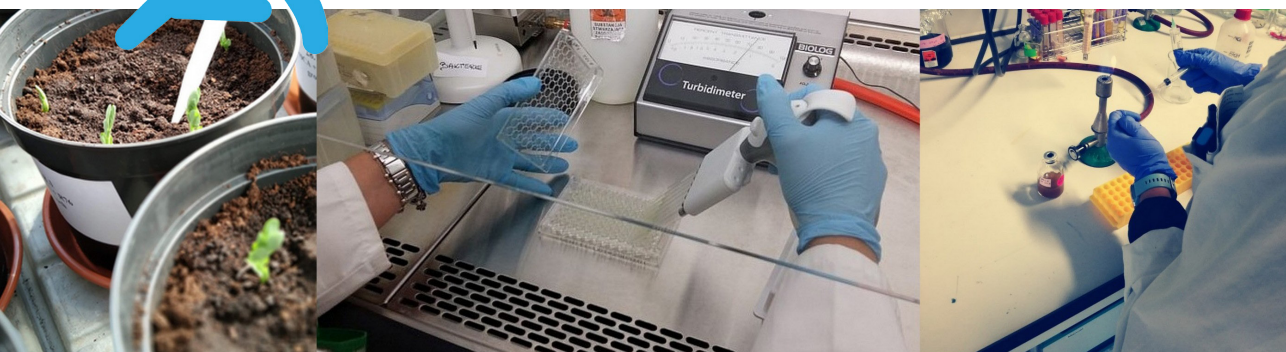




VI OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE „METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”

Puławy, 23-24 czerwca 2022 roku

MATERIAŁY KONFERENCYJNE



**Ministerstwo
Edukacji i Nauki**

Projekt realizowany w ramach programu „**Doskonała nauka**”, ustanowione na podstawie art. 376 ust. 1 i ust. 2 pkt 1 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 poz. 478, 619 i 1630), dofinansowany ze środków budżetu państwa.





INSTYTUT
AGROFIZYKI
P A N

KATOLICKI
UNIwersYTET
LUBELSKI
JANA PAWŁA II

KUL 1918



UMCS
UNIWERSYTET MARIII CURIE-SKŁODOWSKIEJ



VI OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM
MIKROBIOLOGICZNE
„METAGENOMY RÓŻNYCH
ŚRODOWISK”

Puławy, 23-24 czerwca 2022 roku

MATERIAŁY KONFERENCYJNE



Ministerstwo
Edukacji i Nauki

Projekt realizowany w ramach programu „Doskonała nauka”, ustanowionego na podstawie art. 376 ust. 1 i ust. 2 pkt 1 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 poz. 478, 619 i 1630), dofinansowany ze środków budżetu państwa.

**INSTYTUT UPRAWY NAWOŻENIA I GLEBOZNAWSTWA
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY**

ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy
tel. (81) 4786 700, 4786 800; fax: (81) 4786 900
e-mail: iung@iung.pulawy.pl www.iung.pulawy.pl
Dyrektor: *prof. dr hab. Wiesław Oleszek*

Zakład Mikrobiologii Rolniczej
Kierownik: *dr hab. Anna Gałązka, prof. IUNG-PIB*
tel. (81) 4786 951; www.mikro-iung.pl

Dział Upowszechniania i Wydawnictw
Kierownik: *dr Monika Kowalik*
tel. (81) 4786 733

KOMITET ORGANIZACYJNY:

Przewodnicząca:

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

Członkowie:

prof. dr hab. Magdalena Frąc (IA PAN, Lublin)
dr hab. Agnieszka Wolińska, prof. KUL (KUL, Lublin)
dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ściseł, prof. UMCS (UMCS, Lublin)
dr Agata Goryluk-Salmonowicz (SGGW, Warszawa)

SEKRETARIAT KONFERENCJI

dr Karolina Furtak
mgr Karolina Gawryjolek
e-mail: metagenomy2022@iung.pulawy.pl

ISBN 978-83-7562-382-6

Materiały konferencyjne zawierają streszczenia prezentacji i posterów.

Materiały nie są recenzowane.

Streszczenia zostały zamieszczone w wersji przesłanej przez Autorów,
Organizatorzy nie ponoszą odpowiedzialności za ich treść.



Ministerstwo Edukacji i Nauki

Projekt realizowany w ramach programu „Doskonała nauka”, ustanowionego na podstawie art. 376 ust. 1 i ust. 2 pkt 1 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 poz. 478, 619 i 1630), dofinansowany ze środków budżetu państwa

PROGRAM „Doskonała Nauka”

Nazwa zadania: VI OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE

„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”, Puławy, 23-24 czerwca 2022 roku

DOFINANSOWANIE

80 325 zł

CAŁKOWITA WARTOŚĆ

133 825 zł

CEL I ZAKRES KONFERENCJI

Celem Sympozjum jest przedstawienie najnowszych osiągnięć w badaniach z zakresu metagenomiki, metataksonomiki, metatranskryptomiki, metabolomiki, biologii molekularnej, oddziaływań pomiędzy mikro- i makroorganizmami w różnych środowiskach.

Badania „omiczne” w analizie próbek środowiskowych umożliwiają poznawanie nowych mikrobiomów, monitorowanie składu konsorcjum mikroorganizmów oraz badanie możliwości ich wykorzystania w rolnictwie i ochronie środowiska. Dotychczas, w każdej edycji konferencji uczestniczyło ponad stu naukowców specjalizujących się w badaniach z obszarów naukowych związanych z ekologią mikroorganizmów, fitopatologią, genetyką, mikrobiologią, ochroną środowiska oraz rolnictwem i ogrodnictwem. Podczas Sympozjum zostaną zaprezentowane oraz przedyskutowane wyniki najnowszych badań metagenomicznych prowadzonych w różnych ośrodkach naukowych, w tym także postęp w wykorzystaniu nowoczesnych metod badawczych. Ponadto, przedstawiona zostanie dotychczasowa wiedza na temat zastosowania narzędzi „omicznych” najnowszej generacji do analiz m.in. próbek glebowych. Narzędzia me-

tagenomiki umożliwiają testowanie wszystkich populacji mikroorganizmów, występujących w danym środowisku i nierozdzielnie wiążą się z badaniami z zakresu bioinformatyki i analizy danych.

