W tym celu przygotowano infekcyjne kopie RNA1 o pełnej długości 3'UTR oraz 4 warianty deleccyjne var2Δ6, var3Δ50, var4Δ43 i var5Δ163, którymi infiltrowano rośliny pomidora z użyciem *A. tumefaciens*. Po 10 dniach objawowe rośliny stanowiły inokulum dla wektora. Po 24-godzinym żerowaniu część mączlików odłowiono do badań molekularnych, a pozostałe przeniesiono na zdrowe rośliny, które następnie obserwowano pod kątem rozwoju infekcji. Analizy ilościowe prowadzono w oparciu o reakcje real-time PCR oraz kropelkowy PCR (ddPCR). Uzyskane wyniki dowodzą, że badane warianty są nabywane przez owady z różną wydajnością, a co za tym idzie również w komórkach pomidora akumulują na różnym poziomie. Na tej podstawie wnioskujemy, że występowanie zmienności może być przystosowaniem wirusa do efektywnego przenoszenia przez owady.

Badania finansowane z projektu badawczego NCN 2016/21/D/NZ9/02468

Effect of genetic variability in the 3'UTR RNA1 of tomato torrado virus (ToTV-Kra) on its transmission by an insect vector

Tomato torrado virus (ToTV) infects *Solanum lycopersicum* causing necrosis on plants, which leads to significant losses in tomato production. A characteristic feature of Polish ToTV isolates is genetic heterogeneity in the 3'UTR regions of RNA1 manifested by the occurrence of different lengths deletions in the sequence. The aim of the study was to analyze the impact of the identified genetic variability on the level of virus acquisition and accumulation during virus transmission by the vector *Trialeurodes vaporariorum*. For this purpose, on the basis of an infectious copy of RNA1 with a full length of 3'UTR, four deletion variants: var2Δ6, var3Δ50, var4Δ43 and var5Δ163 were generated. The resulting clones were introduced into *A. tumefaciens* and then infiltrated into the tomato. After 10 days, symptomatic plants were used as an inoculum for the vector. After 24 hours of feeding, some of the whiteflies were caught for molecular testing, and the rest were transferred to healthy plants, which were subsequently observed for the development of infection symptoms. Quantitative analyses were based on real-time RT-PCR and digital droplet PCR (ddPCR) reactions. The obtained results prove that the tested variants are acquired by insects with different efficiency, and thus also accumulate at different levels in tomato cells. The results suggest that the occurrence of variability may be related to the adaptation of the virus to effective transmission by insects.

Research funded by the project National Science Centre NCN 2016/21/D/NZ9/02468

Określenie udziału komponentów procesu potranskrypcyjnego wyciszania ekspresji genów (PTGS) podczas infekcji wirusa nekrozy pomidora w *Nicotiana benthamiana*

Przemysław Wieczorek¹, József Burgyán², Aleksandra Obrępańska-Stęplowska¹

¹Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy

²National Agricultural Research and Innovation Centre, Godollo, Węgry

Wirus nekrozy pomidora (ToTV, *Tomato torrado virus*) poraża rośliny psiankowate, w tym przede wszystkim *Solanum lycopersicum* oraz *Nicotiana benthamiana*. Dotychczas nie opisano interakcji ToTV z gospodarzem w kontekście udziału procesu potranskrypcyjnego wyciszania ekspresji genów (PTGS) jako mechanizmu obronnego rośliny przed tym wirusem. W tym celu, wykorzystując rośliny z osłabioną aktywnością niektórych komponentów PTGS wykazano, że NbDCL4 oraz NbrDR6 pełną istotną rolę w ochronie rośliny przed ToTV. W szczególności rośliny z zahamowaną aktywnością NbrDR6 odpowiadały na obecność ToTV wystąpieniem nekrozy na *N. benthamiana* – taki fenotyp nie towarzyszył infekcji wirusa na roślinach typu dzikiego (wild-type).

Wyniki przeprowadzonych doświadczeń wskazały na udział RDR6 w ochronie roślin przez torradowirusami.

Badania finansowano w ramach projektu NCN nr 2016/21/D/NZ9/02478 oraz grantu EMBO Short Term Fellowship nr 7022.

Assessment of PTGS components in *Nicotiana benthamiana* during tomato torrado virus pathogenesis

Tomato torrado virus (ToTV) infects Solanaceae plants, especially *Solanum lycopersicum* and *Nicotiana benthamiana*. So far, the relationship of ToTV with the host has not been described in the light of the role of post-transcriptional gene silencing (PTGS) as a mechanism for plant protection against this virus. Using plants with suppressed activity of some PTGS components, it was shown that NbDCL4 and NbrDR6 play an important role in plant protection against ToTV. In particular, plants with downregulated NbrDR6 activity responded to the presence of ToTV with necrosis in *N. benthamiana*, a phenotype that was not associated with virus infection on wild-type plants.

The results of the conducted experiments indicated the involvement of RDR6 in the protection of plants against torradoviruses.

The research was financed under NCN project no. 2016/21/D/NZ9/02478 and the EMBO Short Term Fellowship grant no. 7022.

Różnice w przebiegu infekcji roślin z rodziny Solanaceae wirusem mozaiki ogórka (CMV) oraz jego mutantami pozbawionymi białka 2b

Paweł Zalewski, Przemysław Wieczorek, Barbara Wrzesińska-Krupa, Marta Budziszewska, Patryk Frąckowiak, Aleksandra Obrępańska-Stęplowska

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Poznań

Wirus mozaiki ogórka (CMV) poraża wiele gatunków roślin uprawnych, w tym należących do rodziny psiankowatych (Solanaceae). Jest także wykorzystywany jako model w analizach interakcji wirus-roślina. W tym kontekście kluczową rolę pełni białko 2b CMV, które jest wirusowym supresorem procesu wyciszania potranskrypcyjnego (PTGS) indukowanego jako odpowiedź obronna rośliny. Celem przeprowadzonych badań było określenie wpływu braku genu kodującego 2b CMV na przebieg procesu chorobowego w *Solanum lycopersicum* L., *Nicotiana benthamiana* oraz *N. tabacum*. W badaniach podjęto się skonstruowania infekcyjnych kopii CMV z usuniętą sekwencją kodującą 2b, a następnie badano symptomy patogenezy wywołanej wirusem dzikim oraz uzyskanymi wariantami delecyjnymi CMV. Ponadto określono poziom akumulacji wirusa w roślinach. W zaproponowanym modelu badawczym wykazano różnice w przebiegu infekcji na poziomie akumulacji wirusa oraz natężeniu objawów chorobowych.

Badania finansowane z ramienia NCN na mocy grantu nr 2021/43/B/NZ9/02626

Differences in the course of infection of plants from the Solanaceae by cucumber mosaic virus (CMV) and its 2b-deficient mutants

Cucumber mosaic virus (CMV) infects many cultivated plant species, including those belonging to the Solanaceae family. It is also used as a model in analyzing virus-plant interactions. In this context, a crucial role is played by the CMV 2b protein, which acts as a viral suppressor of post-transcriptional gene silencing (PTGS) induced as a defense response in plants. The aim of the conducted research was to determine the impact of the absence of the gene encoding CMV 2b protein on the progression of the disease process in *Solanum lycopersicum* L., *Nicotiana benthamiana*, and *N. tabacum*. In the studies, infectious copies of CMV with the deleted coding sequence of 2b protein were constructed, and the symptoms of pathogenesis caused by the wild-type virus and the obtained deletion variants of CMV, as well as the level of virus accumulation in plants, were examined. The proposed research model showed differences in the course of infection in terms of virus accumulation and the intensity of disease symptoms.

Research funded by National Science Centre through research grant nr 2021/43/B/NZ9/02626

Wpływ infekcji wirusowej oraz poziomu fitohormonów roślin pomidora (*Solanum lycopersicum* L.) na zachowania orientacyjne i rozwój mszycy brzoskwińskiej (*Myzus persicae*)

Agata Klepacka, Patryk Frąckowiak, Marta Budziszewska, Przemysław Wieczorek, Aleksandra Obrępańska-Stęplowska

Instytut Ochrony Roślin- Państwowy Instytut Badawczy

Pomidor (*Solanum lycopersicum* L.) jest rośliną niezwykle istotną gospodarczo niemalże na całym świecie. Rośliny w środowisku zewnętrznym są stale narażone na stropy abiotyczne i biotyczne. Do tych drugich należy kontakt ze szkodnikami i patogenami. Jednym z wektorów owadzych przenoszących fitopatogenne wirusy jest mszyca brzoskwińska (*Myzus persicae*), która przenosi m.in. wirusa mozaiki ogórka (CMV) i wirusa ziemniaka Y (PVY). Proces naturalnych mechanizmów obronnych roślin indukowany i kontrolowany jest przez ich szlaki fitohormonalne, przy czym substancje takie jak kwas abscysynowy i jasmonowy wskazywane są na niezwykle istotne w tych procesach. Celem przedstawionych badań było zbadanie zachowań orientacyjnych oraz analiza rozwoju mszycy brzoskwińskiej w odniesieniu do trzech parametrów: odmiany pomidora, zmian w syntezie fitohormonów, oraz infekcji wirusami CMV i PVY. Pomiar, które brano pod uwagę to przeżywalność, ilość potomstwa, przyrost masy w czasie i czas całkowitego rozwoju od stadium nimfy do uzyskania dojrzałości płciowej. Wyniki pokazują preferencję mszyc do żerowania i rozwoju na roślinach, w których szlak fitohormonalny został zaburzony oraz na roślinach porażonych wirusami.

Badania finansowane z ramienia NCN na mocy grantu nr 2021/43/B/NZ9/02626

Influence of viral infection and phytohormone level in tomato plants (*Solanum lycopersicum* L.) on orientational behavior and development of green peach aphid (*Myzus persicae*)

Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) is an economically important crop almost worldwide. Crops are constantly exposed to abiotic and biotic stresses. The latter include exposure to pests and pathogens. One of the insect vectors transmitting viruses is the green peach aphid (*Myzus persicae*), which helps spread viruses such as cucumber mosaic virus (CMV) and potato virus Y (PVY), among others. Plant defence processes are induced and regulated by complex phytohormone pathways, in which abscisic acid and jasmonic acid are of high importance. In the presented experiment, the orientational behavior and development of aphids were examined in relation to three parameters: plant cultivar, phytohormone synthesis impairment, and the presence of CMV and PVY infection. The survival rate, number of offspring, mean relative growth rate and the length of the pre-production period were analysed. The results indicate that aphids prefer to feed on plants with impaired phytohormone pathways, as well as on virus-infected plants.

Research funded by National Science Centre through research grant nr 2021/43/B/NZ9/02626

Konwersja odpadu po produkcji nasion fasoli przez *Hermetia illucens*: zmiany w metagenomach w kontekście bionawozowym

Monika Kaczor¹, Piotr Bulak¹, Sebastian Przemieniecki², Kinga Proc-Pietrycha¹, Marina Kirichenko-Babko^{1,3}, Agnieszka Kosewska², Sławomir Ciesielski⁴, Andrzej Bieganowski¹

¹ Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk w Lublinie

² Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

³ Schmalhausen Institute of Zoology, National Academy of Sciences of Ukraine

⁴ Katedra Biotechnologii w Ochronie Środowiska, Instytut Inżynierii i Ochrony Środowiska,

Trzydniowe larwy *H. illucens* hodowano na odpadzie po produkcji nasion fasoli przez miesiąc. Celem było określenie: przydatności tego rodzaju wysokobiałkowego odpadu jako pożywienia dla larw *H. illucens*, składu metagenomu bakteryjnego jelit owada jak i substratu oraz właściwości pozostałości po doświadczeniu (frasu) w kontekście przydatności nawozowej. Średnia masy larwy po doświadczeniu wyniosła 0,103 g. Zawartość formy amonowej wzrosła 19,6-krotnie a azotanowej 8,5-krotnie we frasie w stosunku do odpadu fasoli przed doświadczeniem. Mikrobiom jelitowy larw dorosłych wzbogacił się o rodzaje: *Enterobacter*, *Escherichia*, *Klebsiella*, *Kluyvera*, *Morganella*, *Pantonea*, *Proteus*, *Salmonella* i *Serratia*, lecz zubożał o rodzaje: *Citrobacter*, *Dysgomonas*, *Petrimonas*, *Porphyromonas*, *Proteiniphilum*, *Providencia* i *Schaalia*. Konwersja odpadu fasoli przez larwy skutkowałą zmniejszeniem liczności rodzajów: *Enterobacter*, *Kosakonia*, *Leclercia*, *Pantoea*, *Salmonella*, a zwiększeniem: *Bacillus*, *Citrobacter*, *Enterococcus*, *Morganella*, *Oceanobacillus*, *Pseudomonas*, *Vagococcus* i *Virgibacillus* we frasie. Analiza mikrobiomu wykazała obecność grup bakterii promujących wzrost roślin zarówno w odpadzie jak i frasie.

Conversion of post-production bean seed waste by *Hermetia illucens*: changes in metagenomes in biofertilizer context

Three-day-old *H. illucens* larvae were reared on post-production bean seed waste for one month. The aim was to determine: the suitability of a high protein waste as feed for *H. illucens* larvae, the composition of the bacterial metagenome of the insect gut as well as the substrate, and the properties of the experimental residue (frass) in terms of fertilizer applicability. The average weight of the larva after the experiment was 0.103 g. The content of the ammonium form increased by 19.6 times and nitrate by 8.5 times in the frass compared to the bean waste before the experiment. The gut microbiome of adult larvae was enriched by genera: *Enterobacter*, *Escherichia*, *Klebsiella*, *Kluyvera*, *Morganella*, *Pantonea*, *Proteus*, *Salmonella* and *Serratia*, but depleted by genera: *Citrobacter*, *Dysgomonas*, *Petrimonas*, *Porphyromonas*, *Proteiniphilum*, *Providencia* and *Schaalia*. Conversion of bean waste by larvae resulted in reduced abundance of genera: *Enterobacter*, *Kosakonia*, *Leclercia*, *Pantoea*, *Salmonella*, and an increase in: *Bacillus*, *Citrobacter*, *Enterococcus*, *Morganella*, *Oceanobacillus*, *Pseudomonas*, *Vagococcus* and *Virgibacillus* in the frass. Microbiome analysis showed the presence of plant growth-promoting bacterial groups in both bean waste and frass.

Charakterystyka typów kojarzeniowych wybranych izolatów *Neonectria ditissima* i możliwość tworzenia teleomorfy przez tego patogena

Anna Wilkos¹, Damian Słoniewski¹, Ewa Mirzwa-Mróż¹, Marcin Wit¹,
Elżbieta Paduch-Cichal¹, Marek Szyndel¹, Wojciech Wakuliński¹

¹Zakład Fitopatologii, Katedra Ochrony Roślin, Instytut Nauk Ogrodniczych,
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie – SGGW, Nowoursynowska 159,
02-776 Warsaw

Rak drzew liściastych powodowany przez *N. ditissima* (Tul. and C. Tul.) Samuels and Rossman jest jedną z ważniejszych chorób jabłoni domowej w Polsce. Patogen ten jest przyczyną występowania dużych strat w sadach jabłoniowych. Celem pracy było zbadanie typów kojarzeniowych wybranych izolatów *N. ditissima* wyizolowanych z jabłoni, rosnących w sadach towarowych w centralnej Polsce. Izolaty wstępnie scharakteryzowano na podstawie ich cech morfologicznych. *N. ditissima* wytwarzał dwa rodzaje zarodników konidialnych: jednokomórkowe, elipsoidalne mikrokonidia i proste lub zakrzywione, dwu-, cztero- lub sześciokomórkowe makrokonidia. W celu określenia typów kojarzeniowych wybranych izolatów zbadano występowanie w nich jednej z dwóch sekwencji genów typu kojarzeniowego *MATI-1-1* lub *MATI-2-1*. Reakcje PCR przeprowadzono z starterami NdM1f i NdM1r dla *MATI-1-1* oraz NdM2f i NdM2r dla *MATI-2-1*, po czym dla izolatów reprezentujących różne typy kojarzeniowe został przeprowadzony test kojarzenia in vitro. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że *N. ditissima* jest grzybem heterotalicznym i do zajścia procesu płciowego i wytworzenia perytecjów wymaga dwóch dopełniających się różnych typów kojarzeniowych. Tworzące się w perytecjach askospory zdolne do kiełkowania w strzępki grzybni.

Characteristics of the mating types of selected isolates of *Neonectria ditissima* and the possibility of creating teleomorph by this pathogen

European apple cancer caused by *N. ditissima* (Tul. and C. Tul.) Samuels and Rossman is one of the most important diseases of domestic apple trees in Poland. This pathogen is the cause of large losses in apple orchards. The aim of the study was to examine the mating types of selected *N. ditissima* isolates obtained from apple trees growing in commercial orchards in central Poland. Isolates were initially characterized by their morphological characteristics. *N. ditissima* produced two types of conidial spores: unicellular, ellipsoidal microconidia and straight or curved, two-, four- or six-celled macroconidia. In order to determine the mating types of the selected isolates, the presence of one of the two gene sequences of the mating type *MATI-1-1* or *MATI-2-1* was examined. PCR reactions were performed with primers NdM1f and NdM1r for *MATI-1-1* and NdM2f and NdM2r for *MATI-2-1*, followed by an in vitro mating test for isolates representing different mating types. Based on the obtained results, it was found that *N. ditissima* is a heterothallic fungus and requires two complementary mating types for the sexual process to occur and the formation of perithecia. The ascospores forming in the perithecia were able to germinate into mycelial hyphae.