Symposium to jest jedynym w Polsce, cyklicznym wydarzeniem naukowym obejmującym wiedzę na temat kompleksowego rozpoznania bioróżnorodności mikroorganizmów w różnych środowiskach. Zapewnia integrację społeczności naukowej, w tym wybitnych specjalistów w danej dziedzinie. Pozwala na przekazywanie sobie wzajemnie wiedzy i doświadczenia, umożliwia nawiązywanie wszechstronnej współpracy oraz pozwala na żywą dyskusję na temat najnowocześniejszych metod badawczych. To również doskonała możliwość do zaprezentowania wyników badań dla młodych adeptów nauki (magistrantów, doktorantów), którzy w miłej atmosferze i pod czujnym okiem profesorów mogą podzielić się swoimi odkryciami.

Niniejsza konferencja jest 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.

Patronat honorowy:

prof. dr hab. Wiesław Oleszek (Dyrektor IUNG-PIB, Puławy)

prof. dr hab. Teresa Doroszevska (Z-ca Dyrektora IUNG-PIB, Puławy)

prof. dr hab. Cezary Sławiński (Dyrektor IA PAN, Lublin)

prof. dr hab. Artur Zdunek (Z-ca Dyrektora IA PAN, Lublin)

ks. prof. dr hab. Mirosław Kalinowski

(Rektor Katolickiego Uniwersytetu Lubelskiego JanaPawła 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-Wilkołazka

(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)



Komitet naukowy:

Przewodniczący:

prof. dr hab. Adam Jaworski (Uniwersytet Łódzki)

Członkowie:

prof. dr hab. Wiesław Barabasz, Uniwersytet Rolniczy, Kraków

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

dr hab. Justyna Bohacz, prof. UP, Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin

dr hab. inż. Maria Chmiel, prof. UR, Uniwersytet Rolniczy, Kraków

prof. dr hab. Adam Choma, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin

prof. dr hab. inż. Sławomir Ciesielski, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn

prof. dr hab. inż. Krystyna Cybulska, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny, Szczecin

prof. dr hab. Hanna Dahm, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń

dr hab. Łukasz Dziewit, Uniwersytet Warszawski, Warszawa

dr hab. Anna Gałązka, prof. IUNG, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – PIB, Puławy

dr Weronika Goraj, Katolicki Uniwersytet Lubelski, Lublin

dr hab. Patrycja Golińska, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń

dr Agata Goryluk-Salmonowicz, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa

dr hab. Urszula Guzik, Katedra Biochemii, Uniwersytet Śląski, Katowice

dr Karolina Furtak, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – PIB, Puławy

prof. dr hab. Magdalena Frąc, Instytut Agrofizyki, PAN, Lublin

dr hab. Agnieszka Hanaka, prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin

prof. dr hab. Katarzyna Hryniewicz, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń

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

dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ściśeł, prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin

dr hab. Jolanta Joniec, prof. UP, Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin

dr hab. Iwona Komaniecka, prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin

prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka, Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

dr hab. Michał Kalita, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin

prof. dr hab. Teresa Kornilowicz-Kowalska, Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin

prof. dr hab. Jacek Kozdrój, Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów

dr hab. Ewa Król, prof. UP, Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin

dr hab. Piotr Krupa, prof. UJD, Uniwersytet Humanistyczno-Przyrodniczy im. Jana Długosza w Częstochowie

dr hab. inż. Teresa Krzyśko-Łupicka, prof. UO, Uniwersytet Opolski, Opole

prof. dr hab. Jan Kucharski, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn

dr Agnieszka Kuźniar, Katolicki Uniwersytet Lubelski, Lublin

dr hab. Małgorzata Majewska, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin

prof. dr hab. Wanda Małek, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin

prof. dr hab. Stefan Martyniuk, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – PIB, Puławy

dr hab. Ewa Moliszewska, prof. UO, Uniwersytet Opolski, Opole

dr Anna Marzec-Grządziel, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – PIB, Puławy

dr hab. Andrzej Mazur, prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
prof. dr hab. Agnieszka Mroziak, Katedra Biochemii, Uniwersytet Śląski, Katowice
dr hab. Alicja Niewiadomska, prof. UP, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
dr Artur Nowak, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
dr Karolina Oszust, Instytut Agrofizyki PAN, Lublin
dr Ewa Ozimek, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
prof. dr hab. Zbigniew Paluszak, Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy
prof. dr hab. Stanisław Pietr, Uniwersytet Przyrodniczy, Wrocław
prof. dr hab. Zofia Piotrowska-Seget, Uniwersytet Śląski, Katowice
dr hab. Magdalena Popowska, prof. UW, Uniwersytet Warszawski, Warszawa
prof. dr hab. Anna Skorupska, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
prof. dr hab. Piotr Sobiczewski, Instytut Ogrodnictwa, Skierniewice
dr hab. Anna Szafranek-Nakoneczna, prof. KUL, Katolicki Uniwersytet Lubelski, Lublin
dr hab. Magdalena Szczech, prof. IO, Instytut Ogrodnictwa, Skierniewice
prof. dr hab. Arkadiusz Telesiński, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny, Szczecin
dr hab. Mariusz Trytek, prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
prof. dr hab. Maciej Walczak, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Toruń
dr hab. Sylwia Wdowiak-Wróbel, prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
dr hab. Adrian Wiater, prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
dr hab. Jerzy Wielbo, prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
dr hab. Danuta Wojcieszńska, prof. UŚ, Katedra Biochemii, Uniwersytet Śląski, Katowice
dr hab. Małgorzata Wójcik, prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin
dr hab. Agnieszka Wolińska, prof. KUL, Katolicki Uniwersytet Lubelski, Lublin
dr Kinga Włodarczyk, Katolicki Uniwersytet Lubelski, Lublin
prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn

PATRONAT HONOROWY

POLSKIE TOWARZYSTWO MIKROBIOLOGÓW



Zarząd Główny Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów jednomyślnie podjął uchwałę nr 14-2022 r. w sprawie objęcia patronatem honorowym VI edycji Ogólnopolskiego Sympozjum Mikrobiologicznego pt. „Metagenomy różnych środowisk”.
Prośbę o Honorowy Patronat Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów nad Sympozjum podpisał Prezes PTM prof. dr hab. Stefan Tyski

POLSKIE TOWARZYSTWO MYKOLOGICZNE



**POLSKIE TOWARZYSTWO
MYKOLOGICZNE**

Prośbę o Naukowy Patronat Polskiego Towarzystwa Mykologicznego nad Sympozjum popiera Zarząd PTMyk, którego Prezesem jest dr Julia Pawłowska

POLSKIE TOWARZYSTWO GENETYCZNE



**POLSKIE TOWARZYSTWO
GENETYCZNE**

Prośbę o Naukowy Patronat Polskiego Towarzystwa Genetycznego nad Sympozjum popiera Pani dr hab. Joanna Groszczyńska, prof. SGGW – Przewodnicząca Warszawskiego Oddziału PTG oraz prof. dr hab. Wanda Małek – Przewodnicząca Lubelskiego Oddziału PTG

POLSKIE TOWARZYSTWO FITOPATOLOGICZNE



Prośbę o Naukowy Patronat PTFit nad Sympozjum popiera Pani dr hab. Ewa Król, prof. UP – Przewodnicząca Lubelskiego Oddziału PTFit

SPONSORZY WYDARZENIA



VI OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE

„Metagenomy różnych środowisk”

Puławy, 23–24 czerwca 2022 r.