Pasy kwietne jako żywe ściółki w sadzie jabłoniowym – wpływ na aktywność i bioróżnorodność mikroorganizmów

Ewa M. Furmańczyk¹, Małgorzata Tartanus¹, Eligio Malusá¹

¹Institut Ogródnictwa -PIB, 96-100 Skierniewice, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3

Zrównoważone zarządzanie w sadzie opiera się na praktykach poprawiających różnorodność biologiczną. Można to osiągnąć poprzez zwiększenie różnorodności upraw, np. przez stosowanie żywych ściółek lub pasów kwietnych. Przedstawiamy wyniki z pierwszego sezonu z dobrze wykształconymi żywymi ściółkami w sadzie i ich wpływ na aktywność mikrobiologiczną i bioróżnorodność w glebie.

Sad jabłoniowy (odmiana Golden Delicious na podkładce M9) został założony w 2021 roku. Jako żywe ściółki testowano dwie mieszanki (mieszanka *Festuca ovina* i *Trifolium repens* lub mieszanka 10 gatunków roślin stosowana jako pas kwietny) z fakultatywną aplikacją arbuskularnych grzybów mikoryzowych (AMF). Biostymulant mikrobiologiczny został zastosowany podczas sadzenia drzew pod koniec kwietnia, żywe ściółki wysiano miesiąc później.

Badane mieszanki wpływały na poziom składników odżywczych w glebie i liściach, rozwój drzew, ale także istotnie wpływały na aktywność mikrobiologiczną i bioróżnorodność, zwłaszcza stosowane wraz z AMF. Aktywność i różnorodność mikrobiologiczna osiągała najwyższe poziomy w okresie letnim. Obserwowano także pewne zmiany w aktywności metabolicznej populacji mikrobiologicznej gleby, które sugerują wpływ metod zarządzania na bioróżnorodność funkcjonalną gleby.

Flower strips as living mulches in apple orchard – effect on the microbial activity and biodiversity

Sustainable management in the orchard is based on practices that are improving biodiversity. It can be achieved by boosting crop diversity e.g. by using living mulches or flower strips. Here we present the results from the first season with well-established living mulches on microbial activity and biodiversity.

An apple orchard (cv. Golden Delicious on M9 rootstock) was established in 2021. Two alternative mixtures of plant species (mix of *Festuca ovina* and *Trifolium repens* or a mix of 10 species used for flower strips) were assessed as understorey living mulches, either receiving or not a treatment with arbuscular mycorrhizal fungi (AMF). The AMF product was applied at tree planting, end of April, while the living mulches were sown a month later.

The plant mixtures affected the nutrient levels in soil and leaves and tree development, but also significantly influenced soil microbial activity and biodiversity, especially when used together with AMF. The microbial activity and diversity obtained the highest levels during the summer. Moreover, a metabolic shift of the soil microbial populations was observed, suggesting also an impact of the management practices on soil functional biodiversity.

Badania finansowane w ramach projektu BioHortiTech, który jest finansowany przez ERA-NET Cofund SusCrop, w ramach inicjatywy FACCE-JPI. SusCrop otrzymał finansowanie w ramach programu Horizon 2020 (umowa nr: 771134).

Bioinokulaty oparte na AMF: ich wpływ na ziemniaka porażonego wirusem PVY oraz mikrobiom gleby rolnej

Edyta Deja-Sikora^{1*}, Klaudia Werner¹, Krzysztof Treder², Edmund Kozieł³, Katarzyna Hrynkiewicz^{1*}

¹ Katedra Mikrobiologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, ul. Lwowska 1, 87-100 Toruń (dejasikora@umk.pl; hrynk@umk.pl)

² Zakład Nasiennictwa i Ochrony Ziemniaka, Oddział IHAR-PIB w Boninie, 76-009 Bonin 3

³ Instytut Biologii, Katedra Botaniki, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa

Arbuskularne grzyby mykoryzowe (AMF) to biotroficzne mikroorganizmy powszechnie występujące w glebach. Niejednokrotnie wykazano, że AMF wpływają pozytywnie na wzrost i plonowanie roślin. Ten korzystny aspekt mykoryzy jest niezmiernie istotny w kontekście produkcji roślin uprawnych, w tym także ziemniaka. Jednakże uprawy ziemniaka na całym świecie niszczone są przez wirus Y ziemniaka (PVY), co przyczynia się do ogromnych strat ekonomicznych. Charakter interakcji pomiędzy AMF i PVY nie jest jeszcze dobrze poznany. W doniesieniu przedstawiamy wyniki doświadczenia doniczkowego i próby polowej, których celem było zbadanie interakcji pomiędzy symbiontem ziemniaka (AMF) oraz jego patogenem (PVY). Ponadto, prezentujemy analizę wpływu bioinokulatów opartych na grzybach arbuskularnych na strukturę i bioróżnorodność grzybowego mikrobiomu glebowego.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu OPUS 2016/23/B/NZ9/03417 oraz przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach projektu TANGO-IV-A/0018/2019.

Arbuscular mycorrhizal fungi-based bioinocula: the effect on PVY-infected potato and microbiome of agricultural soil

Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) are biotrophic microorganisms commonly found in soils. AMF positively influence plant growth and yield, which is extremely important for the production of many crops including potato. However, potato plantations are severely impacted with potato virus Y (PVY) causing a serious economic losses worldwide. The nature of the interaction between AMF and PVY sharing the same host is not well characterized. We present the results of both pot experiment and field trial aimed at the studying of the interaction between potato symbiont (AMF) and its pathogen (PVY). The comparison of observations done under the growth-chamber and environmental conditions showed that various AMF species may interact with potato varieties in a different way. Furthermore, we analysed the impact of AMF-based bioinocula on the structure and the diversity of soil fungal microbiome. Interestingly, we noticed that two tested potato varieties may differentially shape the communities of symbiotic fungi found in agricultural soil.

The study was financially supported by the National Science Centre (NSC, Poland) OPUS 2016/23/B/NZ9/03417 and by the National Centre for Research and Development (NCBR, Poland) TANGO-IV-A/0018/2019.

Selektywne filtrowanie mikroorganizmów z gleby przez *Salicornia europaea*

Sonia Szymańska^{1*}, Agnieszka Ludwiczak², Edyta Deja-Sikora¹, Marcin Sikora³,
Marcin Gołębiewski⁴, Katarzyna Hrynkiewicz^{1*}

¹ Katedra Mikrobiologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Lwowska 1, 87-100 Toruń, Polska (*soniasz@umk.pl, hrynk@umk.pl)

² Katedra Geobotaniki i Planowania Krajobrazu, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Lwowska 1, 87-100 Toruń, Polska

³ Interdyscyplinarne Centrum Nowoczesnych Technologii, Uniwersytet Mikołaj Kopernika w Toruniu, Wileńska 4, 87-100 Toruń, Polska

⁴ Katedra Fizjologii Roślin i Biotechnologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaj Kopernika w Toruniu, Lwowska 1, 87-100 Toruń, Polska

S. europaea jest halofitem znajdującym w wielu krajach zastosowanie w przemyśle spożywczym (m.in. jako dodatek do sałatek lub pasz dla zwierząt) i w medycynie (wykazuje m.in. działanie przeciwcukrzycowe, antyoksydacyjne, hipocholesterolemiczne oraz przeciwstarzeniowe). Głównym celem badań było: (1) określenie różnic w mikrobiomie występującym w glebie pozakorzeniowej, ryzosferze, korzeniach i pędach *S. europaea* na czterech stanowiskach badawczych charakteryzujących się różnym zasoleniem, (2) zbadanie wpływu warunków klimatycznych (Polska, Norwegia) oraz parametrów fizyko-chemicznych gleby na bioróżnorodność bakterii oraz liczebność patogenów człowieka. W doniesieniu zaprezentowane zostaną wyniki analiz metagenomowych badanych środowisk powiązane z parametrami fizyko-chemicznymi gleb oraz parametrami wzrostu roślin. Dodatkowo przedstawiona zostanie liczebność hodowalnych patogenów człowieka tj. *Escherichia coli*, *Listeria monocytogenes* oraz *Salmonella enterica* kolonizujących *S. europaea*.

Badania finansowane z projektu NCN OPUS 2018/31/B/NZ9/02381

Selective filtration of microorganisms from soil by *Salicornia europaea*

S. europaea is a halophyte which is applied in food industry (e.g. as an ingredient of salads or animal feed) and medicine (due to e.g. antidiabetic, antioxidant, hypocholesterolemic and anti-aging properties) in many countries. Main aim of the research was: (1) to determine the differences in the microbiome found in the bulk soil, rhizosphere, roots and shoots of *S. europaea* collected from four test sites characterized by different salinities, (2) to evaluate the impact of climatic conditions (Poland, Norway) and physico-chemical soil parameters on the biodiversity of bacteria and the density of human pathogenic microorganisms. The conference report presents the results of metagenomic analyzes of the studied environments, related to the soil and plant growth parameters. Additionally, we show the density of cultured human pathogens, i.e. *Escherichia coli*, *Listeria monocytogenes* and *Salmonella enterica* colonizing *S. europaea*.

This research was funded by the grant from NCN OPUS 2018/31/B/NZ9/02381

Salt-Fun: Słony profil grzybów endofitycznych- podejście proteomiczne

Bliss U. Furtado¹, Katarzyna Hrynkiewicz¹, Urszula Jankowska²,
Bożena Skupień-Rabian²

¹ Katedra Mikrobiologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, ul. Lwowska 1, 87-100 Toruń

² Pracownia Proteomiki i Spektrometrii Mas, Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński, ul. Gronostajowa 7A 30-387, Kraków

Roślinom towarzyszą endofity grzybowe, które pomagają im przystosować się do gwałtownych zmian środowiskowych (np. zasolenia), a także poprawiają pozyskiwanie składników odżywczych, wzrost roślin i ich plonowanie. Jednak brak informacji na temat mechanizmów tolerancji soli przez grzyby utrudnia zrozumienie udziału grzybów w łagodzeniu stresu zasolenia roślin. Dlatego też niniejsza praca skupia się na rozszyfrowaniu kluczowych mechanizmów tolerancji grzybów na sól i zbadaniu wzajemnego oddziaływania białek zaangażowanych w zwiększoną i zmniejszoną tolerancję na sól. Analizowano szczepy grzybów z rodzaju *Epicoccum* i *Trichoderma*, po dwa szczepy wyizolowane z różnych organów (pędy i korzenie) *Salicornia europaea*, rośliny halofilnej - dobrze przystosowanej do wysokiego zasolenia (>1 M NaCl). Cztery szczepy hodowano we wzrastającym stężeniu NaCl i scharakteryzowano na dwie grupy w oparciu o poziom tolerancji soli (>800 mM NaCl - wysoka i < 400 mM NaCl - niska). Profile białkowe grzybów wykazywały istotne zróżnicowanie ekspresji pomiędzy szczepami wyizolowanymi z różnych organów roślin (pęd i korzeń). Stwierdziliśmy, że wysokie zasolenie zwiększyło względną obfitość białek zaangażowanych w procesy metaboliczne, sygnalizację, redoks i biosyntezę białek, podczas gdy białka związane z transportem, produkcją energii i cytoszkieletem uległy zmniejszeniu.

Salt-Fun: A salty profile of endophytic fungi- a proteomic approach

Plants are associated with fungal endophytes that help them adapt to rapid environmental changes (e.g., salinity), and improve nutrient acquisition, plant growth and yield. However, the lack of information on the mechanisms of fungal salt tolerance makes it difficult to understand the contribution of fungi in alleviating plant salinity stress. Therefore, the present work focuses on deciphering the key mechanisms of fungal salt tolerance and investigating the interaction of proteins involved in increased and decreased tolerance. We analyzed fungal strains of the genera *Epicoccum* and *Trichoderma*, two strains each isolated from different organs (shoots and roots) of *Salicornia europaea*, a halophytic plant well adapted to high salinity (>1 M NaCl). Four strains were cultured in increasing NaCl concentrations and characterized into two groups based on the level of salt tolerance (>800 mM NaCl -high and < 400 mM NaCl -low). Fungal protein profiles showed significant expression differences between strains isolated from different plant organs (shoot and root). We found that high salinity increased the relative abundance of proteins involved in metabolic processes, signaling, redox and protein biosynthesis, while proteins related to transport, energy production and the cytoskeleton decreased.

This project has received funding from NCN MINIATURA4 (grant No. 2020/04/X/NZ9/02113)

Bakteryjne endosymbionty kosmopolitycznego gatunku dżdżownicy *Aporrectodea caliginosa* Sav.

Angelika Kliszcz ¹, Agnieszka Kuźniar ², Agnieszka Wolińska ², Sara Jurczyk ²,
Joanna Puła ¹

¹ Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie

² Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II w Lublinie

Relacje symbiotyczne zachodzące między organizmem dżdżownicy (gospodarza) a bakteriami mogą mieć charakter nieantagonistyczny (współzależność korzystna) i wyrażać się poprzez: komensalizm (0/+), protokooperację (+/+, nieobligatoryjne) bądź mutualizm (+/+, obligatoryjne). W przeprowadzonych badaniach oznaczono bakteryjne ASVs (ang. *amplicon sequence variants*) w świeżych koproliatach dżdżownicy *Aporrectodea caliginosa* Sav., niezwłocznie po ich wydaleniu. Gatunek ten jest szeroko rozpowszechniony w siedliskach klimatu umiarkowanego, także w agroekosystemach oranych, okresowo suchych czy oligotroficznych.

W wyniku badań oznaczono 26 nowych ASVs, niewystępujących w substracie ani też w środowisku życia odłowionych dżdżownic (próby glebowe pobrane z różnych lokalizacji pola uprawnego). Oznaczone bakterie stanowiły 9.71% wszystkich ASV w koproliatach i należą głównie do Bacteroidota (53.59%), Proteobacteria (32.85%), Firmicutes (5.35%) i Verrucomicrobiota (3.15%). Zostały one scharakteryzowane jako endosymbionty badanego gatunku dżdżownicy i przypuszczalnie pozostają w relacji mutualistycznej względem *A. caliginosa* Sav., jednak by potwierdzić ich rolę względem organizmu gospodarza potrzebne są dalsze badania dotyczące ich funkcji.

Bacterial endosymbionts of the cosmopolitan earthworm species *Aporrectodea caliginosa* Sav.

Symbiotic relations between the earthworm (host) and bacteria may be non-antagonistic (beneficial) and be expressed through: commensalism (0/+), proto-cooperation (+/+, not obligatory) or mutualism (+/+, obligatory). In this study, bacterial ASVs (*amplicon sequence variants*) were determined in fresh coprolites of the earthworm *Aporrectodea caliginosa* Sav., immediately after their donation. This species is widespread in temperate climate habitats, also in plowed, periodically dry or oligotrophic agroecosystems.

As a result of the research 26 new ASVs were determined. They were not found neither in the substrate nor in the environment of the captured earthworms (soil samples taken from different locations of the farmland). The identified bacteria accounted for 9.71% of all ASVs in the coprolites and belong mainly to Bacteroidota (53.59%), Proteobacteria (32.85%), Firmicutes (5.35%) and Verrucomicrobiota (3.15%). They have been characterized as endosymbionts of the studied species of earthworm and presumably have a mutualistic relationship with *A. caliginosa* Sav., however, further research on their function is needed to confirm their role in the host organism.

Bakterie jelitowe owadów wspomagające wzrost roślin pomidora (*Solanum lycopersicum* L.)

Krzysztof Krawczyk ¹, Alicja Szabelska-Beręsewicz ², Sebastian Wojciech Przemieniecki ³, Mateusz Szymańczyk ⁴, Aleksandra Obrępańska-Stęplowska ¹

¹ Instytut Ochrony Roślin – PIB, Poznań, ² Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań, ³ Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn, ⁴ Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich – PIB, Poznań.

Nowe źródła bakterii promujących wzrost roślin (PGPB) są pożądane do ciągłego zwiększania plonów oraz do redukcji użycia syntetycznych środków ochrony roślin. W prezentowanych badaniach sprawdzono hipotezę, że bakterie jelitowe owadów sprzyjają wzrostowi roślin pomidora. Występowanie cech PGP badano przesiewowo w bakteriach jelitowych owadów uzyskanych od trzech gatunków: *Scolytidae* sp., *Oulema melanopus* i okazów *Diabrotica virgifera*. Wybrano szczepy wykazujące cechy PGP i przetestowano je pod kątem zdolności do promowania wzrostu pomidora (*Lycopersicon esculentum*). Każdy szczep badano indywidualnie oraz wszystkie szczepy testowano razem jako konsorcjum bakteryjne. Plon owoców pomidora porównano z grupą kontrolną - pomidorami traktowanymi wodą. Znaczący wzrost plonów odnotowano w liczbie owoców (+41%) oraz masie owoców (+44%). Wszystkie szczepy konsorcjum pochodziły ze stonki kukurydzianej (*Diabrotica virgifera*). Otrzymane wyniki pozwoliły na potwierdzenie hipotezy, że bakterie jelitowe *D. virgifera* znacząco sprzyjają wzrostowi roślin pomidora. Jest to pierwsze doniesienie na temat udanego zastosowania bakterii jelitowych *D. virgifera* do stymulacji wzrostu roślin pomidora.