PROGRAM KONFERENCJI

23.06.2021 (czwartek)	
08:30–09:00	Rejestracja uczestników konferencji
	SESJA INAUGURACYJNA <i>dr hab. Anna Gałązka, prof. IUNG; prof. dr hab. Magdalena Frąc;</i> <i>dr hab. Agnieszka Wolińska, prof. KUL;</i> <i>dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ścisiel, prof. UMCS;</i> <i>dr Agata Goryluk-Salmonowicz</i>
09:00–09:30	Uroczyste otwarcie VI Sympozjum Mikrobiologicznego – przywitanie gości przez organizatorów i przedstawicieli Władz Instytutu
09:30–09:55	REFERAT INAUGURACYJNY <u>prof. dr hab. Adam Jaworski</u> (Uniwersytet Łódzki, Społeczna Akademia Nauk, Łódź) <i>Wacław Szybalski – o Lwowie, genach, istocie życia i noblistach</i>
09:55–10:20	WYKŁAD PLENARNY prof. dr hab. Hanna Mazur-Marzec (Uniwersytet Gdański) <i>Cyjanometabolity – strukturalna różnorodność, biologiczna aktywność i zastosowanie</i>
10:20–11:00	Przerwa kawowa
	SESJA I METAGENOMY W BADANIACH EKOSYSTEMÓW <i>prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska, prof. dr hab. Wiesław Barabasz</i>
11:00–11:25	WYKŁAD PLENARNY prof. dr hab. Agnieszka Szalewska-Pałasz (Uniwersytet Gdański), Kloska A., Cech G., Nowicki D., Maciąg-Dorszyńska M.: <i>Odpowiedź bakterii środowiska morskiego na warunki stresowe</i>
	REFERATY
11:25–11:40	<u>Wolińska A.</u> , Kruczyńska A., Grządziel J., Gałązka A., Kuźniar A.: <i>Metagenomiczne, funkcjonalne i sezonowe rozpoznanie mikrobiomu zasiedlającego osady denne Stawu Kardynalskiego w Ślesinie</i>
11:40–11:55	<u>Maj W.</u> , Pertile G., Frąc M.: <i>Porównanie wrażliwości zidentyfikowanych genetycznie grzybów z rodzaju Neosartorya na wybrane ekstrakty roślinne</i>
11:55–12:10	<u>Goryluk-Salmonowicz A.</u> , Popowska M.: <i>Wpływ mikrobiomu glebowego na przeżywalność bakterii patogennych</i>
12:10–12:25	<u>Grabski M.</u> , Kotlarska E., Łuczkiwicz A., Węgrzyn G., Szymczycha B.: <i>Analiza metagenomiczna minimów tlenowych wskazuje na główne szlaki usuwania azotu z kolumny wody morskiej Bałtyku Właściwego</i>
12:25–12:50	DYSKUSJA
13:00–14:15	Przerwa obiadowa

VI OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE
„Metagenomy różnych środowisk”
Puławy, 23–24 czerwca 2022 r.

	SESJA II METAGENOMY ŚRODOWISKA GLEBOWEGO <i>prof. dr hab. Monika Janczarek, prof. dr hab. Jan Kucharski</i>
14:15–14:35	WYKŁAD PLENARNY dr Piotr Rozpądek (Uniwersytet Jagielloński, Kraków) <i>Rola mikroorganizmów w adaptacji roślin do środowiska</i>
	REFERATY
14:35–14:50	<u>Błaszczyk M.</u> : <i>Proteobacteria istotne w glebach</i>
14:50–15:05	Tarnawska P., Swiontek Brzezinska M., Pałubicka K., Krajnik K., Burkowska-But A., Świątczak J., Dembińska K., Kalwasińska A.: <i>Substancje bioaktywne z rodziny Brassicaceae jako alternatywa dla syntetycznych fungicydów i ich wpływ na zróżnicowanie grzybów glebowych</i>
15:05–15:20	<u>Kruczyńska A.</u> , Kuźniar A., Sochaczewska A., Podlewski J., Słomczewski A., Grządziel J., Gałązka A., Wolińska A.: <i>Struktura Bacteroidota w obliczu zróżnicowanych praktyk rolniczych ważnym wskaźnikiem jakości gleb</i>
15:20–15:35	<u>Barabasz W.</u> , Pikulicka A.: <i>Mykotoksyny i grzyby toksynotwórcze występujące w suszach ziół, roślinach przyprawowych i leczniczych</i>
15:35–15:50	DYSKUSJA
15:50–16:10	Przerwa kawowa
	PANEL BIOINFORMATYCZNY prezentacja ogólnie dostępnych baz danych do analiz omicznych (metadane) <i>dr hab. Andrzej Mazur, prof. UMCS</i>
16:10–16:25	<u>dr Jacek Panek</u> IA PAN: <i>Prezentacja baz danych i analiz omicznych na przykładzie wybranych badań</i>
16:25–16:40	<u>dr Piotr Koper</u> UMCS: <i>Anvi'o czyli: An open-source, community-driven analysis and visualization platform for microbial, omics</i>
16:40–16:55	<u>Wąsowska A.</u> Genomed S.A. <i>Problemy w analizach metagenomicznych</i>
16:55–17:10	<u>dr A. Marzec-Grządziel</u> IUNG-PIB: <i>Analizy bioinformatyczne prowadzone w Zakładzie Mikrobiologii Rolniczej IUNG-PIB w Puławach</i>
17:10–17:25	Prezentacja firmy Analityk Gentyka i Illumina (film promocyjny)
17:25–17:45	DYSKUSJA
19:30–....	Spotkanie integracyjne

VI OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE
„Metagenomy różnych środowisk”
Puławy, 23–24 czerwca 2022 r.

24.06.2021 (piątek)	
	SESJA III METAGENOMIKA APLIKACYJNA – WYKORZYSTANIE I ZNACZENIE METAGENOMIKI W BIOTECHNOLOGII, BIOLOGICZNEJ OCHRONIE ROŚLIN ORAZ MONITORINGU JAKOŚCI ŚRODOWISKA <i>prof. dr hab. Zofia Piotrowska-Seget, prof. dr hab. Wanda Małek</i>
9:00–09:25	WYKŁAD PLENARNY Wielkopolan B., Frąckowiak P., Szabelska-Beręsewicz A., Krawczyk K., <u>Obrepalska-Stęplowska A.</u> (Instytut Ochrony Roślin-PIB, Poznań): <i>Mikrobiom owadów – jego znaczenie w interakcjach owad–roślina</i> <i>oraz w ochronie roślin</i>
	REFERATY
09:25–09:40	Pawłowska J., Abramczyk B., Błocka Z., Okraśńska A.: <i>Interakcje grzybów i bakterii w glebach silnie zanieczyszczonych</i>
09:40–09:55	<u>Ważny R.</u> , Jędrzejczyk R.J., Domka A., Kosowicz W., Pliszko A., Śmieszek O., Rozpądek P.: <i>Jak metale toksyczne zmieniają mykrobiom rośliny?</i>
09:55–10:10	<u>Malicka M.</u> , Magurno F., Piotrowska-Seget Z.: <i>Spółeczności grzybów mykoryzowych i endofitycznych w środowisku zanieczyszczonym fenolem i węglowodorami</i>
10:10–10:25	<u>Sułowicz S.</u> , Markowicz A., Dulski M., Nowak A., Bondarczuk K., Borymski S.: <i>Wpływ nanofungicydów na mikrobiom glebowy</i>
10:25–10:35	DYSKUSJA
10:35–11:00	Przerwa kawowa

VI OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE
„Metagenomy różnych środowisk”
Puławy, 23–24 czerwca 2022 r.

	SESJA IV NAUKI OMICZNE (METAGENOMIKA, METATAKSONOMIKA, METATRANSKRYPTOMIKA, METABOLOMIKA) – STAN AKTUALNY, PERSPEKTYWY NA PRZYSZŁOŚĆ, ZAGROŻENIA <i>prof. dr hab. Maria Niklińska, dr hab. Maria Chmiel, prof. URK</i>
11:00–11:25	WYKŁAD PLENARNY dr hab. Krzysztof Treder (Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB, Oddział w Boninie) <i>Zmian genetycznych w populacji wirusa Y ziemniaka, jednego z najważniejszych wirusowych patogenów roślin?</i>
	REFERATY
11:25–11:40	<u>Klimek B., Niklińska M., Prabowo B., Pidlubna P.:</u> <i>Wrażliwość temperaturowa w glebach leśnych długotrwale skażonych metalami ciężkimi</i>
11:40–11:55	<u>Oleńska E., Małek W., Woźniak M., Gałazka A., Thijs S., Vangronsveld J.:</u> <i>Mikrobiom koniczyzny białej (T. repens) i jego bioremediacyjny potencjał</i>
11:55–12:10	<u>Sajewicz-Krukowska J., Mirosław P., Jastrzębski J.P., Domańska-Blicharz K., Tarasiuk K., Marzec-Kotarska B.:</u> <i>Analiza profili ekspresji miRNA w śledzionach kurcząt zakażonych astrowirusem kurzym</i>
12:10–12:25	<u>Chmiel M.J., Boroń P., Kulik K., Prajsnar J., Żelazny M., Lenart-Boroń A.:</u> <i>Gradient zanieczyszczeń pochodzenia antropogenicznego wzdłuż górskiej rzeki Białki i jego wpływ na skład i funkcje populacji bakterii</i>
12:25–12:40	<u>Lenart-Boroń A., Boroń P., Prajsnar J., Guzik M., Żelazny M., Pufelska M., Chmiel M.J.:</u> <i>Pandemia COVID-19 ujawniła skalę wpływu intensywnej turystyki na środowisko wodne obszarów górskich</i>
12:40–13:00	DYSKUSJA
13:00–13:15	WRĘCZENIE NAGRÓD
13:15–14:00	Podsumowanie i zakończenie konferencji
14:00–15:00	Przerwa obiadowa

KONKURS DLA MŁODYCH NAUKOWCÓW

Za wystąpienia ustne oraz prezentacje posterowe dla młodych naukowców (z tytułem doktora włącznie) przewidziane są nagrody i wyróżnienia.



Komisja oceniająca wystąpienia ustne:

prof. dr hab. Monika Janczarek
prof. dr hab. Zofia Piotrowska-Seget
prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska
dr hab. Maria Chmiel, prof. UR
prof. dr hab. Adam Jaworski



Komisja oceniająca prezentacje posterowe:

prof. dr hab. Wanda Małek
prof. dr hab. Maria Niklińska
prof. dr hab. Magdalena Frąc
dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ścisiel, prof. UMCS
prof. dr hab. Wiesław Barabasz
dr hab. Mieczysław Błaszczak, prof. SGGW
dr hab. Andrzej Mazur, prof. UMCS

Wystąpienia ustne zakwalifikowane do konkursu dla „młodych naukowców”:

- **Goryluk-Salmonowicz A.**, Szadziul M., Popowska M.: *Bioróżnorodność jako bariera w rozprzestrzenianiu się antybiotykooporności.*
 - **Grabski M.**, Kotlarska E., Łuczkiwicz A., Węgrzyn G., Szymczycha B.: *Analiza metagenomiczna minimów tlenowych wskazuje na główne szlaki usuwania azotu z kolumny wody morskiej Bałtyku Wiślanego.*
 - **Koper P.**: *Anvi'o czyli: An open-source, community-driven analysis and visualization platform for microbial 'omics.*
 - **Kruczyńska A.**, Kuźniar A., Sochaczewska A., Podlewski J., Słomczewski A., Grządziel J., Gałązka A., Wolińska A.: *Struktura Bacteroidota w obliczu zróżnicowanych praktyk rolniczych ważnym wskaźnikiem jakości gleb.*
 - **Maj W.**, Pertile G., Frąc M.: *Porównanie wrażliwości zidentyfikowanych genetycznie grzybów z rodzaju Neosartorya na wybrane ekstrakty roślinne.*
-