Finansowanie: Narodowe Centrum Nauki UMO- 2016/23/B/NZ9/03503

The use of Insect Gut Bacteria to Promote the Growth of Tomato Plants (*Solanum lycopersicum* L.)

The new sources of plant growth promoting bacteria (PGPB) are needed to increase yields and to reduce the use of synthetic plant protection products. The presented study tested the hypothesis that insect gut bacteria promote the growth of tomato plants. The presence of PGP was screened in insect gut bacteria obtained from three insect species *Scolytidae* sp., *Oulema melanopus* and *Diabrotica virgifera* specimens. From these strains, strains exhibiting PGP characteristics were selected and tested for their ability to promote the growth of tomato (*Lycopersicon esculentum*). Each strain was tested individually and all strains were tested together as a bacterial consortium. Tomato fruit yield was compared with a control group - tomatoes treated with water. A significant increase in yields was recorded in the number of fruit (+41%) and fruit weight (+44%). All strains of the consortium were derived from the corn beetle (*Diabrotica virgifera*). The obtained results confirmed the hypothesis that the intestinal bacteria of *D. virgifera* significantly promote the growth of tomato. This is the first report of the successful use of *D. virgifera* gut bacteria to stimulate the growth of tomato plants.

Funding: Polish National Science Centre UMO- 2016/23/B/NZ9/03503

Efekt domieszki krzewów w drzewostanach na zróżnicowanie mikrobiologiczne i akumulacje wielopierścieniowych węglowodorów aromatycznych

Jarosław Lasota¹, Rafał Ważny², Marzena Kaźmierczak¹, Ewa Błońska¹

¹Katedra Ekologii i Hodowli Lasu, Wydział Leśny, Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, Al. 29 Listopada 46, 31-425 Kraków

²Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński, Gronostajowa 7a, 30-387 Kraków

Głównym celem badań było określenie roli krzewów w kształtowaniu akumulacji WWA w glebach leśnych. Badaniami objęto gleby drzewostanów Nadleśnictwa Rybnik, które charakteryzuje się jedną z najwyższych w Europie emisją przemysłową. Do badań wybrano drzewostany sosnowe z domieszką krzewów (kruszyny i leszczyny) rosnące w tych samych warunkach glebowych. Próby do analiz pobrano z poziomu organicznego (O) i mineralnego (A). W próbkach gleb oznaczono zawartość C i N, pH, zawartość kationów zasadowych, aktywność enzymów glebowych oraz zawartość WWA. Dodatkowo określono skład zbiorowisk bakterii i grzybów. Nasze badania wskazują na znaczenie krzewów w kształtowaniu właściwości poziomów powierzchniowych gleb leśnych, a w konsekwencji na akumulację WWA. Krzewy stymulują aktywność biochemiczną gleb, co skutkuje mniejszą akumulacją WWA poprzez dostarczanie łatwiej rozkładającej się materii organicznej.

Badania sfinansowane z Narodowego Centrum Nauki: numer decyzji DEC2021/41/B/NZ9/00246

The effect of shrubs admixture in forest stands on microbial diversity and in consequence on accumulation of polycyclic aromatic hydrocarbons

The main purpose of the research was to determine the role of shrubs in shaping PAH accumulation in forest soils. The study covered the soils of the pine stands of the Rybnik Forest District, which experiences some of the highest deposition of industrial emissions in Europe. Pine stands with admixture of shrubs (alder buckthorn and European hazelnut) growing in the same soil conditions were selected for the study. Samples for analyses were collected from the organic horizon (O) and humus mineral horizon (A). The organic C and N concentrations, pH, alkaline cation content, soil enzyme activity and PAH content were determined. Additionally composition of soil bacterial and fungal communities were determined. Our research indicates the importance of shrubs in shaping the properties of surface horizons of forest soil and, consequently on the accumulation of PAHs. Shrubs stimulate biochemical activity of soils which results in lower PAHs accumulation by providing more easily decomposable organic matter.

The research was financed by the National Science Centre, Poland: decision no. DEC2021/41/B/NZ9/00246

Wpływ zastosowania *Trichoderma atroviridae* o właściwościach nawozowych na bioróżnorodność gleby: protokół metagenomiki typu shotgun z wykorzystaniem sekwenatora MinION

Lorenzo Pin¹, Giulio Testone¹, Donato Giannino¹, Mariateresa Cardarelli², Giuseppe Colla², Flavia Pinzari¹

¹Istituto per i Sistemi Biologici, Consiglio Nazionale delle Ricerche, Monterotondo, Roma

²Dipartimento di Scienze Agrarie e Forestali, Università degli Studi della Tuscia, Viterbo

Korzystne mikroorganizmy są coraz częściej stosowane w nowoczesnym rolnictwie, przynosząc znaczące korzyści dla plonów i zrównoważonego rozwoju systemu rolniczego. Jednak masowe wprowadzanie nierodzimych gatunków bakterii i grzybów w postaci nawozów i inokulantów może prowadzić do ich niekontrolowanego rozprzestrzeniania się i niepożądanych skutków dla ekologii gleb rolniczych i sąsiednich środowisk. Przykładowo, celowe i masowe rozprzestrzenianie się w glebie grzybów wysoce konkurencyjnych może wpływać na homeostazę sieci ekologicznych. Globalne rozprzestrzenianie się komercyjnych produktów mikrobiologicznych może zwiększyć podobieństwo genotypowe gatunków grzybów w glebach rolniczych z mało przewidywalnym wpływem na długoterminowe funkcjonowanie ekosystemów. Niniejsze badania miały na celu opracowanie protokołu monitorowania bioróżnorodności gleby po zastosowaniu szczepu *Trichoderma atroviridae* o właściwościach nawozowych. W badaniach wykorzystano sekwenator DNA trzeciej generacji (Oxford Nanopore Technology, ONT) i sekwencjonowanie typu „shotgun” metagenomu społeczności mikrobiologicznej gleby (technika oparta na masowym sekwencjonowaniu całkowitego DNA wyekstrahowanego z gleby). Ten rodzaj analizy molekularnej pozwala na taksonomiczną identyfikację i kwantyfikację gatunków bakterii, grzybów i wirusów w próbkach. Technika ta pozwala również na analizę funkcjonalną, czyli oszacowanie genów najliczniej reprezentowanych w badanych zbiorowiskach. Badania obejmowały zastosowanie tej techniki do porównania bioróżnorodności gleby pod uprawą pomidorów po zastosowaniu inokulacji *Trichoderma atroviridae*. DNA ekstrahowano z gleby pobranej w odległości kilku cm od korzeni pomidora, inokulowanych zawiesiną zarodników *Trichoderma atroviridae*. W sekwencjonowaniu opartym na nanoporach, sekwencja kwasu nukleinowego jest odczytywana na podstawie zmian w sygnale elektrycznym, gdy pojedyncza cząsteczka DNA przechodzi przez nanopor białkowy. Ta technologia sekwencjonowania jest interesująca dla badań społeczności glebowych, ponieważ Oxford Nanopore Technique (ONT) pozwala na sekwencjonowanie dłuższych fragmentów DNA w porównaniu do platformy Illumina. Sekwencjonowanie ONT jest szczególnie przydatne do śledzenia i ilościowego określania pojedynczych gatunków grzybów lub innych organizmów w złożonych próbkach, ponieważ umożliwia porównanie z bardziej kompleksowymi markerami diagnostycznymi, które można znaleźć w publicznych bazach danych lub odpowiednio dobranymi do celów diagnostycznych. Praca obejmuje opis zastosowania protokołu i przedstawienie wybranych wyników występowania grzybów i analizy ich zbiorowisk w środowisku glebowym.

Effect on soil biodiversity of the introduction of *Trichoderma atroviridae* with fertilising properties: application of a shotgun metagenomics protocol based on the MinION sequencer

Beneficial microorganisms are increasingly used in modern agriculture with significant benefits on yield and farming system sustainability. Bio-fertilisers have great potential in agriculture because they can help achieve high crop yields and quality, similar to those obtained with chemicals, but significantly reduce their use. However, the massive introduction of non-indigenous bacterial and fungal species in the form of fertilisers and inoculants can lead to their uncontrolled spread and undesirable effects on the ecology of agricultural soils and neighbouring environments. For example, the deliberate and massive dispersal of competitive, high-performance fungi in the soil can impact the homeostasis of ecological networks. The global spread of commercial microbial products may increase the genotypic similarity of fungal species in agricultural soils with a little predictable effect on the long-term functioning of ecosystems. This study aimed to develop a protocol for monitoring soil biodiversity after applying a *Trichoderma atroviridae* strain with fertilising properties. The experimentation focused on using a third-generation DNA sequencer (Oxford Nanopore Technology, ONT) and shotgun sequencing of the microbial community metagenome (a technique based on the massive sequencing of total DNA extractable from the soil). This type of molecular analysis allows the taxonomic identification and quantification of bacterial, fungal and viral species in the samples. The technique also allows a functional analysis, i.e. an estimation of the genes most represented in the communities under examination. We applied it to compare the biodiversity of treated and untreated agricultural soils cultivated with processing tomato plants. DNA was extracted from soil collected a few cm from tomato plants whose roots were impregnated with a suspension of *Trichoderma* spores. In nanopore-based sequencing, the nucleic acid sequence is deduced from changes in the ionic current through a membrane when a single DNA molecule passes through a protein nanopore. This sequencing technology is interesting for the study of soil communities because the Oxford Nanopore Technique (ONT) allows longer DNA fragments to be sequenced compared to Illumina platforms. ONT sequencing is particularly suitable for tracing and quantifying single species of fungi or other organisms in complex samples, as it allows comparison with more comprehensive diagnostic markers that can be found in public databases or appropriately selected for diagnostic purposes. In this poster, the application of the protocol is described, and some results obtained in tracing fungi and analysing the soil community are presented.

Project A0375-2020-36644 “MicrobiAlieni”, funded by Regione Lazio. POR FESR LAZIO 2014-2020, Italy.

Selekcja bakterii stymulujących wzrost roślin z rodziny wiechlinowatych (*Poaceae*): pastewnych i zbożowych

Jagoda Szydło¹, Bliss Furtado¹, Katarzyna Hryniewicz¹

¹ Katedra Mikrobiologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, ul. Lwowska 1, 87-100 Toruń

Mikroorganizmy towarzyszące roślinom uprawnym wpływają na ich wzrost, rozwój i bytowanie w określonych warunkach środowiskowych. Charakter tych interakcji zależy często od wielu czynników, np. od gatunku rośliny. Celem przeprowadzonych badań było wyselekcjonowanie oraz zbadanie właściwości metabolicznych wybranych szczepów bakterii potencjalnie promujących wzrost i rozwój roślin z rodziny wiechlinowatych (*Poaceae*), które uprawiane są jako zboża lub trawy pastewne. W wyniku przeprowadzonych analiz wyselekcjonowano pięć szczepów na podstawie dwóch kategorii: ich zdolności do łagodzenia stresu abiotycznego u roślin (np. synteza poliamin, hydroliza skrobi) oraz właściwości wspomagających wzrost roślin (np. produkcja kwasu indoliloctowego, synteza sideroforów, solubilizacja związków fosforu). Wybrano szczepy bakteryjne o najlepszych właściwościach, którymi inokulowano trzy gatunki traw uprawnych z rodziny *Poaceae* (*Triticum aestivum*, *Lolium perenne*, *Thinopyrum intermedium*) w eksperymencie donicowym, w celu sprawdzenia interakcji pomiędzy roślinami oraz bakteriami. Poprawa parametrów morfologicznych i fizjologicznych po inokulacji sugeruje, że wybrane bakterie mogą skutecznie wspomagać uprawę traw oraz pszenicy.

Selection of bacteria that promote the growth of plants belonging to the grass family (*Poaceae*): forages and cereals

The microorganisms associated with crop plants influence their growth, development and survival under specific environmental conditions. The nature of these interactions often depends on various factors, such as the plant species. The main aim of this study was to select and assess the metabolic features of selected bacterial strains that may promote the growth and development of plants from the grass family (*Poaceae*) cultivated as forages and cereals. As a result of the analysis five bacterial strains were selected based on two categories: their ability to alleviate abiotic stress in plants (e.g. polyamines synthesis, starch hydrolysis) and plant-growth promoting traits (e.g. indole acetic acid production, siderophores synthesis, phosphate solubilization). Bacterial strains with the best properties were selected and inoculated with three species of cultivated grasses from the family *Poaceae* (*Triticum aestivum*, *Lolium perenne*, *Thinopyrum intermedium*) in a pot experiment to test the interaction between plants and bacteria. The improvement in morphological and physiological plant parameters after inoculation suggests that the selected bacteria can effectively facilitate grass and wheat cultivation.

Mikrobiom jelitowy drewnojada (*Zophobas morio* F.) ukształtowany przez dietę bazującą na polimerach syntetycznych

Bartłomiej Porzuc, Sebastian Wojciech Przemieniecki, Sławomir Ciesielski,
Agnieszka Kosewska, Olga Kosewska

Uniwersytet Warmiński – Mazurski w Olsztynie, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa,
Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej

W badaniu obserwowano zmiany w hodowli drewnojada na trzech rodzajach pokarmu OAT (płatki owsiane jako kontrola), PS (polistyren) i PE (polietylen). Po dwóch miesiącach karmienia przeanalizowano parametry biometryczne, stopień spożycia i skład mikrobiomu jelitowego owadów oraz pomiar masy larw, wskaźnik wykorzystania substratu i śmiertelność larw. Skład taksonomiczny mikrobiomu analizowanych próbek określono poprzez sekwencjonowanie regionów hiperzmiennych V3-V4 genu 16S rRNA przy użyciu technologii Illumina. Wartości otrzymane podczas analizy wariantu PE wykazywały istotne różnice w porównaniu do średnich wartości otrzymanych od wariantów PS i OAT, które były porównywalne. Na poziomie rodzaju stwierdzono, że *Pediococcus* oraz *Enterococcus* są najczęściej występującymi w grupach PS i PE. Znacznie mniej bakterii tych rodzajów stwierdzono w wariantcie OAT. Rzadziej spotykany w wariantcie OAT był też *Enterobacter* spp. w porównaniu z wariantami PS i PE. Z drugiej strony, *Spiroplasma* spp. i *Lactobacillus* spp. częściej występowały w wariantcie OAT niż w wariantcie PS, a nie zostały wykryte w wariantcie PE, w którym stwierdzono wysoką częstość występowania.

The gut microbiome of the superworm (*Zophobas morio* F.) formed by a diet based on synthetic polymers

The study observed changes in the rearing of superworm under three conditions: OAT (oat flakes as control), PS (polystyrene), and PE (polyethylene). After two months of feeding, the biometric parameters, consumption rate and composition of the insects' gut microbiome were analyzed as well as the measurement of larval weight, substrate utilization rate and larval mortality. The taxonomic composition of the analyzed samples' microbiome was determined by sequencing the hyper-variable regions V3-V4 of the 16S rRNA gene using Illumina technology. The values obtained during the analysis of the PE variant showed significant differences compared to the average values obtained from the PS and OAT variants, which were comparable. At the genera level, *Pediococcus* and *Enterococcus* were found to be the most common in the PS and PE groups. Significantly less abundance of these genera of these types were found in the OAT variant. *Enterobacter* spp. was also less common in the OAT variant compared to the PS and PE variants. On the other hand, *Spiroplasma* spp. and *Lactobacillus* spp. were more common in the OAT variant than in the PS variant, and were not detected in the PE variant, which was found to be high.

Bioróżnorodność epifitów z Zatoki Gdańskiej

Ilona Złoch, Katarzyna Palińska, Waldemar Surosz

Uniwersytet Gdański
Zakład Biologii Morza i Biotechnologii
al. Piłsudskiego 46, 81-378 Gdynia
ilona.zloch@ug.edu.pl

Mikroorganizmy epifityczne (poroślówce) porastające makrofity, głównie okrzemki, bruzdnice, sinice i bakterie heterotroficzne, odgrywają ważną rolę w ekosystemie przybrzeżnego bentosu, gdyż zapewniają potencjał dla mutualistycznych interakcji międzygatunkowych, a także uważane są za istotnego producenta w łańcuchu pokarmowym. Uważa się, że produkcja epifitów często przekracza tę makroflory.