- Malicka M., Magurno F., Piotrowska-Seget Z.: *Spółeczności grzybów mykoryzowych i endofitycznych w środowisku zanieczyszczonym fenolem i węglowodorami.*
- Oleńska E., Małek W., Woźniak M., Gałązka A., Thijs S., Vangronsveld J.: *Mikrobiom koniżyny białej (T. repens) i jego bioremediacyjny potencjał.*
- Panek J. *Prezentacja bez danych i analiz omiczych na przykładzie wybranych badań.*
- Pawłowska J., Abramczyk B., Błocka Z., Okraśńska A.: *Interakcje grzybów i bakterii w glebach silnie zanieczyszczonych.*
- Sajewicz-Krukowska J., Mirosław P., Jastrzębski J.P., Domańska-Blicharz K., Tarasiuk K., Marzec-Kotarska B.: *Analiza profili ekspresji miRNA w śledzionach kurcząc zakażonych astrowirusem kurzym.*
- Sułowicz S., Markowicz A., Dulski M., Nowak A., Bondarczuk K., Borymski S.: *Wpływ nanofungicydów na mikrobiom glebowy.*
- Tarnawska P., Swiontek Brzezinska M., Pałubicka K., Krajnik K., Burkowska-But A., Świątczak J., Dembińska K., Kalwasińska A.: *Substancje bioaktywne z rodziny Brassicaceae jako alternatywa dla syntetycznych fungicydów i ich wpływ na zróżnicowanie grzybów glebowych.*
- Ważny R., Jędrzejczyk R.J., Domka A., Kosowicz W., Pliszko A., Śmieszek O., Rozpądek P.: *Jak metale toksyczne zmieniają mykobiom rośliny?*

Prezentacje posterowe zakwalifikowane do konkursu dla „młodych naukowców”:

- Aleksandrowicz E.: *Mykotoksyny fuzaryjne w produktach przemiału ziarna jako wskaźnik jakości.*
- Banach A., Kuźniar A., Kruczyńska A., Jurczyk S., Sochaczewska A., Wolińska A.: *Wpływ nawożenia azotowego i sposobu uprawy na mikrobiom gleb rolniczych.*
- Boros-Lajszner E., Wyszowska J., Borowik A., Kucharski J.: *Oddziaływanie metali ciężkich na bakterie w ryzosferze Elymus elongatus i Zea mays.*
- Brankiewicz A., Ważny R., Jędrzejczyk R.J., Domka A., Śmieszek O., Rozpądek P.: *Poszukiwanie mechanizmów odpowiedzialnych za uwalnianie fosforu z podłoża przez mikroorganizmy.*
- Ciepiel J.: *Otoczkowanie nasion – jak zapewnić lepszy start roślinie.*
- Furtak K., Gałązka A., Gawryjolek K., Rutkowska A.: *Określenie wpływu mocznika wzbogaconego mikrobiologicznie na potencjał metaboliczny mikroorganizmów glebowych w uprawie pszenicy ozimej.*
- Furtak K., Gałązka A., Grządziel J.: *Różnorodność mikrobiomu mady bardzo lekko z Małopolskiego Przełomu Wisły oraz jego reakcja na symulowaną powódź.*
- Gawryjolek K., Gałązka A., Feledyn-Szewczyk B.: *Zawartość ogólnych oraz łatwoekstrahowalnych białek glebowych spokrewnionych z glomalinami w doświadczeniu z uprawą truskawki w systemie ekologicznym.*
- Gawryjolek K., Gałązka A., Furtak K.: *Porównanie aktywności enzymatycznej gleby uprawnej i leśnej.*

- Gawryjolek K., Gałązka A., Marzec-Grządziel A.: *Zróżnicowanie aktywności metabolicznej szczepów bakterii z rodzaju Pseudomonas.*
- Gierut-Kot A., Kafel-Krawczyk I., Góralska K., Jopek M., Ambroziak K.: *Wykorzystanie właściwości biocontrol izolatów środowiskowych w warzywnictwie.*
- Goraj W., Kuźniar A., Badaszek K., Podlewski J., Wolińska A.: *Analiza mikrobiomu serów długo-dojrzewających oraz sera pleśniowego produkowanego w Gospodarstwie Rolnym Ślesin.*
- Gryta A., Siczek A., Feledyn-Szewczyk B., Frąc M.: *Bioróżnorodność metaboliczna zbiorowisk mikroorganizmów zasiedlających liście i owoce różnych odmian truskawki w nawadnianym i nienawadnianym ekologicznym systemie produkcji.*
- Gustab M., Rozpądek P.: *Poprawa parametrów fizjologicznych roślin z gatunku Arabidopsis arenosa pod wpływem inokulacji z użyciem endofitycznych drożdży Sporobolomyces ruberrimus.*
- Jach M.E., Kubiński K., Sajnaga E., Juda M., Malm A.: *Genetyczne aspekty wykorzystania L-karnityny do produkcji biomasy białkowej przez niekonwencjonalne drożdże Yarrowia lipolytica.*
- Jałowiecki Ł., Borgula J., Płaza G., Harnisz M., Ciesielski S.: *Ścieki z komunalnej oczyszczalni ścieków jako źródło genów oporności na fluorochinolony: badania metagenomowe.*
- Konkel R., Fidor A., Grabski M., Toruńska-Sitarz A., Cegłowska M., Szubert K., Pyrc K., Mazur-Marzec H.: *Fantastyczne cyjanobakterie – jak je wykorzystać?*
- Koper P., Żebracki K., Wójcik M., Marczak M., Mazur A.: *Pangenom bakterii z rodzaju Rhizobium.*
- Kozieł M., Martyniuk S.: *Ocena wpływu inokulacji pszenicy ozimej wybranymi szczepami bakterii solubilizujących fosforany.*
- Kozieł M., Martyniuk S.: *Występowanie bakterii z rodzaju Azotobacter w różnych typach i grupach granulometrycznych gleb w Polsce.*
- Kozieł M., Martyniuk S.: *Zróżnicowanie zdolności szczepów bakterii solubilizujących fosforany do rozpuszczania fosforanu wapnia.*
- Kurzylewska M., Dworaczek K., Turska-Szewczuk A.: *Różnorodność gatunków genomowych i profili patogenności Aeromonas so. serogrupy PGO1 izolowanych z tkanek ryb hodowlanych.*
- Kuźniar A., Kruczyńska A., Jurczyk S., Banach A., Podlewski J., Słomczewski A., Wolińska A.: *Ograniczanie nawożenia azotowego zmienia sieci mikrobiomu w niszy rolniczej pod uprawą kukurydzy.*
- Marzec-Grządziel A., Gałązka A., Gawryjolek K., Furtak K., Grządziel J.: *Charakterystyka jakościowa i ilościowa bakterii obecnych w glebie ekosystemu leśnego i rolniczego.*
- Marzec-Grządziel A., Gałązka A., Grządziel J., Pawlik Ł.: *Techniki sekwencjonowania nowej generacji stosowane w badaniach nad wpływem grzybów na wietrzenie biologiczne.*
- Marzec-Grządziel A., Gałązka A.: *Sekwencjonowanie pełnego genomu bakterii z rodzaju Achromobacter wyizolowanej z ryzosfery w uprawie kukurydzy.*
- Mącik M., Gryta A., Sas-Paszt L., Frąc M.: *Ocena różnorodności genetycznej zbiorowisk bakterii w zdegradowanej glebie nawożonej fosforowym bionawozem.*