Przewidywanie zmian w strukturze gatunkowej mikroorganizmów oraz ich roli ekologicznej jest bardzo trudne ze względu na fakt, że mało jest wiadomo na temat ich pełnej różnorodności oraz przestrzenno-czasowych zmian w dominacji poszczególnych genotypów, uwzględniając zwłaszcza rzadko występujące. Nowoczesne narzędzia molekularne jak next-generation sequencing [NGS] pozwalają na szczegółową analizę zbiorowisk mikroorganizmów w różnych ekosystemach. Zastosowanie w tym projekcie tych właśnie metod NGS, pozwoliło zidentyfikować dominujące i, co może być ważniejsze, rzadkie genotypy bakterii i glonów w zbiorowiskach poroślówczy Zatoki Gdańskiej.

Celem niniejszych badań było dostarczenie danych dotyczących, jak najbardziej szczegółowego, składu taksonomicznego epifitonu w relacji do pięciu różnych gatunków makrofitów (gospodarzy) oraz trzech różnych lokalizacji o podobnych warunkach fizykochemicznych, przy zastosowaniu najnowszych technik sekwencjonowania.

Biodiversity of epiphytic communities in the Gulf of Gdańsk

Epiphytic (fouling) microorganisms growing on macrophytes, mainly diatoms, dinoflagellates, cyanobacteria and heterotrophic bacteria, play an important role in the coastal benthic ecosystem. They provide the potential for mutualistic interspecies interactions and they are also considered an important producer in the food chain. It is believed that epiphyte production often exceeds that of macroflora.

Predicting changes in the species structure of microorganisms and their ecological role is very difficult because little is known about their full diversity and spatiotemporal changes in the dominance of certain genotypes, especially when taking into account the rare ones. Modern molecular tools such as next-generation sequencing [NGS] allow for a detailed analysis of the communities of microorganisms in various ecosystems. The use of these NGS methods in this research made it possible to identify the dominant and, perhaps more importantly, rare genotypes in the Gulf of Gdańsk fouling communities.

This research aimed to provide data on the composition of epiphytic species concerning five different macrophyte species (hosts) and three different locations with similar physicochemical conditions, using the latest sequencing techniques.

Wpływ alkoholowych wyciągów roślinnych z ziela krwiściąg lekarski (*Sanguisorba officinalis* L.) na ograniczenie wzrostu wybranych bakterii

Krystyna Cybulska, Oliwia Pastwa *

Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie,
Katedra Bioinżynierii, Pracownia Mikrobiologii i Biochemii Środowiska
*Studenckie Koło Naukowe - SKN „Mikrokosmos”
ul. Słowackiego 17, 71-434 Szczecin

Wzrost antybiotykooporności i lekooporności drobnoustrojów wymusza konieczność poszukiwania substancji alternatywnych o działaniu ograniczającym a najlepiej bójczym względem potencjalnie niebezpiecznych i chorobotwórczych mikroorganizmów. Jednym z lepszych, bardziej skutecznych i mających zdecydowanie mniej działań ubocznych są substancje biologicznie czynne pochodzenia roślinnego. Są to najczęściej różnego rodzaju wyciągi, ekstrakty czy olejki eteryczne. Przykładem takich roślin jest krwiściąg lekarski (*Sanguisorba officinalis* L.).

Zastosowano ekstrakty alkoholowe na bazie etanolu 40% i 70% z suszu ziela rośliny krwiściąg lekarski w stężeniach 50, 125, 250 500 mg·dm³. Badania oparto na 24 godzinnych hodowlach bakteryjnych 10 różnych gatunków. Działanie przeciwbakteryjne powyższych substancji (10 µl) metodą studzienkową określono na podłożu wzrostowym TSA po ich dyfuzji do pożywki i wystąpieniu stref hamowania wzrostu drobnoustrojów.

Na podstawie otrzymanych wyników stwierdzono, że substancje zawarte w wyciągach z ziela rośliny krwiściąg lekarski istotnie hamowały lub ograniczały wzrost badanych gatunków bakterii.

The effect of alcoholic plant extract from the herb great burnet (*Sanguisorba officinalis* L.) on limiting the growth of selected bacteria.

The increase in antibiotic resistance and drug resistance of microorganisms makes it necessary to look for alternative substances with a limiting and preferably killing effect against potentially dangerous and pathogenic microorganisms. One of the best, more effective and having definitely less side effects are biologically active substances of plant origin. These are usually various types of extracts, extracts or essential oils. An example of such plants is the great burnet (*Sanguisorba officinalis* L.). Alcoholic extracts based on 40% and 70% ethanol from dried plant were used in concentrations of 50, 125, 250, 500 mg·dm³. The tests were based on 24-hour bacterial cultures of the following 10 species. The antibacterial activity of the above substances (10 µl) was determined by the well method on the TSA growth medium after their diffusion into the medium and the occurrence of zones of inhibition of microbial growth. On the basis of the obtained results, it was found that the substances contained in extracts from the herb of the great burnet plant significantly inhibited or limited the growth of the tested species of bacteria.

Wpływ nawożenia mineralnego na mykobiom nasion oraz zbiorowiska grzybów uczestniczące w plamistości liści komosy ryżowej (*Chenopodium quinoa* Willd.) uprawianej w Polsce

Katarzyna Gleń-Karolczyk¹, Robert Witkowicz²

¹Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, Wydział Rolniczo -Ekonomiczny, Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu

²Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, Wydział Rolniczo -Ekonomiczny, Katedra Agroekologii i Produkcji Roślinnej

Liście oraz nasiona *Chenopodium quinoa* zawierają wiele składników odżywczych oraz substancji o właściwościach prozdrowotnych, co sprawia że w Europie wzrasta zainteresowanie uprawą tej rośliny. W Polsce podczas wegetacji na liściach występują rozległe plamistości, co w konsekwencji dyskwalifikuje wykorzystanie ich jako surowca dla przemysłu spożywczego. Następstwem porażenia liści jest również pogorszenie stanu fitosanitarnego nasion. W dwóch wariantach nawożenia mineralnego oceniono mykobiom nasion oraz kształtowanie się zbiorowisk grzybów zasiedlających porażone liście komosy ryżowej. Z największą częstością liście zasiedlają: *Botrytis cinerea* (36,2%), *Sclerotinia sclerotiorum* (12,5%) oraz *Fusarium graminearum* (10,6%). Natomiast nasiona *Colletotrichum acutatum* (41,3%) i *Fusarium* spp. (40,7%). Skład gatunkowy tych zbiorowisk grzybów selekcionowany jest przez nawożenie mineralne oraz warunki atmosferyczne. Zrównoważone nawożenie NPK ograniczenia liczebność oraz bogactwo gatunków grzybów. Z kolei wprowadzenie do gleby tylko azotu sprzyja kolonizacji liści przez *Alternaria alternata* i *Phoma glomerata* oraz nasion przez grzyby rodzaju *Fusarium*.

Effect of mineral fertilization on seed mycobiome and fungal communities involved in leaf spot of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) cultivated in Poland

The leaves and seeds of *Chenopodium quinoa* contain many nutrients and substances with health-promoting properties, which is why there is growing interest in the cultivation of this plant in Europe. In Poland, extensive spotting occurs on the leaves during vegetation, which consequently disqualifies their use as a raw material for the food industry. The consequence of leaf infestation is also deterioration of the phytosanitary condition of the seeds. In two variants of mineral fertilization, the mycobiome of seeds and the formation of fungal communities inhabiting the infected leaves of quinoa were assessed. The most frequent leaves are inhabited by: *Botrytis cinerea* (36.2%), *Sclerotinia sclerotiorum* (12.5%) and *Fusarium graminearum* (10.6%). On the other hand, seeds of *Colletotrichum acutatum* (41.3%) and *Fusarium* spp. (40.7%). The species composition of these fungal communities is selected by mineral fertilization and weather conditions. Sustainable NPK fertilization reduces the number and richness of fungal species. In contrast, the introduction of only nitrogen into the soil promotes colonization of leaves by *Alternaria alternata* and *Phoma glomerata* and seeds by fungi of the genus *Fusarium*.

Supresja zgnilizny korzeni chrzanu (*Armoracia rusticana* Gaertn.) oraz tożsamość i struktura związanych z nią grzybów w warunkach zróżnicowanej ochrony

Katarzyna Gleń-Karolczyk¹, Robert Witkowicz²

¹Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, Wydział Rolniczo -Ekonomiczny, Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu

²Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, Wydział Rolniczo -Ekonomiczny, Katedra Agroekologii i Produkcji Roślinnej

Chrzan ze względu na długiej okres wegetacji wymaga większej ilości zabiegów ochronnych. Substancje aktywne powszechnie stosowanych środków chemicznych kumulują się w roślinach oraz generują problemy środowiskowe. W trzyletnim eksperymencie polowym zbadano w jakim zakresie ochrona chemiczna (ChP), jej zredukowany wariant (RChP) oraz 3 warianty ochrony biologicznej (BP), zróżnicowane ze względu na zastosowane do zaprawiania sadzonek *Pythium oligandrum* (BPPo), *Bacillus subtilis* (BPBs) oraz ekstrakt alg *Ecklonia maxima* (BPEm) modyfikują zbiorowiska grzybów przyczyniających się do zgnilizny korzeni chrzanu. Oceniono zależność między liczebnością, różnorodnością, strukturą tych zbiorowisk, a nasileniem zgnilizny korzeni (DSI-Disease Sevrerity Index). W epidemiologii zgnilizny korzeni chrzanu dominują grzyby: *Rhizoctonia solani*, *Fusarium culmorum*, *Fusarium proliferatum*, *Fusarium acuminatum*, *Alternaria brassicae*, *Verticillium dahliae* oraz *Ilynonectria destructans*. Warunki hydrotermiczne istotnie różnicują DSI, a także skuteczność wykonanych zabiegów. BP jest istotnie skuteczniejsza od ChP i RChP tylko w warunkach optymalnego zaopatrzenia w wodę.

Suppression of horseradish (*Armoracia rusticana* Gaertn.) root rot and the identity and structure of associated fungi under differentiated protection conditions

Horseradish, due to its long vegetation period, requires more protective treatments. The active substances of commonly used chemicals accumulate in plants and generate environmental problems. In a three-year field experiment, we investigated to what extent chemical protection (ChP), its reduced variant (RChP) and 3 variants of biological protection (BP), differentiated due to the *Pythium oligandrum* (BPPo), *Bacillus subtilis* (BPBs) and *Ecklonia maxima* algae extract (BPEm) used for seedling dressing, modify the fungal communities contributing to horseradish root rot. The relationship between the abundance, diversity, structure of these communities and the severity of root rot (DSI-Disease Severity Index) was evaluated. The epidemiology of horseradish root rot is dominated by fungi: *Rhizoctonia solani*, *Fusarium culmorum*, *Fusarium proliferatum*, *Fusarium acuminatum*, *Alternaria brassicae*, *Verticillium dahliae* and *Ilynonectria destructans*. Hydrothermal conditions significantly differentiate DSI, as well as the effectiveness of protection treatments. BP is significantly more effective than ChP and RChP only under conditions of optimal water supply

Akumulacja insektycydów chemicznych z grupy pyretroidów u grzyba entomopatogenicznego *Beauveria bassiana*

Monika Nowak¹, Anna Litwin¹, Przemysław Bernat¹, Sylwia Różalska¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki

Pyretroidy to insektycydy chemiczne szeroko stosowane do zwalczania szkodników upraw. Alternatywą dla ich stosowania są grzyby entomopatogenne, które są znanymi czynnikami biokontroli owadów. Pyretroidy oraz grzyby entomopatogenne z uwagi na podobny obszar działania współlistnieją ze sobą zarówno w glebie, jak i na uprawach roślin, wobec których został zastosowany preparat owadobójczy. Ze względu na częsty kontakt tych dwóch czynników, kluczowe wydaje się poznanie skutków ich interakcji.

Celem niniejszej pracy była ocena zdolności eliminacyjnych szczepu *Beauveria bassiana* ARSEF2860 wobec trzech powszechnie stosowanych pyretroidów – λ -cyhalotryny, α -cypermetryny i deltametryny. Na podstawie uzyskanych wyników wykazano, że podczas 48 godz. inkubacji badany szczep nie usuwał pyretroidów z podłoża wzrostowego, natomiast w wysokim stopniu akumulował je w grzybni *B. bassiana*, w której oznaczono odpowiednio 71,84%, 70,16% oraz 99,64% dodanej do hodowli λ -cyhalotryny, α -cypermetryny i deltametryny, w początkowym stężeniu 100 mg/L. Równocześnie wykazano, że pyretroidy zmieniają profil fosfolipidowy i zwiększają przepuszczalność błon komórkowych *B. bassiana*, przez co procesy wnikania i akumulacji insektycydów w komórkach grzyba są ułatwione.

Praca była finansowana z grantu z Narodowego Centrum Nauki w Krakowie (Polska), nr umowy UMO-2016/23/B/NZ9/00840

Accumulation of pyrethroid chemical insecticides in the entomopathogenic fungus *Beauveria bassiana*

Pyrethroids are chemical insecticides widely used to control crop pests. As an alternative, entomopathogenic fungi are used to pest biocontrol. Pyrethroids and entomopathogenic fungi, due to their similar area of action, coexist both in the soil and on the crop to which the insecticide has been applied. Due to the frequent contact between these two agents, it seems crucial to know the effects of this interaction.

The aim of the present study was to evaluate the elimination potential of *Beauveria bassiana* ARSEF2860 against three commonly used pyrethroids – λ -cyhalothrin, α -cypermethrin and deltamethrin. The results showed that after 48 h of incubation, the tested strain did not remove pyrethroids from the growth medium, but accumulated them at a high level in the mycelium of *B. bassiana*, in which 71.84%, 70.16% and 99.64% of λ -cyhalothrin, α -cypermethrin and deltamethrin added to the culture at an initial concentration of 100 mg L⁻¹ were determined, respectively. Simultaneously, pyrethroids have been shown to alter the phospholipid profile and increase the permeability of cell membranes of *B. bassiana*, so that the processes of penetration and accumulation of insecticides in the fungus cells are facilitated.

This work was supported by the National Science Center in Krakow (Poland), grant number UMO-2016/23/B/NZ9/00840

Czy ryzobiom roślinny wpływa na interakcję pomiędzy rośliną a patogenami z rodzaju *Pectobacterium*?

Daria Horoszkiewicz¹, Michał Mateusz Waleron¹, Jan Gawor², Krzysztof Waleron³,
Małgorzata Waleron¹

¹ University of Gdansk, Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Gdansk, Poland ²Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences, DNA Sequencing and Synthesis Facility, Warsaw, Poland, ³ Medical University of Gdansk, Department of Pharmaceutical Microbiology, Gdansk, Poland,

Fitopatogeny, w celu infekcji, muszą pokonać system obrony gospodarza, w tym mikrobiom rośliny. W celu zbadania wpływu mikrobiomu na interakcję pomiędzy patogenem a rośliną zbadaliśmy zmiany składu gatunkowego ryzobiomu podczas interakcji z *Pectobacterium*. Stosując metodę sekwencjonowania regionu zmiennego V3-V4 genu 16S rRNA określono skład mikrobiomu gleby oraz ryzobiomów czterech gatunków roślin, *Arabidopsis thaliana*, *Brassica rapa*, *Zantedeschia aethiopica* oraz *Curcuma longa*, przed i po inokulacji *Pectobacterium*. Zauważono mniejszą bioróżnorodność mikrobiomu samej gleby niż ryzosfery roślin oraz stwierdzono odmienny skład gatunkowy ryzosfery poszczególnych gatunków roślin. Obecność *Pectobacterium* obniżała liczbę taksonów w ryzosferze wszystkich badanych gatunków roślin. Ponadto z prób gleby i ryzosfery roślin, wyizolowano czyste kultury bakterii oraz zbadano ich interakcję z *Pectobacterium*. Jednak nie zaobserwowano antagonizmu między *Pectobacterium* a czystymi kulturami bakterii hodowanymi w warunkach *in vitro*. Uzyskane wyniki wskazują, że *Pectobacterium* ma negatywny wpływ na skład ryzosfery roślin, co może prowadzić do nieefektywnego działania bariery ochronnej, a następnie rozwoju objawów chorobowych.

Finansowanie: OPUS18-2019/35/B/NZ9/01973

Is the plant rhizobiome engaged in interactions between *Pectobacterium* and plants?

The phytopathogen to infect the host must defeat the host's defense system, including the plant's microbiome. To study the microbiome's influence on the interaction between the pathogen and the plant, we examined changes in the composition of the rhizobiome during the interaction with *Pectobacterium*. Using the 16S rRNA amplicon sequencing method, the soil and rhizosphere microbiomes composition of *Arabidopsis thaliana*, *Brassica rapa*, *Zantedeschia aethiopica* and *Curcuma longa* was determined before and after *Pectobacterium* inoculation. The biodiversity of the soil microbiome was lower than those observed in the case of plants' rhizosphere. The microbiome of each plant has different species composition. The presence of *Pectobacterium* was observed to reduce the number of taxa in the rhizosphere of each plant species. Moreover, the pure cultures of cultivable bacteria were isolated, and their interaction with *Pectobacterium* was investigated, but no antagonism was observed between them. The obtained results indicate that *Pectobacterium* has a negative impact on the composition of the rhizosphere of plants, which may lead to ineffective functioning of the protective barrier and, subsequently, to the development of disease symptoms.

Funding OPUS18-2019/35/B/NZ9/01973

Metanogeneza w krajobrazie rolniczym może być indukowana przez napływ mobilnych elementów genetycznych z nawozu przeżuwaczy

Mikołaj Charchuta^{1,2}, Władysław Polcyn¹

¹Zakład Fizjologii Roślin, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

²Sekcja Bioinformatyki Koła Naukowego Przyrodników UAM

Niedawno została zaproponowana intrygująca hipoteza metajelita, postulująca rozpatrywanie zwierząt i środowisk w jakich żyją jako jednego układu. Miałyby on się charakteryzować szeregiem sprzężeń zwrotnych mediowanych mikrobami które zwierzęta pobierają ze środowiska, i tymi które doń trafiają przy wypróżnianiu. Relacje te, wpływając na biogeochemię środowiska są brzemienne w skutkach, w tym tych dla klimatu, a mało znane ze względu na skomplikowane sieci interakcji utrudniające badania. Analiza Sondowania Stabilnymi Izotopami (ang. *Stable Isotope Probing*) (SSI/SIP) pomogła zwalczyć tę trudność. Wskazała geny przekazywane horyzontalnie, zaangażowane w metanogenezę bezpośrednio i poprzez wymagane do niej substraty.

Agricultural landscape methanogenesis may be induced by mobile genetic elements from ruminant manure

Recently, an intriguing meta-gut hypothesis has been proposed. It considers animals and the environments in which they live as a single system. It would be characterized by a series of feedbacks mediated by microbes that animals take in from the environment, and those output into it by defecation. These relationships, affecting the biogeochemistry of the environment, are fraught with consequences, including those to the climate. Moreover they are understudied due to the complex interaction networks that make research difficult. Stable Isotope Probing (SIP) analyses have helped to overcome this difficulty. It identified horizontally transmitted genes involved in methanogenesis directly and through the substrates required for it.

Bibliography:

Dutton, C. L., Subalussy, A. L., Sanchez, A., Estrela, S., Lu, N., Hamilton, S. K., ... & Post, D. M. (2021). The meta-gut: community coalescence of animal gut and environmental microbiomes. *Scientific Reports*, 11(1), 23117.
Yang, Y., Chen, J., Pratscher, J., & Xie, S. (2022). DNA-SIP reveals an overlooked methanotroph, *Crenothrix* sp., involved in methane consumption in shallow lake sediments. *Science of The Total Environment*, 814, 152742.

Research was conducted under support from

- *Society for the Protection of Underground Networks Underground Explorers Grant - 10000 USD.*
- *AMU's Inicjatywa Doskonałości – Uczelnia Badawcza programme:*
 - *Advanced BEST Student Grant 10000 PLN,*
 - *BEST Student Grant - 5000 PLN.*
- *Division of Biology Funds*

Postulowane metakategorie ekologiczne w interakcjach grzybowo-roślinnych wylaniane analizą różnicowo-sieciową

Mikołaj Charchuta^{1,2}, Maksymilian Chmielewski^{1,2}, Władysław Polcyn¹

¹Zakład Fizjologii Roślin, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

²Sekcja Bioinformatyki Koła Naukowego Przyrodników UAM

Ewolucyjny rozwój funkcji troficznych przebiega własnymi, unikalnymi ścieżkami. Mimo to możemy założyć, że pewne mechanizmy są powtarzalne (np. ewolucja mikoryz z patogenów). Kierując się tym założeniem, podzieliiliśmy fungę na wiodące roślinocentryczne metakategorie: mikoryzową, patogenów roślinnych, saprotrofów, endofitów i grzybów niezwiązanych. Wykorzystaliśmy gildie z narzędzia FUNGuild (tylko te ocenione jako “highly-probable”) do nadania metakategorii rozpoznanych przez nas taksonom. Tym z gildiami wielokrotnymi przypisano dominującą metakategorię interakcji z roślinami według zasady logicznej porządku: mikoryza, patogenia, saprotrofia, endofitia. To uproszczone podejście umożliwia nam wykrycie interakcji które zostaną zbadane dokładniejszymi metodami stąd proponujemy je jako metodę przesiewową.

Putative ecological categories in plant-fungal interactions revealed by differential network analysis

Every evolution into a trophic role took a particular path and yet it can be assumed certain mechanisms ruled such developments (eg. the postulated evolution of mycorrhiza from pathogenecity). Guided by these assumptions we stratified funga into six plant-centric metacategories: mycorrhizal (of all kinds), plant pathogen, saprotroph (again, all of them), endophyte, biocontrol and non-plant-related. FUNGuild was used to ascribe only guilds ranked as highly probable, which determined these metacategories. Taxa with plural guilds ascribed were categorised by hierarchy of importance: mycorrhiza, pathogenecity, saprotrophy. This approach, while simplified enables us to reveal interactions to be studied further, therefore we propose it as a screening method.

Bibliography:

Olejniczak, P., & Lembicz, M. (2007). Age-specific response of the grass *Puccinellia distans* to the presence of a fungal endophyte. *Oecologia*, 152, 485-494.
Nguyen, N. H., Song, Z., Bates, S. T., Branco, S., Tedersoo, L., Menke, J., ... & Kennedy, P. G. (2016). FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. *Fungal Ecology*, 20, 241-248.

Research was conducted under support from

- *Society for the Protection of Underground Networks Underground Explorers Grant - 10000 USD.*
- *AMU's Inicjatywa Doskonałości – Uczelnia Badawcza programme:*
 - *Advanced BEST Student Grant 10000 PLN,*
 - *BEST Student Grant - 5000 PLN.*
- *Division of Biology Funds*

Granice życia: różnorodność, strategie adaptacyjne oraz potencjał biotechnologiczny drobnoustrojów żyjących w głębinach morskich Arktyki (INDEPTH)

Anna-Karina Kaczorowska¹, Ida H. Steen^{2,3}, Runar Stokke^{2,3}, Wojciech Rypniewski⁴, Łukasz Dziewit⁵, Olesia Werbowy⁶, Daria Biernacka¹, Sebastian Dorawa⁶, Wojciech Rusinek⁶, Tadeusz Kaczorowski⁶

¹Kolekcja Plazmidów i Drobnoustrojów | KPD, Uniwersytet Gdański, Gdańsk, ²Department of Biological Sciences, Uniwersytet w Bergen, Norwegia, ³Centrum Badań Głębin Morskich, Uniwersytet w Bergen, Norwegia, ⁴Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, ⁵Zakład Mikrobiologii i Biotechnologii Środowiskowej, Uniwersytet Warszawski, Warszawa, ⁶Pracownia Biologii Ekstremofili, Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Gdański, Gdańsk.

Biosfera głębin oceanicznych jest największym systemem biologicznym na Ziemi, wyróżniającym się niespotykaną złożonością. Przestrzeń ta postrzegana jest jako graniczny obszar życia, ze względu na brak światła, wysokie ciśnienie, ograniczoną dostępność składników odżywczych i temperatury wahające się od 2-4°C w większości siedlisk do ponad 100°C w okolicach kominów hydrotermalnych. Ogromna różnorodność i plastyczność metabolizmu drobnoustrojów zasiedlających to środowisko stwarza wyjątkową okazję do analizy strategii adaptacyjnych do życia w warunkach ekstremalnych oraz ich potencjału biotechnologicznego.

Badania prowadzone w ramach projektu INDEPTH będą miały istotny wpływ na zrozumienie ekologii oraz metabolizmu ekstremofili, a także poszerzą wiedzę na temat ewolucji i strategii adaptacyjnych związanych z życiem w ekstremalnych siedliskach. Pozwolą one także na rozwinięcie wiedzy na temat unikatowych enzymów.

Badania finansowane w ramach Norweskiego Mechanizmu Finansowego przez NCN, GRIEG 1, UMO-2019/34/H/NZ2/00584.

Life at the limits: diversity, adaptation strategies and bioprospecting of microbes living in Arctic deep-sea habitats (INDEPTH).

The deep sea biosphere represents the biggest living system on Earth, distinctive in its unparalleled complexity. This enormous biosphere is often considered life's last frontier, characterized by a lack of light, high pressure, limited supply of nutrients, and temperatures ranging from low (2-4°C) in most habitats to extremely high (above 100°C) in the seabed hot hydrothermal vents.

INDEPTH aims to decipher the hidden reservoir of metabolic traits and biochemical/enzymological biodiversity of the vents found in the Arctic Mid-Ocean Ridge. Fundamentally important results can be expected with an impact on our understanding of the ecology, microbial metabolism, evolution, and the underlying molecular adaptation required to live under extreme conditions. Finally, within this project, novel enzymatic tools for biotechnology will be delivered and characterized.

Funding is provided by The Norway Financial Mechanism through the NCN (Poland) GRIEG 1 grant: UMO-2019/34/H/NZ2/00584.

Oddziaływanie DMSO na drożdże *S. cerevisiae* pozbawione aktywności dysmutazowej (CuZnSOD lub MnSOD) w warunkach zróżnicowanego natlenienia środowiska

Agata Świąciło¹, Joanna Bednarz¹

Katedra Mikrobiologii Środowiskowej, UP Lublin

Dimetylosulfotlenek (DMSO) jest często używany w badaniach naukowych jako rozpuszczalnik nierozpuszczalnych w wodzie substancji chemicznych, krioprotektant, radioprotektant i nieenzymatyczny antyoksydant. W branży farmaceutycznej DMSO jest wykorzystywany jako rozpuszczalnik substancji farmaceutycznych, często wzmacniając ich działanie oraz jako aktywny składnik leków przeciwzapalnych. Pomimo tego, że jest on uważany za związek bezpieczny i oraz chroniący systemy komórkowe przed różnymi szkodliwymi czynnikami środowiskowymi to stwierdzono, że może on indukować stres oksydacyjny w komórkach drożdży (Sadowska-Bartosz i in. 2013). Prezentowane badania wskazują, że DMSO wykazuje zależną od stężenia toksyczność względem komórek drożdży, przy czym większy poziom wrażliwości wykazywały szczepy bezdysmutazowe (sod1 oraz sod2) a także jeden ze szczepów dzikich. Suplementacja podłoża w askorbinian (o stężeniu 10 oraz 30mM), antyoksydant chroniący komórki drożdży szczepów bezdysmutazowych przed szeregiem prooksydantów nie przyniosło oczekiwanego efektu ochronnego. Natomiast obniżenie stężenia tlenu w środowisku do 5 % przywróciło wzrost komórkom drożdży szczepów zmutowanych oraz poprawiło wzrost komórkom szczepów dzikich. Uzyskane wyniki wskazują, że mechanizm toksyczności DMSO jest silnie zależny od stężenia tlenu w środowisku życia komórek eukariotycznych.

Effect of DMSO on dismutase-deficient yeast *S. cerevisiae* (CuZnSOD or MnSOD) under different aerobic conditions

Dimethyl sulfoxide (DMSO) is often used in scientific research as a solvent for water-insoluble chemicals, a cryoprotectant, a radioprotectant, and a non-enzymatic antioxidant. In the pharmaceutical industry, DMSO is used as a solvent for pharmaceutical substances, often enhancing their effect, and as an active ingredient in anti-inflammatory drugs. Despite the fact that it is considered a safe compound and protects cellular systems against various harmful environmental factors, it has been found that it can induce oxidative stress in yeast cells (Sadowska-Bartosz et al. 2013). The presented studies indicate that DMSO exhibits concentration-dependent toxicity towards yeast cells with a higher level of susceptibility to dismutase activity lacking strains and one of the wild-type strains. Supplementation of the medium with ascorbate (at a concentration of 10 and 30 mM), an antioxidant protecting yeast cells of strains lacking dismutase activity against a number of pro-oxidants, did not bring the expected protective effect. On the other hand, lowering the oxygen concentration in the environment to 5% restored the growth of yeast cells of mutant strains and improved the growth of cells of wild strains. The obtained results indicate that the mechanism of DMSO toxicity is strongly dependent on the concentration of oxygen in the living environment of eukaryotic cells.

Wpływ suszy indukowanej na zmiany struktury zbiorowisk drobnoustrojów w glebie rolniczej

Kalisa Bogati¹, Patrycja Golińska¹, Piotr Sewerniak¹, Aleksandra Burkowska-But^{1,2},
Maciej Walczak^{1,2}

¹Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, ²Bactotech sp. z o.o., Toruń

Długotrwały stres suszy może mieć istotny wpływ na strukturę i aktywność społeczności drobnoustrojów glebowych. Nasze badania miały na celu sprawdzenie wpływu krótkotrwałej suszy (2 miesiące) na strukturę społeczności drobnoustrojów w czterech glebach rolniczych o różnej teksturze i klasach bonitacyjnych.

Zbadaliśmy liczebność mikroorganizmów (bakterii, promieniowców i grzybów), aktywność biologiczną poprzez profilowanie fizjologiczne na poziomie społeczności oraz różnorodność genetyczną bakterii i grzybów (regiony ampliconu 16S rRNA i ITS).

Nie stwierdziliśmy zmian w ogólnej liczbie bakterii, ale liczba promieniowców i grzybów wzrosła wraz ze spadkiem zawartości wilgoci. Zaobserwowaliśmy zmniejszenie wykorzystania źródeł węgla (z wyjątkiem D-mannitolu i L-asparaginy), przy czym przebieg zmian był różny w zależności od rodzaju analizowanej gleby. Sekwencjonowanie ampliconu 16S rRNA i ITS ujawniło spadek względnej liczebności *Pseudomonadota*, *Basidiomycota*, *Apicomplexa* oraz zwiększoną liczebność *Actinomycetota*, *Bacillota* i *Ascomycota* w przedłużających się warunkach suszy.

Na tej podstawie doszliśmy do wniosku, że warunki suszy spowodowały znaczną zmianę zbiorowisk drobnoustrojów glebowych i różnorodności metabolicznej w badanych glebach.

The influence of induced drought on changes in the structure of microbial communities in agricultural soil

Prolonged drought stress may have a significant impact on the structure and activity of the soil microbial community. Our study aimed to investigate the impact of short-term drought (2 months) on the microbial community structure in four agricultural soils of different textures and bonitation classes.

We investigated the number of microorganisms (bacteria, actinomycetes, and fungi), biological activity by community-level physiological profiling, and genetic diversity of bacteria and fungi (16S rRNA and ITS amplicon regions).

Overall, there was no change in total bacteria, but actinomycetes and fungal numbers increased with a decrease in moisture content. A reduction in the utilization of carbon sources (except D-mannitol and L-asparagine) was noted, but the pattern of changes was different depending on the analyzed soil type. The 16S rRNA and ITS amplicon sequencing revealed a decrease in the relative abundance of *Pseudomonadota*, *Basidiomycota*, *Apicomplexa*, and increased abundance of *Actinomycetota*, *Bacillota* and *Ascomycota* under prolonged drought conditions.

With this, we concluded that drought conditions resulted in a significant alteration of soil microbial communities, and metabolic diversity in the investigated soils.

Identyfikacja szczepów bakterii autochtonicznych wyizolowanych z ryzosfery roślin porastających składowiska odpadów pohutniczych silnie zanieczyszczonych metalami ciężkimi

Małgorzata Woźniak, Sylwia Siebielec, Grzegorz Siebielec

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa–Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Stres związany z suszą jest jednym z głównych czynników negatywnie wpływających na wzrost i produkcję roślin. Susza powoduje liczne uszkodzenia fizyczne, zaburzenia fizjologiczne i biochemiczne oraz zamiany molekularne w tkankach roślin doprowadzając do spadku plonu. Jednym z kluczowych sposobów zmniejszenia tego zagrożenia może być stosowanie bionawozów wzbogaconych mikrobiologicznie. Celem niniejszego badania była identyfikacja genetyczna potencjalnych komponentów bionawozów tj. szczepów bakterii wyizolowanych z ryzosfery roślin porastających składowiska odpadów pohutniczych silnie zanieczyszczonych metalami ciężkimi o niezwykle trudnych warunkach wodnych. W tym celu przeprowadzono izolację materiału genetycznego wyselekcjonowanych izolatów bakterii i dokonano amplifikacji fragmentu genu 16S rRNA. Sekwencjonowanie metodą Sanger'a zostało wykonane w laboratorium Genomed S.A. w Warszawie. Wśród potencjalnych mikrobiologicznych komponentów bionawozów zidentyfikowano szczepy bakterii zaklasyfikowane do rodzaju: *Burkholderia*, *Pseudomonas*, *Rhizobium* i *Mesorhizobium*.

Projekt finansowany w ramach konkursu Lider XII Narodowego Centrum Badań i Rozwoju; Nr LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021

Identification of autochthonous bacterial strains isolated from the rhizosphere of plants growing on metallurgical waste dumps heavily polluted with heavy metals

Drought stress is one of the main factors negatively affecting plant growth and crop production. Drought causes numerous physical damages, physiological and biochemical disturbances and molecular changes in plant tissues leading to a decrease in yield. One of the key ways to reduce this risk might be the use of microbiologically enriched biofertilizers. The purpose of this study was the genetic identification of potential biofertilizer components, i.e. bacterial strains isolated from the rhizosphere of plants growing on smelter waste piles heavily polluted with metals with extremely difficult moisture conditions. For this purpose, the genetic material of selected bacterial isolates was isolated and a fragment of the 16S rRNA gene was amplified. Sanger sequencing was commissioned by the Genomed S.A. laboratory in Warsaw. Among the potential microbiological components of biofertilizers, strains of bacteria classified to the genus: *Burkholderia*, *Pseudomonas*, *Rhizobium* and *Mesorhizobium* have been identified.