- Nowak A., Tyśkiewicz R., Ozimek E., Jaroszuk-Ściśel J.: Wpływ egzopolimerów (EPS) uzyskanych z hodowli *Penicillium paneum* Pp7 na aktywność enzymów antyoksydacyjnych (CAT, APX, GPX) w tkankach pszenicy.
- Oleszek M., Kozachok S., Pecio Ł., Oszust K., Frąc M.: Działanie specyficznych metabolitów wtórnych *Solidago virgaurea* przeciw *Fusarium oxysporum* i *Neosartorya fischeri*.
- Oszust K., Pinzari F., Frąc M.: Wpływ wybranych barwników redoks na funkcjonalność izolatów z rodzajów *Verticillium* i *Trichoderma* – aspekt metodyczny.
- Panek J., Frąc M., Treder K., Pawłowska A., Michałowska D., Vink S.N., Falcão Salles J.: Wpływ kontaminacji gleby patogenem na skład mykobiomu ryzosfery wybranych odmian ziemniaka.
- Pertile G., Frąc M.: Wpływ octu drzewnego (łac. *acetum pyro-lignosum*) na wzrost grzyba fitopatogenicznego *Botrytis cinerea*.
- Pylak M., Oszust K., Panek J., Frąc M.: Wpływ konsorcjum bakterii *Arthrobacter* sp., *Pseudomonas* sp. i *Rhodococcus* sp. na skład taksonomiczny zbiorowisk grzybów zasiedlających ryzosferę i fylosferę malin w doświadczeniu wazonowym.
- Pytlak A., Walkiewicz A., Kubaczyński A., Szafranek-Nakoneczna A.: Metanotrofia w agroekosystemach – wpływ praktyk rolniczych na skład mikrobiomów glebowych.
- Sajnaga E., Skowronek M., Kalwasińska A., Lis M., Kazimierczak W., Jach M.E.: Efekt odporności na nicianie entomopatogeniczne, a skład mikrobioty jelitowej na przykładzie larw owadów z rodziny Scarabaeidae.
- Serwecińska L., Urbaniak M., Mierzejewska E., Tołoczko W.: Zmiany w strukturze taksonomicznej bakterii i genach lekooporności w glebie nawożonej osadem ściekowym
- Siebielec S., Siebielec G., Ukalska-Jaruga A., Woźniak M., Lewicki A., Pulka J., Szufa S., Piersa P., Adrian Ł.: Opracowanie innowacyjnej technologii wytwarzania wzbogaconych mikrobiologicznie bionawozów wspomagających zrównoważoną produkcję roślinną i jej adaptację do zmian klimatu, INNO-MIK.
- Siebielec S., Siebielec G., Dach J., Janczak D., Mazurkiewicz J.: Opracowanie innowacyjnej technologii wytwarzania wzbogaconych mikrobiologicznie bionawozów wspomagających odporność warzyw w uprawie polowej na suszę, KOMPO-MIK.
- Siebielec S., Siebielec G., Gmur D.: Rola mikroorganizmów w immobilizacji i fitoekstrakcji pierwiastków ziem rzadkich.
- Siebielec S., Siebielec G., Ukalska-Jaruga A., Gałązka A., Pecio M., Grzęda E., Kozieł M., Urbaniak M.: Aktywność mikrobiologiczna i plon roślin w glebie z dodatkiem egzogennej materii organicznej.
- Siegieda D., Panek J., Frąc M.: Porównanie metod do określania różnicowej obfitości mykobiomu w ekologicznej uprawie truskawki.
- Szadziul M., Goryluk-Salmonowicz A., Zalewska M., Popowska M.: Wpływ presji antropogenicznej na bioróżnorodność gleb leśnych i ornych w Polsce.
- Szpiłska K., Oszust K., Panek J., Gryta A., Pylak M., Frąc M.: Diagnostyka molekularna grzybów z rodzaju *Pezizula* – kluczowych patogenów jabłek.

- Szumigaj-Tarnowska J., Augustyniak J., Uliński Z., Hreczuch W.: *Ocena rozwoju grzybów Trichoderma spp. w podłożu pieczarkowym poddanym dezynfekcji gazowym dwutlenkiem chloru.*
- Wielkopolan B., Szabelska-Beręsewicz A., Krawczyk K., Obrępańska-Stęplowska A.: *Wpływ insektycydów na mikrobiom larw Oulema spp.*
- Włodarczyk K., Wielbo J.: *Zróżnicowanie genetyczne populacji rizobiów funkcjonujących w warunkach wysokiej i niskiej konkurencji międzyszczepowej.*
- Woźniak M., Marzec-Grządziel A., Gałązka A., Frąc M.: *Spółeczność endofitów bakteryjnych związanych z liśćmi bioenergetycznych drzew – Paulownia elongata x fortunei.*
- Woźniak M., Tyśkiewicz R., Marzec-Grządziel A., Gałązka A., Jaroszuk-Ścisiel J.: *Potencjał bakterii endofitycznych do produkcji deaminazy ACC.*
- Wójcik M., Koper P., Żebracki K., Mazur A., Marczak M.: *Bakterie symbiotyczne roślin z terenów nieuprawianych rolniczo jako źródło genów i funkcji metabolicznych przydatnych w promowaniu wzrostu roślin.*
- Zborowska M., Wyszowska J., Borowik A., Kucharski J.: *Różnorodność mikrobiomu w glebie zanieczyszczonej bisfenolem A obsianej rzepakiem jarym i kukurydzą.*
- Żyzik M., Domka A., Rozpądek P.: *Aktywacja elongacji korzeni A. thaliana z udziałem szczepu Sporobolomyces ruberrimus jako przykład roli endofitów w promowaniu wzrostu roślin.*
- Żebracki K., Koper P., Wójcik M., Marczak M., Mazur A.: *Globalna odpowiedź transkryptomu Rhizobium leguminosarum na stres środowiskowy.*