Project funded under the competition Lider XII The National Centre for Research and Development; No. LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021

Zmiany zachodzące w zbiorowisku drobnoustrojów w ryzosferze roślin spontanicznych pochodzących z odpadów poflotacyjnych i żuźlowych

Sylwia Siebielec, Grzegorz Siebielec, Anna Marzec Grządziel

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa–Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Aby lepiej zrozumieć zmiany zachodzące w zbiorowisku drobnoustrojów w ryzosferze roślin spontanicznych pochodzących z odpadów poflotacyjnych i żuźlowych oraz wykazać grupy bakterii istotnych dla zasiedlania składowisk przez rośliny przeprowadzono analizy genetyczne za pomocą sekwencjonowania następnej generacji z wykorzystaniem Illumina MiSeq w celu oceny regionu V3-V4 16S rRNA. W badaniach tych uzyskano unikalne dane na temat struktury populacji bakterii ze strefy korzeniowej 8 najliczniej występujących na hałdach spontanicznych gatunków roślin oraz obszarów referencyjnych, niezamieszkałych przez rośliny. Próbkę glebowe pochodzące z niezrekultywowanych składowisk odpadów żuźlowych i poflotacyjnych były zdominowane przez siedem typów (Phylum) bakterii: Acidobacteriota, Actinobacteriota, Bacteroidota, Chloroflexota, Gemmatimonadota, Planctomycetota i Proteobacteria. Zestaw wielu porównawczych właściwości chemicznych i mikrobiologicznych gleb strefy korzeniowej roślin spontanicznych i obszarów kontrolnych bez roślinności, wskazują, iż kolonizacja hałd zawierających bardzo duże ilości potencjalnie toksycznych pierwiastków śladowych przez rośliny wpływa na zwiększoną różnorodność i aktywność społeczności mikroorganizmów.

Badania finansowane w ramach projektu Narodowego Centrum Nauki o numerze 2015/17/N/ST10/03182 – Preludium 9

Changes occurring in the microbial community in the rhizosphere of spontaneous plants originating from smelter wasteland

In order to better understand the changes in the microbial community in the rhizosphere of spontaneous plants from tailings and slags, and to demonstrate the bacterial groups relevant for plant colonization of landfills, genetic analyzes were performed by next-generation sequencing using Illumina MiSeq to assess the V3-V4 region of 16S rRNA. In these studies, unique data were obtained on the structure of bacterial populations from the root zone of the 8 most numerous spontaneous plant species found on heaps and reference areas not inhabited by plants. Soil samples from smelter wasteland were dominated by seven types (Phylum) of bacteria: Acidobacteriota, Actinobacteriota, Bacteroidota, Chloroflexota, Gemmatimonadota, Planctomycetota and Proteobacteria. A set of many comparative analyzes of the chemical and microbiological soil properties of of the root zone of spontaneous plants and control areas without vegetation indicate that the colonization of heaps containing very large amounts of potentially toxic trace elements by plants increases the diversity and activity of microbial communities.

Research funded under the National Science Center project No. 2015/17/N/ST10/03182 – Preludium 9

Projekt INNO-MIK „Opracowanie innowacyjnej technologii wytwarzania wzbogaconych mikrobiologicznie bionawozów wspomagających zrównoważoną produkcję roślinną i jej adaptację do zmian klimatu”

Sylwia Siebielec, Grzegorz Siebielec, Małgorzata Woźniak

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa–Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czarotoryskich 8, 24-100 Puławy

Projekt INNO-MIK tworzy innowacyjne technologie produkcji bionawozów, sięgając jednocześnie do podstaw zrównoważonego rolnictwa i rozwiązań opartych na naturze. Łączymy różne strategie przeciwdziałania suszy i wdrażania przyjaznego środowisku rolnictwa w jednej technologii: wykorzystanie potencjału bakterii wspomagających rozwój i odporność roślin, stymulacyjny efekt bionawozów oraz zwiększanie zdolności retencyjnych gleb poprzez wprowadzanie do niej materii organicznej. W projekcie rozwijamy technologie otrzymywania trzech rodzajów bionawozów na bazie: płynnego pofermentu oraz kompostu i toryfikatu w formie stałej, dla zapewnienia szerszego wykorzystania odpadów organicznych i zapewnienia szerszego wachlarza zastosowań tych innowacyjnych bionawozów. We wszystkich przypadkach bionawozy będą nośnikiem bakterii wspomagających rozwój roślin w warunkach suszy. Odporność upraw na suszę i regeneracja gleb to również większy potencjał produkcyjny rolnictwa i każdego gospodarstwa.

Projekt finansowany w ramach konkursu Lider XII Narodowego Centrum Badań i Rozwoju; Nr LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021

Project INNO-MIK “Development of innovative technology for producing microbially enriched bio-fertilisers supporting sustainable crop production and its adaptation to climate change”

The INNO-MIK project develops innovative technologies for the production of biofertilizers, referring to principles of sustainable agriculture and nature-based solutions. We combine various strategies for preventing drought and implementing environmentally friendly agriculture in one technology: using the potential of bacteria supporting the development and resistance of plants, the stimulating effect of biofertilizers and increasing the water retention capacity of soils by applying organic matter to soil. In the project, we are developing technologies for obtaining three types of biofertilizers based on: liquid digestate and solid compost and biochar, to ensure a wider use of organic waste and a wider range of applications of these innovative biofertilizers. In all cases, biofertilizers will be a carrier of bacteria supporting the development of plants in drought conditions. Crop resistance to drought and soil regeneration also means greater production potential for overall agriculture and each particular farm.

Project funded under the competition Lider XII The National Centre for Research and Development; No. LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021

Potencjał roślin zimozielonych w fylloremediacji powietrza

Aleksandra Ziemińska-Buczyńska¹, Beata Kończak²

¹Katedra Biotechnologii Środowiskowej, Politechnika Śląska

²Zakład Ochrony Wód, Główny Instytut Górnictwa

Zanieczyszczenie powietrza, stanowi poważny problem środowiskowy. A coraz częstsze doniesienia naukowe wskazują na powiązanie zanieczyszczenia powietrza z negatywnymi efektami zdrowotnymi. Mając na uwadze jakość powietrza, zarówno pod kątem zawartości w nim zanieczyszczeń fizyko-chemicznych, jak i cząstek biologicznie aktywnych (w tym wirusów, takich jak SARS-CoV-2, stanowiących zagrożenie epidemiczne), poszukiwanie ekonomicznych i efektywnych metod filtracji i oczyszczania powietrza stanowi jeden z priorytetów inżynierii i biotechnologii środowiskowej oraz szeroko pojętego zdrowia. Doniesienia ostatnich lat zwracają uwagę na części nadziemne roślin (tzw. fyllosferę), głównie drzew i krzewów wraz z zamieszkującymi je mikroorganizmami o potencjale biotechnologicznym, jako naturalnych filtrów powietrza. Proces usuwania zanieczyszczeń z powietrza za pomocą fyllosfery roślin to tzw. fylloremediacja, która zależy od szeregu czynników, m. in. od gatunku roślin oraz składu zbiorowiska bakterii, występujących na jej tkankach. Te czynniki są ważne przede wszystkim w kontekście potencjalnej aplikacji uzyskanych wyników badań w większej skali. W Polsce na szczególną uwagę zasługują rośliny zimozielone, które wykazują znaczny potencjał fylloremediacyjny, zarówno w zakresie zanieczyszczeń fizykochemicznych, jak i mikrobiologicznych.

A. Ziemińska-Buczyńska jest finansowana przez Ministerstwo Edukacji i Nauki w ramach wsparcia działalności statutowej Wydziału Inżynierii Środowiska i Energetyki Politechniki Śląskiej z projektu o numerze: 08/070/BK_23/0024 (BK-253/RIE7/2023). Badania są realizowane w ramach projektu Politechniki Śląskiej o numerze: 08/070/SDU/10-21-02.

The evergreen plants potential in air phylloremediation

Aleksandra Ziemińska-Buczyńska¹, Beata Kończak²

¹Environmental Biotechnology Department, Silesian University of Technology

²Water Protection Institute, Central Mining Institute

Air pollution is a serious environmental issue. Thus increasing number of the scientific reports indicate a link between air pollution and negative health effects. Taking into consideration the quality of air, both in terms of the content of physio-chemical pollutants and biologically active compounds (including viruses such as SARS-CoV-2, posing an epidemic threat), the search for economical and effective methods of air filtration and purification is one of the priorities of environmental engineering, biotechnology and health protection. The recent reports point at the aboveground parts of plants (the so-called phyllosphere), mainly trees and shrubs along with microorganisms inhabiting them with biotechnological potential, as natural air filters. The process of removing pollutants from the air using plant phyllosphere is called phylloremediation. It depends on a number of factors, including plant species and the composition of the bacterial community occurring on its tissues. These factors are important primarily in the context of the potential application of the obtained research results on a larger scale. In Poland, evergreen plants deserve special attention, which show a significant phylloremediation potential, both in terms of physicochemical and microbiological contamination.

Analiza omiczna otwartych kultur bakterii w procesie produkcji średniołańcuchowych kwasów tłuszczowych

Mateusz Łężyk¹, Filip Brodowski¹, Natalia Gutowska¹, Anna Duber¹, Sivasankar Palaniappan¹, Piotr Oleśkowicz-Popiel¹

¹Zakład Zaopatrzenia w Wodę i Biogospodarki, Instytut Inżynierii Środowiska i Instalacji Budowlanych, Wydział Inżynierii Środowiska i Energetyki, Politechnika Poznańska

Proces wydłużania łańcucha karboksylowego w fermentacji beztlenowej wymaga obecności odpowiednich związków chemicznych - donorów elektronów, które dostarczają niezbędnej energii oraz metabolizowane są do acetylo-CoA które zasilają odwrotny cykl β -oksydacji. W tej pracy badamy możliwość jednoczesnego użycia etanolu oraz kwasu mlekowego jako donorów elektronów oraz badamy jej wpływ na strukturę kultury mieszanej, aktywność metaboliczną poszczególnych bakterii, a także selektywność oraz wydajność całego procesu wydłużania łańcucha.

Spółeczności bakteryjne biorące udział w procesie zostały scharakteryzowane z użyciem sekwencjonowania wysokoprzepustowego. Analiza doprowadziła do ustalenia wysokiej jakości sekwencji conajmniej 32 genomów pochodzenia metagenomowego (MAGs). Względna ilość mikroorganizmów została przedstawiona dla wybranych warunków operacyjnych panujących w reaktorze (pH, brak/dostępność wybranych donorów elektronów), a dla wybranych bakterii zbadano wpływ jednoczesnego użyciu etanolu oraz kwasu mlekowego jako donorów elektronów na globalną ekspresję genów.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu 2021/43/B/ST8/00393.

Genome-centric analysis of metagenomes and metatranscriptomes in lactate-based and ethanol-based chain elongation microbiomes

The basic metabolic requirement to carry out the anaerobic chain elongation of carboxylic acids is a presence of electron donors providing acetyl-CoA to the reverse β -oxidation cycle. Our study aimed to investigate the co-use of ethanol and lactate as electron donors in chain elongation and its impact on microbiome structure, metabolic activity of microbial consortia members, carboxylate selectivity, and chain elongation efficiency.

Microbial communities taking part in chain elongation processes were investigated via genome-centric metagenomics and metatranscriptomics utilizing hybrid sequencing strategy with both short Illumina and longer Nanopore reads. Analysis led to 32 high quality metagenome-assembled genomes (MAGs). We have investigated the abundance of these MAGs in conditions of varying pH and absence/presence of selected electron donors. For MAGs potentially associated with chain elongation process in these microbial communities, we have identified differentially expressed genes and evaluated the effect of simultaneous use of ethanol and lactate as electron donors.

Mikrobiom bakteryjny i grzybowy koniczyny białej (*Trifolium repens*) rosnącej na hałdach galmanowych Olkuskiego Okręgu Rudnego w kontekście bioremediacji

Ewa Oleńska¹, Wanda Małek², Małgorzata Woźniak³, Anna Gałązka³, Izabela Świącicka¹, Małgorzata Wójcik², Sofie Thijs⁴, Jaco Vangronsveld^{2,4}

¹Wydział Biologii, Uniwersytet w Białymstoku, ul. Ciołkowskiego 1J, 15-245 Białystok, Polska

²Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Skłodowskiej Curie, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin, Polska

³Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – PIB, ul. Krańcowa 8, 24-100 Puławy

⁴Faculty of Sciences, Centre for Environmental Sciences, Hasselt University, Agoralaan D, B-3590, Diepenbeek, Belgium

Wysoka zawartość metali tj. cynk, ołów czy kadm w industrioziemiu „starych” około 100-letnich hałd w południowej Polsce (Wyżyna Śląsko-Krakowska) jest czynnikiem selekcji działającym na tym obszarze. Celem pracy była ocena pozycji taksonomicznej i charakterystyka metabolizmu bakteryjnych endofitów hodowalnych oraz ocena bioróżnorodności grzybów mikoryzy arbuskularnej koniczyny białej rosnącej na stanowiskach hałdowych Bolesław, Bukowno i Saturn oraz na stanowisku referencyjnym Bolestraszyce. Ponadto, oceniono bioróżnorodność gatunkową i metabolizm bakterii ryzosferowych oraz aktywność metaboliczną bakterii glebowych. Stwierdzono istotne różnice w składzie taksonomicznym i aktywności metabolicznej mikroorganizmów pochodzących z obu badanych typów stanowisk.

Praca finansowana z subwencji MEiN (Polska) oraz projektu BOF Special Research Fund (Belgia)

Bacterial and fungal microbiome of white clover (*Trifolium repens*) growing on calamine waste heaps of Olkusz Ore Region in bioremediation context

The overnormative concentrations of zinc, lead, and cadmium in soil of „old” about 100-yr old southern Poland waste heaps (Silesia-Krakow Upland) act as selective factors in these areas. The aim of the study was to estimate the taxonomy position and metabolism of cultivable bacterial endophytes and evaluation of the biodiversity of arbuscular mycorrhizal fungi isolated from white clover growing on waste heap areas, like Bolesław, Bukowno, and Saturn as well as on reference grassland in Bolestraszyce. Also, a taxonomic biodiversity and metabolism of rhizosphere bacteria and activity of soil bacteria were determined. As a result, the significant diversity in taxonomy position and microbe metabolism were detected between white clover inhabitants deriving from waste heap and the reference areas.

This research was funded by the Ministry of Education and Science Republic of Poland and BOF Special Research Fund to EO from Hasselt University

Bioróżnorodność mikroorganizmów glebowych w ekosystemie leśnym i rolniczym

Anna Gałązka¹, Jacek Niedźwiecki², Anna Marzec-Grządziel¹, Karolina Gawryjołek¹,
Karolina Furtak¹, Marcin Przybyś³

¹Zakład Mikrobiologii Rolniczej, ²Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów, ³Zakład Hodowli i Biotechnologii Roślin; Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy
e-mail: agalazka@iung.pulawy.pl

Celem badań była charakterystyka funkcjonalna i strukturalna mikroorganizmów w glebie leśnej i uprawianej rolniczo oraz porównanie tych środowisk pod względem składu mikrobiologicznego. Wykazano, że skład gatunkowy mikroorganizmów glebowych był ściśle związany z właściwościami fizycznymi i biochemicznymi badanych gleb, jak również zależał od miejsca poboru próbek (danego ekosystemu). Mikrobiom rdzeniowy bakterii i grzybów był charakterystyczny dla danego ekosystemu. Zwiększona bioróżnorodność środowiska glebowego była ściśle związana ze zwiększoną ilością potencjalnych funkcji pełnionych przez mikroorganizmy w glebie. Zrozumienie różnorodności mikroorganizmów żyjących w strefie okołokorzeniowej drzew oraz interakcji między mikrobiomem a drzewami ułatwi opracowanie przyszłych strategii ochrony lasów i znalezienie odpowiednich wskaźników do oceny gleb leśnych. Otrzymane wyniki badań stanowią dodatkowe źródło informacji dotyczące składu mikrobiologicznego, aktywności enzymatycznej i niektórych właściwości chemicznych gleby lasu mieszanego i otaczającego go pola uprawnego.

Badania wykonano w ramach realizacji projektu pt. „Charakterystyka strukturalna i funkcjonalna bioróżnorodności mikroorganizmów glebowych w ekosystemie leśnym i rolniczym” (2019-2022) otrzymanego z subwencji MEiN

Biodiversity of soil microorganisms in forest and agricultural ecosystems

The aim of the research was the functional and structural characterization of microorganisms in forest and agricultural soil, and the comparison of these environments in terms of microbiological composition. It was shown that the species composition of soil microorganisms was closely related to the physical and biochemical properties of the tested soils, and also depended on the sampling site (a given ecosystem). The core microbiome of bacteria and fungi was ecosystem-specific. The increased biodiversity of the soil environment was closely related to the increased number of potential functions performed by soil microorganisms. Understanding the diversity of microorganisms living in the perirrhizosphere of trees and the interactions between the microbiome and trees will facilitate the development of future forest protection strategies and finding appropriate indicators for assessing forest soils. The obtained test results are an additional source of information on the microbiological composition, enzymatic activity and some chemical properties of the soil of the mixed forest and the surrounding farmland.

Bioróżnorodność grzybów jako wskaźnik potencjalnego wietrzenia biologicznego i glebotwórczego

Anna Gałązka¹, Anna Marzec-Grządziel¹, Łukasz Pawlik²

¹Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy; ²Instytut Nauk o Ziemi 41-200 Sosnowiec, ul. Będzińska 60, Uniwersytet Śląski
e-mail: agalazka@iung.pulawy.pl

W ramach niniejszej pracy stawiamy pytanie, jaki jest poziom aktywności i bioróżnorodności grzybów w systemach korzeniowych drzew oraz zwietrzelinach skalnych i jak może ona wpływać na wietrzenie biologiczne. Obszarem zainteresowania jest przełom Popradu w południowej części Beskidu Sądeckiego, Zewnętrzne Karpaty Zachodnie. Najwyższą średnią liczbę sklasyfikowanych rodzajów stanowiły grzyby pełniące jednocześnie funkcje patotroficzne, saprotroficzne i symbiotroficzne. Agaricales, Cantharellales i Archaeorhizomycetales były najliczniejszymi rzędami, ale w jednej próbce znaleźliśmy również szczególnie wysoki odsetek rzędu Mortierellales. Rząd Boletaceae i jego rodzina Boletaceae były istotnie wzbogacone w próbkach spękań skalnych, podczas gdy największą liczebność taksonów stwierdzono w próbkach referencyjnych. Nasze badanie potwierdziły, że społeczność grzybów w strefie korzeniowej jest aktywna geochemicznie, a kwasy organiczne wydzielane przez korzenie roślin w warunkach oligotroficznych i ograniczeniach składników pokarmowych znacząco wpływają na wietrzenie gleby.

Badania przeprowadzono w ramach realizacji projektu: NCN 2019/33/B/ST10/01009 (2019-2024).

Biodiversity of fungi as an indicator of potential biological and soil-forming weathering

As part of this study, we pose the question of the level of activity and biodiversity of fungi in root systems of trees and rock crack, and how it can affect biological weathering. The area of interest is the Poprad gorge in the southern part of the Beskid Sądecki, Outer Western Carpathians. The highest average number of classified genera were fungi performing simultaneously pathotrophic, saprotrophic and symbiotrophic functions. Agaricales, Cantharellales and Archaeorhizomycetales were the most numerous orders, but we also found a particularly high percentage of the order Mortierellales in one sample. The order Boletaceae and its family Boletaceae were significantly enriched in rock fracture samples, while the highest taxa abundance was found in the reference samples. Our study confirmed that the fungal community in the root zone is geochemically active, and organic acids secreted by plant roots in oligotrophic conditions and nutrient limitations significantly affect soil weathering.

Bioróżnorodność mikroorganizmów eukariotycznych w tkankach żurawiny wielkoowocowej (*Vaccinium macrocarpon* Aiton).

Małgorzata P. Oksińska, Jolanta Kucińska, Elżbieta G. Magnucka, Anna Kmieć,
Stanisław J. Pietr

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra ochrony Roślin, Zakład Biogeochemii i Mikrobiologii Środowiskowej

Obiektem badań była żurawina wielkoowocowa uprawiana na plantacji. Drobnoustroje z dezynfekowanych powierzchniowo korzeni, liści i owoców 3-letnich roślin wyizolowano na podłożach agarowych i zidentyfikowano na podstawie analizy DNA sekwencji regionu ITS1, 5.8S i ITS2.

Większość (72%) z 71 izolatów należało do klasy *Sordariomycetes*. W korzeniach dominowały grzyby z rodziny *Hypocreaceae*, które wykazywały największe podobieństwo do szczepów *Trichoderma amoenum* i *T. hamatum* oraz z rodziny *Ophiocordycipitaceae*, które korespondowały z *Purpureocillium lilacinum*. W liściach natomiast przeważali reprezentanci rodziny *Sporocadaceae* podobni do szczepów *Pestalotiopsis scoparia* i *Neopestalotiopsis longiappendiculata*, natomiast w owocach do *Physalospora vaccinii* z rodziny *Hyponectriaceae*. Klasa *Eurotiomycetes* reprezentowana przez rodzinę *Aspergillaceae* stanowiła 17% pozyskanych izolatów. W korzeniach wykryto głównie gatunek *Penicillium chrysogenum*, natomiast w owocach dominowały *Aspergillus creber* i *Penicillium corylophilum*. Najmniej licznymi byli przedstawiciele klasy *Dothideomycetes*, których byli obecni w korzeniach i liściach. Były to głównie izolaty z rodzin *Phaeosphaeriaceae* podobne do *Paraphoma radicina* oraz *Pleosporaceae* należące do rodzaju *Alternaria*.

Biodiversity of eukaryotic microorganisms in the tissues of cranberry (*Vaccinium macrocarpon* Aiton)

The object of the study was large cranberry grown on a plantation. Microorganisms from surface disinfected roots, leaves and fruits of 3-year-old plants were isolated on agar media and identified on the basis of the ITS1, 5.8S and ITS2 DNA region analysis.

Most of (72%) 71 isolates belonged to the *Sordariomycetes* class. In the roots isolates showing the highest similarity to *Trichoderma amoenum* and *T. hamatum* (family *Hypocreaceae*), as well as, to *Purpureocillium lilacinum* strains (family *Ophiocordycipitaceae*) predominated. In the leaves, the most frequent were isolates with the highest similarity to *Pestalotiopsis scoparia* and *Neopestalotiopsis longiappendiculata* strains (family *Sporocadaceae*), whereas, in the fruits to *Physalospora vaccinii* (family *Hyponectriaceae*). The *Eurotiomycetes* class, represented by the *Aspergillaceae* family accounted 17% of all isolates. In the roots, mainly *Penicillium chrysogenum* species was detected, while *Aspergillus creber* and *Penicillium corylophilum* predominated in the fruits. The least numerous were representatives of the *Dothideomycetes* class, which were found in the roots and leaves. These were mainly isolates genetically most similar to *Paraphoma radicina* (family *Phaeosphaeriaceae*) and the *Alternaria* genus (family *Pleosporaceae*).

Rearanżacje ryzobiomu pszenicy pod wpływem nanocząstek TiO₂

Sebastian Wojciech Przemieniecki

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa,
Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej

W niniejszej pracy przeprowadzono doświadczenie wazonowe z pszenicą jarą odmiany Bombona, w którym zbadano wpływ nanocząstek tlenku tytanu na mikrobiom glebowy. Gleba została traktowana nanocząstkami TiO₂ o dwóch różnych wielkościach: 68 nm (TP) i 207 nm (TI), oraz preparatem komercyjnym (10 mg kg⁻¹ suchej masy gleby). Użyto platformy illumina dla 16S rRNA i ITS. W wariacie z nanocząstkami TiO₂ o rozmiarze 68 nm zaobserwowano ograniczenie najliczniejszego OTU bakteryjnego, czyli Vicinamibacterales oraz wzrost udziału niektórych rodzajów, takich jak *Arthrobacter*, *Polaromonas* i *Pseudomonas*. W przypadku grzybów, zastosowanie obu form nanocząstek spowodowało zmniejszenie współczynnika dominacji Simpsona i zwiększenie współczynnika różnorodności Shannona. Zaobserwowano wzrost udziału *Trichoderma* spp. Nie zaobserwowano zmian w udziale grzybów niepożądanych: *Fusarium* spp., *Cladosporium* spp., *Aspergillus* spp. i *Alternaria* spp. Warto zbadać bardziej szczegółowo gatunki i rolę bakterii rodzaju *Acidobacter* i rodziny Rhizobiales, stymulowanych nanocząstkami TiO₂. Wariant TP najlepiej stymulował rozwój taksonów odpowiedzialnych za cechy: antagonizm, produkcję fitohormonów, wiązania azotu i udostępniania fosforanów roślinom.

Rearrangements of wheat rhizobiome under the influence of TiO₂ nanoparticles

In this work, a pot experiment was carried out with spring wheat of the cv. Bombona, in which the effect of titanium oxide nanoparticles on the soil microbiome was examined. The soil was treated with TiO₂ nanoparticles of two different sizes: 68 nm (TP) and 207 nm (TI), and a commercial preparation (10 mg kg⁻¹ dry weight of soil). The illumina platform for 16S rRNA and ITS was used. In the variant with TiO₂ nanoparticles with a size of 68 nm, a reduction in the most abundant bacterial OTU, Vicinamibacterales and an increase in the share of some genera, such as *Arthrobacter*, *Polaromonas* and *Pseudomonas*, was observed. In the case of fungi, the use of both forms of nanoparticles resulted in a decrease in the Simpson dominance coefficient and an increase in the Shannon diversity coefficient. An increase in the share of *Trichoderma* spp. was observed. No changes were observed in the share of undesirable fungi: *Fusarium* spp., *Cladosporium* spp., *Aspergillus* spp. and *Alternaria* spp. The TP variant best stimulated the development of taxa responsible for the traits: antagonism, phytohormone production, nitrogen fixation and phosphate availability to plants.

Wpływ różnych właściwości chemicznych ziarna zbóż na żerowanie i mikrobiom wołka ryżowego (*Sitophilus oryzae*)

Olga Kosewska, Sebastian Wojciech Przemieniecki, Mariusz Nietupski, Stanisława Koronkiewicz

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa

Przez ocieplenie klimatu wołek ryżowy jest coraz większym zagrożeniem. Różne gatunki wołków współżyją z gatunkiem bakterii symbiotycznych *Sodalis pierantonius*, które uczestniczą w stabilizacji egzoszkieletu młodych osobników dorosłych. Celem tej pracy jest sprawdzenie czy odmienne właściwości chemiczne (w tym aktywność przeciwutleniaczy) różnych odmian ziarna pszenicy zwyczajnej i jęczmienia powodują zaburzenia w żerowaniu owada oraz rearanżacje w strukturze mikrobiomu wołka ryżowego. Zaobserwowano, że żerowanie nasila się w przypadku odmian o niskiej zawartości białka, wysokiej zawartości kwasu sterynowego, przy niskiej aktywności przeciwutleniaczy. W przypadku odmian zbóż o wyższej aktywności przeciwutleniaczy, zaobserwowano tendencję do zmniejszenia liczby owadów dorosłych i zmniejszenia nasilenia żerowania, niemniej jednak korelacja tych parametrów nie była silnie skorelowana z aktywnością przeciwutleniaczy. Mikrobiom owadów żerujących na różnych odmianach jęczmienia był stabilny, natomiast w niektórych odmianach pszenicy zaobserwowano wypieranie dominującego *Sodalis* sp., przez *Staphylococcus* sp. lub *Mammaliococcus* sp., co drastycznie obniżyło zdolność żerowania wołka ryżowego.

The effect of different chemical properties of cereal grains on the foraging and microbiome of the rice weevil (*Sitophilus oryzae*)

Due to global warming, the rice weevil is an increasing threat. Various species of weevils coexist with the symbiotic bacterial species *Sodalis pierantonius*, which contributes to the stabilization of the juvenile adult exoskeleton. The aim of this study is to check whether different chemical properties (including antioxidant activity) of different varieties of common wheat and barley grain cause disturbances in insect feeding and rearrangements in the structure of the rice weevil microbiome. It has been observed that foraging increases in the case of varieties with low protein content, high content of steric acid, with low antioxidant activity. In the case of cereal varieties with higher antioxidant activity, a tendency was observed to reduce the number of adult insects and the intensity of feeding, however, the correlation of these parameters was not strongly correlated with the activity of antioxidants. The microbiome of insects feeding on different varieties of barley was stable, while in some varieties of wheat, displacement of the dominant *Sodalis* sp. by *Staphylococcus* sp. or *Mammaliococcus* sp. was observed, which severely reduced the foraging ability of the rice weevil.

The study was supported by the Polish National Science Centre under the project no. UMO-2021/41/N/NZ9/00364.

Analiza zmian proteomu wewnątrzkomórkowego *Beauveria bassiana* spowodowanych akumulacją pyretroidów

Sylwia Różalska¹, Anna Litwin¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki

Stosowanie środków ochrony roślin w rolnictwie prowadzi do zanieczyszczenia środowiska m.in. poprzez akumulację tych toksycznych związków w glebie. Jedną z najczęściej stosowanych grup pestycydów są pyretroidy stosowane do zwalczania szkodników upraw. Alternatywą dla tych toksycznych związków są grzyby entomopatogenne. Niestety, drobnoustroje te po wprowadzeniu do gleb, nie tylko stykają się z toksycznymi zanieczyszczeniami, ale nawet je akumulują w swoich komórkach, co może wpływać na ich funkcjonowanie i zaburzać pełnione przez nie funkcje.

Celem niniejszej pracy była ocena zachodzących zmian w proteomie *Beauveria bassiana* ARSEF2860 wywołanych akumulacją trzech pyretroidów: λ -cyhalotryny, α -cypermetryny i deltametryny. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że pyretroidy zakumulowane w grzybni *B. bassiana* indukowały stres oksydacyjny i wchodziły w interakcje z enzymami podstawowych szlaków metabolicznych, enzymami związanymi z organizacją cytoszkieletu aktynowego oraz wpływały niekorzystnie na białka zaangażowane w syntezę ściany komórkowej.

Praca była finansowana z grantu z Narodowego Centrum Nauki w Krakowie (Polska), nr umowy UMO-2016/23/B/NZ9/00840

Analysis of *Beauveria bassiana* intracellular proteome changes caused by pyrethroid accumulation

The use of pesticides in agriculture leads to environmental pollution through the accumulation of these toxic compounds in the soil. One of the most commonly applied pesticides are pyrethroids which are used to control crop pests. An alternative to these toxic compounds are entomopathogenic fungi. Unfortunately, these microorganisms, once introduced into soils, come into contact with these substances, which are accumulated in fungal cells and can affect their functioning and disrupt their functions.

The aim of the present study was to evaluate the ongoing changes in the proteome of *Beauveria bassiana* ARSEF2860 induced by the accumulation of three pyrethroids: λ -cyhalothrin, α -cypermethrin and deltamethrin. Based on the results, it was concluded that pyrethroids accumulated in the mycelium of *B. bassiana* induced oxidative stress and interacted with enzymes of basic metabolic pathways, enzymes associated with the organization of the actin cytoskeleton, and on proteins involved in cell wall synthesis.

This work was supported by the National Science Center in Krakow (Poland), grant number UMO-2016/23/B/NZ9/00840

Poziom asocjacji roślin jako główny czynnik kształtujący różnorodność grzybową i bakteryjną w zagajnikach wierzbowych o krótkiej rotacji

Piotr Koczorski¹, Bliss Ursula Furtado¹, Marcin Gołębiewski^{2,3}, Piotr Hulisz⁴, Dominika Thiem¹, Christel Baum⁵, Martin Weih⁶ and Katarzyna Hrynkiewicz^{1*}

¹Dept of Microbiology, Faculty of Biological and Veterinary Sciences, Nicolaus Copernicus University, Torun, PL,

²Dept of Plant Physiology and Biotechnology, Faculty of Biological and Veterinary Sciences, Nicolaus Copernicus University, Torun, PL, ³Interdisciplinary Centre for Modern Technologies, Nicolaus Copernicus University, Torun, PL,

⁴Dept of Soil Science and Landscape Management, Faculty of Earth Sciences and Spatial Management, Nicolaus Copernicus University, Torun, PL, ⁵Soil Science, Faculty of Agricultural and Environmental Sciences, University of

Rostock, Rostock, Germany, ⁶Dept of Crop Production Ecology, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden

Zarówno bakterie jak i grzyby odgrywają ważną rolę w procesie promowania wzrostu i rozwoju roślin. Występują one zarówno w środowisku glebowym ale mogą również wnikać do tkanek roślinnych stając się jej endofitami. Ich różnorodność może być jednak inna w zależności od warunków klimatycznych, środowiskowych czy bioróżnorodności roślin tam rosnących. Nowoczesna gospodarka rolna skupia się na wykorzystaniu najlepszych odmian roślin sadzonych w postaci monokultur, co zredukować może różnorodność mikroorganizmów narażając jednocześnie rośliny na infekcje patogenami.

Podczas eksperymentu dokonano analizy mikrobiomu gleby ryzosferowej oraz korzeni wierzb będących częścią zagajników o krótkiej rotacji znajdujących się na dwóch stanowiskach. Pierwsze znajdowało się w Uppsali (Szwecja), a drugie w Rostocku, (Niemcy). Na obu stanowiskach posadzone były wierzyby dwóch gatunków: Loden i Tora oraz wariant mieszany (Loden i Tora).

Badania wykazały zmiany w różnorodności oraz kompozycji grzybów i bakterii na różnych poziomach asocjacji z rośliną (tj. mikroorganizmy ryzosferowe a mikroorganizmy endofityczne). Dodatkowo obserwowano pozytywny wpływ na różnorodność mikroorganizmów z próbek pobranych ze stanowisk mieszanych. W przypadku grzybów zmianie uległ ich skład, a w przypadku bakterii liczebność. Wśród czynników glebowych dla grzybów i bakterii istotny wpływ miał azot, jednak w odróżnieniu od bakterii, grzyby o wiele bardziej uzależnione były od źródła węgla organicznego niż fosforu.

The level of plant association as the main factor shaping fungal and bacterial diversity in willow short-rotation coppices

Both batteries and fungi play an important role in promoting plant growth and development. They can be found in the soil environment but can also penetrate plant tissues to become endophytes. However, their diversity can vary depending on the climatic and environmental conditions or the biodiversity of the plants growing there. Modern agriculture focuses on using the best plant varieties planted as monocultures, which can reduce microbial diversity while exposing plants to pathogen infections.

During the experiment, the microbiome of rhizosphere soil and roots of willow trees that are part of short rotation coppice located at two sites were analysed. The first was located in Uppsala (Sweden) and the second in Rostock (Germany). Willows of two species were planted at both sites: Loden and Tora and a mixed variant (Loden and Tora).

The study showed a large change in the diversity and composition of fungi and bacteria at different levels of association with the plant (i.e. rhizosphere microorganisms versus endophytic microorganisms). In addition, a positive effect on the diversity of microorganisms from samples taken from mixed sites was observed. In the case of fungi, we observed change in composition, and in the case of bacteria, in their abundance. Among soil factors, nitrogen had a significant effect on fungi and bacteria, but unlike bacteria, fungi were much more dependent on the organic carbon source than phosphorus.

MATERIAŁY INFORMACYJNE SPONSORÓW





A.G.A. Analytical jest firmą z ponad 25-letnim doświadczeniem w zakresie dystrybucji najwyższej klasy sprzętu laboratoryjnego i aparatury naukowo-badawczej.

Współpracujemy z najlepszymi producentami oferującymi sprzęt laboratoryjny.

W ofercie firmy znajdują się chromatografy jonowe firmy Thermo Scientific (dawniej Dionex), chromatografy HPLC, FPLC, Prep LC firm GILSON® i Knauer, chromatografy CPC GILSON®, chromatografy Flash japońskiej firmy Yamazen, ekstraktory nadkrytyczne CO2 firmy SFE Process oraz Applied Separations, liofilizatory firmy Labconco, zamrażarki niskotemperaturowe KW Apparachi Scientifici, suszarki rozpyłowe UNOPEX, homogenizatory firmy Omni International oraz drobny sprzęt laboratoryjny firm GILSON®, Benchmark, SiliCycle i Scilogex.

W naszym asortymencie znajdują się urządzenia, które stanowią kompleksowe wyposażenie profesjonalnego laboratorium.

- Modułowe systemy chromatografii jonowej
- Systemy do produkcji ekstraktów na zasadzie ekstrakcji w nadkrytycznym dwutlenku węgla
- SMB – chromatografia preparatywna na dużą skalę
- Urządzenia do analizy składu produktu i kontrola jakości
- Aparatura do przygotowania próbek przed analizą / oznaczeniem – homogenizatory kulkowe i mechaniczne, koncentratory próżniowe, liofilizatory, wytrząsarki i inny drobny sprzęt laboratoryjny.

A.G.A. Analytical – Dlaczego warto z nami współpracować?

- Posiadamy ponad 25 letnie doświadczenie w branży laboratoryjnej.
- Nasza oferta produktowa jest rozbudowana i starannie wyselekcjonowana.
- Dostarczamy kompletne rozwiązania w zakresie aparatury laboratoryjnej optymalnie dopasowane do konkretnych potrzeb.
- Dzięki wieloletniej współpracy z największymi producentami w branży jesteśmy w stanie zaproponować najwyższej jakości sprzęt w przystępnych cenach.
- Posiadamy odpowiednią wiedzę techniczną i kompetencje, poparte wieloletnim doświadczeniem, potrzebne do zapewnienia wsparcia na najwyższym poziomie.
- Zapewniamy pełną opiekę gwarancyjną i pogwarancyjną – wszystkim zajmuje się nasz zgrany zespół inżynierów.
- A.G.A. Analytical to wiarygodny i sprawdzony partner – przez ponad 25 lat działalności udało nam się wypracować długofalowe relacje z klientami.
- Oferujemy także plany serwisowe dopasowane do Twoich potrzeb – Sprawdź naszą ofertę na umowy serwisowe.

A.G.A. Analytical - Dbamy o nowoczesne laboratoria.

AGRIPOINT

Naturalnie dla rolnictwa

Agriport posiada w swojej ofercie najnowszej generacji preparaty służące do pielęgnacji i dokarmiania roślin. Każdy z produktów - zanim trafi do sprzedaży - jest przez nas testowany i sprawdzany w warunkach polowych. Gwarantujemy preparaty najwyższej jakości, które dzięki nowatorskim rozwiązaniom działają kompleksowo, są bezpieczne dla Twoich roślin i zapewniają wysokie plony. Gwarantem jakości produktów Agriport są doświadczenia porównawcze, które prowadzimy od 2005 roku. Rekomendujemy preparaty, które sami stosujemy oraz te, które zyskały uznanie rolników.

Seria nawozów Agrisol, dedykowana dla poszczególnych rodzajów upraw, to złożone technologicznie a zarazem proste oraz skuteczne rozwiązania oparte na solach mineralnych. Nawozy zawierają małe, mobilne jony miedzi, cynku, manganu, boru i molibdenu, które przedostają się do rośliny, natychmiast po aplikacji. Zawierają również krzem, siarkę i tytan. Dzięki temu, po zastosowaniu wyraźnie wzrasta tolerancja na stresy abiotyczne i biotyczne, w tym na m.in. mróz, suszę i choroby.

Agrimax jest naturalnym biostymulatorem, w którym połączono czysty ekstrakt z brunatnic *Ascophyllum nodosum* oraz „czarne złoto”, czyli najnowszej generacji huminy. Nie zawiera żadnych wypełniaczy. Agrimax chroni uprawy przed stresem pogodowym i chemicznym. W ekstremalnych sytuacjach pełni również funkcję regeneratora roślin. Zawiera wszystkie niezbędne aminokwasy - lewoskrętne, w formie wolnie i biologicznie aktywnej.

Agrikomplex jest wielokierunkowym kondycjonerem, dzięki któremu całkowicie i oszczędnie rozwiążesz problem negatywnego wpływu złej jakości wody. Do kondycjonowania cieczy roboczej wykorzystano m.in. zdolności kwasów fulwowych.

Obecnie trwają prace związane z włączeniem do oferty sprzedanej preparatów mikrobiologicznych. Docelowo firma zamierza produkować we własnym zakresie nawozowe produkty mikrobiologiczne oraz nawozy zawierające mikroorganizmy. Swoje doświadczenie chcemy zdobywać dzięki współpracy z największymi autoretymi w tej dziedzinie. Dlatego w 2023 zawarliśmy umowy o współpracy z Uniwersytetem Przyrodniczym w Lublinie oraz Instytutem Agrofizyki PAN w Lublinie.





ANALITYK GENETYKA



ANALITYK

At Analytik Group, it is our mission to provide high-quality instruments in the fields of proteomics, genomics and microbiology. We provide products for the following market segments: scientific research, clinical diagnostics, forensics and biotechnology. We offer the full solutions necessary for specialized techniques including laboratory equipment, automatization, accessories, consumables, reagents and analysis software. We provide our customers with step by step consultative guidance throughout the selection process and we give technical assistance for the installation and configuration of instrumentation to meet application requirements. Our team of field service engineers provide technical service and support for all installed instrumentation. In addition, we offer application training as well as additional training courses and individual consultations. Our goal is for the successful implementation of new technologies to be made in a conscious manner and for modern devices to become the driver for further innovation and development.



BioMaxima S.A. wspiera specjalistów w podejmowaniu najtrafniejszych decyzji w diagnostyce medycznej oraz w ochronie przed zanieczyszczeniami w przemysłach spożywczym i kosmetycznym.

To nowoczesna firma, specjalizująca się w produkcji i sprzedaży wysokiej jakości wyrobów medycznych i sprzętu laboratoryjnego

20 lat doświadczeń pracy z naszymi odbiorcami pomaga nam dopasować rozwiązania do bieżącej sytuacji i do planów na przyszłość. Dynamicznie rozwijamy się, inwestujemy, implementujemy nowe technologie. Dbamy o wzrost pewności analiz, skrócenie czasu pozyskiwania wyników, podniesienie wydajności, efektywność kosztową oraz komfort prowadzonych badań.

Prowadzimy stały nadzór i ocenę jakościową produkowanych wyrobów (System Zarządzania Jakością jest certyfikowany zgodnie z normami ISO 9001 oraz ISO 13485) .

BioMaxima zaopatruje laboratoria analityczne, mikrobiologiczne i przemysłowe zarówno w Polsce jak i w kilkudziesięciu krajach Europy, Azji, Afryki i Ameryki.

Oferta BioMaxima S.A. jest szeroka i obejmuje następujące główne grupy produktów:

- podłoża mikrobiologiczne oraz suplementy podłoży
- systemy do oznaczania lekooporności mikroorganizmów (AST)
- odczynniki i zestawy do biologii molekularnej
- analizatory oraz odczynniki diagnostyczne do badania parametrów biochemicznych krwi i innych płynów ustrojowych
- szybkie testy diagnostyczne do wykrywania chorób infekcyjnych, markerów nowotworowych, markerów zawału serca, środków uzależniających wraz z czytnikami
- systemy do analizy moczu
- analizatory hematologiczne wraz z odczynnikiemami
- analizatory jonoselektywne wraz z odczynnikiemami
- analizator immunologiczny markerów kardiologicznych wraz z odczynnikiemami
- glukometry do użytku profesjonalnego
- analizatory do badań gazometrycznych i parametrów krytycznych krwi

Z wieloma Odbiorcami utrzymujemy bardzo dobre relacje od lat. Bardzo nas cieszy, że wysoko oceniają nie tylko nasze produkty, ale również otwartość na zmiany i elastyczność. Zachęcamy do rozmowy na temat oferty i do kontaktu z przedstawicielami Biomaxima S.A.

E-mail: mikroregiony@biomaxima.com www.biomaxima.com



Przedsiębiorstwo Usługowo-Handlowe „Chemirol” sp. z o.o. powstało w roku 1990 w Mogilnie. Od przeszło 30 lat dostarcza kompleksowe rozwiązania w rolnictwie i gromadzi potencjał wiedzy oraz doświadczenia. Każdego dnia specjaliści zatrudnieni w Chemirolu potwierdzają pozycję marki w branży, doradzając i sprawnie reagując na potrzeby Klientów. PUH „Chemirol” sp. z o. o. przeszło długą drogę od lokalnej hurtowni środków ochrony roślin po lidera w kompleksowej obsłudze rolnictwa i specjalistę w zakresie doradztwa w ochronie upraw. Firma konsekwentnie rozbudowuje portfolio produktów w sektorze środków ochrony roślin, a ponadto ofertę uzupełnia szeroka gama komplementarnych biostymulatorów i nawozów dolistnych. PUH „Chemirol” sp. z o.o. to uznany w kraju dystrybutor i producent technologii stosowanych w uprawach rolniczych. Ponad 1000 pracowników potwierdza swoją codzienną pracą, że marka Chemirol łączy się tylko ze sprawdzonymi, pewnymi i bezpiecznymi rozwiązaniami.



genXone S.A. - dynamicznie rozwijająca się spółka z branży biotechnologicznej z podpoznańskich Złotnik, która tworzy nowe rozwiązania oraz produkty wykorzystujące najnowsze technologie sekwencjonowania kwasów nukleinowych. Specjalizuje się w sekwencjonowaniu NGS (ang. next generation sequencing) oraz diagnostyce medycznej. Jest pierwszym w Polsce i jednym z pierwszych na świecie laboratoriów wykorzystujących technologię sekwencjonowania nanoporowego w obszarach nauki, biznesu i medycyny i posiada pełną certyfikację producenta tej technologii – Oxford Nanopore Technologies.

Analizy metagenomów w genXone wykonywane są zarówno w oparciu o sekwencjonowanie genu 16s i/lub ITS, jak również przy wykorzystaniu metody całogenomowego sekwencjonowania materiału genetycznego zawartego w próbce środowiskowej. To drugie podejście umożliwia kompleksową analizę składu i potencjału biologicznego organizmów obecnych w badanym materiale. Wykorzystanie technologii sekwencjonowania nanoporowego pozwala poznać prawdziwy profil taksonomiczny, niezaburzony przez proces amplifikacji. Zastosowanie technologii długich odczytów usprawnia dalsze etapy analizy związane z: składaniem de novo genomów obecnych w próbce, analizą szlaków metabolicznych czy identyfikacją genów związanych z antybiotykoopornością, wirulencją itp.

Szczegółowe informacje na temat analiz metagenomowych dostępne są na stronie: <https://genxone.eu/uslugi/>

nexbio

NEXBIO to lubelska spółka, świadcząca usługi dedykowane bezpośrednio uczelniom i jednostkom naukowym. Usługi mają na celu wspieranie naukowców w prowadzeniu projektów naukowych i prac laboratoryjnych oraz zwiększanie dostępności zaawansowanych metod badawczych. Oferujemy usługi dedykowane, polegające na zaprojektowaniu i wdrożeniu konkretnych etapów badawczych oraz predefiniowane usługi badawcze.



W firmie SEQme jesteśmy dumni z możliwość dostarczenia Państwu kompleksowych rozwiązań w zakresie usług sekwencjonowania oraz analizy uzyskanych wyników. W ramach usług sekwencjonowania NGS oferujemy Państwu także analizę metagenomiczną mikrobiomu z określonego

środowiska. Strategia opiera się na sekwencjonowaniu amplikonów uzyskanych poprzez amplifikację regionów hiperzmiennych oraz identyfikację organizmów poprzez porównanie uzyskanych sekwencji z referencyjnymi bazami danych.

Analiza metagenomiczna została zoptymalizowana dla różnych typów próbek i obejmuje:

- Amplifikację wybranych regionów hiperzmiennych. Do amplifikacji wykorzystujemy następujące kombinacje starterów:

Region docelowy	Nazwa	Sekwencja	Produkt (pz)*
V4-V5	V4-V5 515F	GTGYCAGCMGCCGCGGTAA	420+
	V4-V5 R926	CCGYCAATTYMTTTRAGTTT	
V3-V5	V3-V5 F357	CCTACGGGNGGCWGCAG	694
	V3-V5 R926	CCGYCAATTYMTTTRAGTTT	
V3-V4	V3-V4 F357	CCTACGGGNGGCWGCAG	540
	V3-V4 R805	GACTACHVGGGTATCTAATCC	
V4	V4 515F	GTGYCAGCMGCCGCGGTAA	252
	V4 806R	GGACTACNVGGGTWTCTAAT	
349-806	Arch349F	GYGCASCAGKCGMGAAW	528
	Arch806R	GGACTACVSGGGTATCTAAT	
ITS1+ITS2	ITS1F	GGTCATTTAGAGGAAGTAA	580+
	ITS4R	TCCTCCGCTTATTGATATGC	
ITS2	ITS3F	GCATCGATGAAGAACGCAGC	462
	ITS4R	TCCTCCGCTTATTGATATGC	
1391-3' end	Euk_1391F	GTACACACCGCCCGTC	200-280
	EukBr-7R	TGATCCTTCTGCAGGTTACCTAC	

* w przybliżeniu

- Przygotowanie podwójnie indeksowanych bibliotek sekwencjonowania metodą PCR
- Kwantyfikacja bibliotek metodą qPCR w celu uzyskania maksymalnej wydajności sekwencjonowania
- Sekwencjonowanie w technologii Illumina (PE250 oraz PE150)
- Analiza danych

Nasi specjaliści dzielą się także swoją wiedzą na kursach i warsztatach, które regularnie dla Państwa organizujemy. Ponadto w firmie SEQme posiadamy wieloletnie doświadczenie w serwisowaniu i wsparciu technicznym sprzętu firmy Applied Biosystems®, w tym: analizatorów genetycznych, systemów RT-PCR oraz termocyklerów.

www.seqme.eu



VII Ogólnopolskie Sympozjum Mikrobiologiczne

METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK



INSTYTUT
AGROFIZYKI
PAN



Lublin, 20-21 czerwca 2023

Sympozjum zostało dofinansowane ze środków budżetu państwa w ramach programu **Ministra Edukacji i Nauki** pod nazwą **„Doskonała Nauka – Wsparcie konferencji naukowych”** nr projektu DNK/SP/549541/2022 kwota dofinansowania **90 200,00 zł** całkowita wartość projektu **109 200,00 zł**