SPIS TREŚCI

REFERATY PLENARNE:

1. MAZUR-MARZEC H.: *Cyanometabolity – strukturalna różnorodność, biologiczna aktywność i zastosowanie*..... 27
2. ROZPADEK P.: *Rola mikroorganizmów w adaptacji roślin do środowiska*..... 28
3. SZALEWSKA-PAŁASZ A., KŁOSKA A., CECZ G., NOWICKI D., MACIĄG-DORSZYŃSKA M.: *Odpowiedź bakterii środowiska morskiego na warunki stresowe* 29
4. WIELKOPOLAN B., FRĄCKOWIAK P., SZABELSKA-BERĘSEWICZ A., KRAWCZYK K., OBRĘPAŁSKA-STĘPŁOWSKA A.: *Mikrobiom owadów – jego znaczenie w interakcjach owad-roślina oraz w ochronie roślin* 30

REFERATY:

1. BARABASZ W., PIKULICKA A.: *Mykotoksyny i grzyby toksynotwórcze występujące w suszach ziół, roślinach przyprawowych i leczniczych* 33
2. Błaszczak M.K.: *Proteobacteria istotne w glebie* 35
3. CHMIEL M.J., BOROŃ P., KULIK K., PRAJSNAR J., ŻELAZNY M., LENART-BOROŃ A.: *Gradient zanieczyszczeń pochodzenia antropogenicznego wzdłuż górskiej rzeki Białki i jego wpływ na skład i funkcje populacji bakterii* 37
4. GORYLUK-SALMONOWICZ A., POPOWSKA M.: *Wpływ mikrobiomu glebowego na przeżywalność bakterii patogennych* 38
5. GRABSKI M., KOTLARSKA E., ŁUCZKIEWICZ A., WĘGRZYN G., SZYMCZYCHA B.: *Analiza metagenomiczna minimów tlenowych wskazuje na główne szlaki usuwania azotu z kolumny wody morskiej Bałtyku Właściwego*..... 39
6. KLIMEK B., NIKLIŃSKA M., PRABOWO B., PIDLUBNA P.: *Wrażliwość temperaturowa w glebach leśnych długotrwale skażonych metalami ciężkimi* 42
7. KRUCZYŃSKA A., KUŹNIAR A., SOCHACZEWSKA A., PODLEWSKI J., SŁOMCZEWSKI A., GRZĄDZIEL J., GAŁĄZKA A., WOLIŃSKA A.: *Struktura Bacteroidota w obliczu zróżnicowanych praktyk rolniczych ważnym wskaźnikiem jakości gleb*..... 43
8. LENART-BOROŃ A., BOROŃ P., PRAJSNAR J., GUZIK M., ŻELAZNY M., PUFELSKA M., CHMIEL M.J.: *Pandemia COVID-19 ujawniła skalę wpływu intensywnej turystyki na środowisko wodne obszarów górskich*..... 44
9. MAJ W., PERTILE G., FRĄC M.: *Porównanie wrażliwości zidentyfikowanych genetycznie grzybów z rodzaju Neosartorya na wybrane ekstrakty roślinne* 45
10. MALICKA M., MAGURNO F., PIOTROWSKA-SEGET Z.: *Spółeczności grzybów mykoryzowych i endofitycznych w środowisku zanieczyszczonym fenolem i węglowodorami* 46
11. OLEŃSKA E., MAŁEK W., WOŹNIAK M., GAŁĄZKA A., THUIS S., VANGRONSVELD J.: *Mikrobiom koniczyzny białej (*T. repens*) i jego bioremediacyjny potencjał* 48

12. <u>PAWŁOWSKA J.</u> , ABRAMCZYK B., BŁOCKA Z., OKRASIŃSKA A.: <i>Interakcje grzybów i bakterii w glebach zanieczyszczonych</i>	49
13. <u>SAJEWICZ-KRUKOWSKA J.</u> , MIROŚLAW P., JASTRZĘBSKI J.P., DOMAŃSKA-BLICHARZ K., TARASIUK K., MARZEC-KOTARSKA B.: <i>Analiza profili ekspresji miRNA w śledzionach kurcząt zakażonych astrowirusem kurzym</i>	50
14. <u>SUŁOWICZ S.</u> , MARKOWICZ A., DULSKI M., NOWAK A., BONDARCZUK K., BORYMSKI S.: <i>Wpływ nanofungicydów na mikrobiom glebowy</i>	52
15. <u>TARNAWSKA P.</u> , SWIONTEK BRZEZIŃSKA M., PAŁUBICKA K., KRAJNIAK K., BURKOWSKA-BUT A., ŚWIĄTCHAK J., DEMBIŃSKA K., KALWASIŃSKA A.: <i>Substancje bioaktywne z rodziny Brassicaceae jako alternatywa dla syntetycznych fungicydów i ich wpływ na różnorodność grzybów glebowych</i>	53
16. <u>WAŻNY R.</u> , JĘDRZEJCZYK R.J., DOMKA A., KOSOWICZ W., PLISZKO A., ŚMIESZEK O., ROZPĄDEK P.: <i>Jak metale toksyczne zmieniają mykobiom rośliny?</i>	55
17. <u>WOLIŃSKA A.</u> , KRUCZYŃSKA A., GRZĄDZIEL J., GAŁĄZKA A., KUŹNIAR A.: <i>Metagenomiczne, funkcjonalne i sezonowe rozpoznanie mikrobiomu zasiedlającego osady denne Stawu Kardynalskiego w Ślesinie</i>	56

POSTERY:

1. <u>ALEKSANDROWICZ E.</u> : <i>Mykotoksyny fuzaryjne w produktach przemiatu ziarna jako wskaźnik jakości</i>	59
2. <u>BAĆMAGA M.</u> , WYSZKOWSKA J., KUCHARSKI J., BOROWIK A.: <i>Rola typu siedliska leśnego w kształtowaniu właściwości mikrobiologicznych i enzymatycznych gleby</i>	60
3. <u>BANACH A.</u> , KUŹNIAR A., KRUCZYŃSKA A., JURCZYK S., SOCHACZEWSKA A., WOLIŃSKA A.: <i>Wpływ nawożenia azotowego i sposobu uprawy na mikrobiom gleb rolniczych</i>	61
4. <u>BOHACZ J.</u> , MOŹEJKO M.: <i>Kształtowanie się różnorodności grzybów glebowych pod wpływem wprowadzonego hydrolizatu keratynowego</i>	62
5. <u>BOROS-LAJSZNER E.</u> , WYSZKOWSKA J., BOROWIK A., KUCHARSKI J.: <i>Oddziaływanie metali ciężkich na bakterie w ryzosferze <i>Elymus elongatus</i> i <i>Zea mays</i></i>	63
6. <u>BRANKIEWICZ A.</u> , WAŻNY R., JĘDRZEJCZYK R.J., DOMKA A., ŚMIESZEK O., ROZPĄDEK P.: <i>Poszukiwanie mechanizmów odpowiedzialnych za uwalnianie fosforu z podłoża przez mikroorganizmy</i>	64
7. <u>CIEPIEL J.</u> : <i>Otoczkowanie nasion – jak zapewnić lepszy start roślinie</i>	65
8. <u>FRĄC M.</u> , GRYTA A., PIOTROWSKA-DŁUGOSZ A.: <i>Analiza metataksonomiczna zbiorowisk grzybów w profilu gleby płowej pod uprawą pszenicy</i>	66
9. <u>FURTAK K.</u> , GAŁĄZKA A., GRZĄDZIEL J.: <i>Różnorodność mikrobiomu mady bardzo lekkiej z Małopolskiego Przełomu Wisły oraz jego reakcja na symulowaną powódź</i>	67
10. <u>FURTAK K.</u> , GAŁĄZKA A., GAWRYŁOŁEK K., RUTKOWSKA A.: <i>Określenie wpływu mocznika wzbogaconego mikrobiologicznie na potencjał metaboliczny mikroorganizmów glebowych w uprawie pszenicy ozimej</i>	68

11. <u>GAŁĄZKA A.</u> , MARZEC-GRZĄDZIEL A., VARSADIYA M., GRZĄDZIEL J., PAWLIK Ł.: <i>Różnorodność i aktywność grzybów pod drzewami jako wskaźnik potencjalnego wietrzenia biologicznego i formowania gleby.</i>	69
12. <u>GAŁĄZKA A.</u> , MARZEC-GRZĄDZIEL A., VARSADIYA M., NIEDŹWIECKI J., GAWRYJOŁEK K., FURTAK K., PRZYBYŚ M., GRZĄDZIEL J.: <i>Populacja grzybów związanych z korzeniami i ich potencjał metaboliczny w glebie ze strefy okółokorzeniowej olszy czarnej, brzozy brodawkowatej i sosny zwyczajnej.</i>	70
13. <u>GAWRYJOŁEK K.</u> , GAŁĄZKA A., FURTAK K.: <i>Porównanie aktywności enzymatycznej gleby uprawnej i leśnej.</i>	71
14. <u>GAWRYJOŁEK K.</u> , GAŁĄZKA A., FELEDYN-SZEWczyk B.: <i>Zawartość ogólnych oraz łatwoekstrahowalnych białek glebowych spokrewnionych z glomalinami w doświadczeniu z uprawą truskawki w systemie ekologicznym.</i>	72
15. <u>GAWRYJOŁEK K.</u> , GAŁĄZKA A., MARZEC-GRZĄDZIEL A.: <i>Zróźnicowanie aktywności metabolicznej szczepów bakterii z rodzaju Pseudomonas.</i>	73
16. <u>GIERUT-KOT A.</u> , KAFEL-KRAWczyk I., GÓRALSKA K., JOPEK M., AMBROZIAK K.: <i>Wykorzystanie właściwości biocontrol izolatów środowiskowych w warzywnictwie.</i>	74
17. <u>GORAJ W.</u> , KUŹNIAR A., BADASZEK K., PODLEWSKI J., WOLIŃSKA A.: <i>Analiza mikrobiomu serów długo-dojrzewających oraz sera pleśniowego produkowanego w Gospodarstwie Rolnym Ślesin.</i>	75
18. <u>GRYTA A.</u> , SICZEK A., FELEDYN-SZEWczyk B., FRĄC M.: <i>Bioróżnorodność metaboliczna zbiorowisk mikroorganizmów zasiedlających liście i owoce różnych odmian truskawki w nawadnianym i nienawadnianym ekologicznym systemie produkcji.</i>	76
19. <u>GUSTAB M.</u> , ROZPADEK P.: <i>Poprawa parametrów fizjologicznych roślin z gatunku Arabidopsis arenosa pod wpływem inokulacji z użyciem endofitycznych drożdży Sporobolomyces ruberrimus.</i>	77
20. <u>JACH M.E.</u> , KUBIŃSKI K., SAINAGA E., JUDA M., MALM A.: <i>Genetyczne aspekty wykorzystania L-karnityny do produkcji biomasy białkowej przez niekonwencjonalne drożdże Yarrowia lipolytica.</i>	78
21. <u>JAŁOWIECKI Ł.</u> , BORGULAT J., PŁAZA G., HARNISZ M., CIESIELSKI S.: <i>Ścieki z komunalnej oczyszczalni ścieków jako źródło genów oporności na fluorochinolony: badania metagenomowe.</i>	79
22. <u>JANCZAREK M.</u> , KOZIEŁ M., KALITA M.: <i>Analiza molekularna genów uczestniczących w adaptacji bakterii Rhizobium leguminosarum do niskich temperatur.</i>	80
23. <u>JAROSZUK-ŚCIEŚŁ J.</u> , NOWAK A., KUTYRIEVA N., PERZANOWSKI M., SŁOMKA A.: <i>Potencjał stymulacyjny i bioremediacyjny niepatogenicznego, endofitycznego szczepu Fusarium oxysporum DEMFo14 zależny od warunków hodowli i obecności metalu ciężkiego (Cd, Pb, lub Zn).</i>	82
24. <u>JONIEC J.</u> , NOWAK M., KOWALCZYK K., KWIATKOWSKA E., KWIATKOWSKI C.: <i>Reakcja populacji mikroorganizmów glebowych na nawiezenie gleby odpadem popieczarkowym.</i>	83

25. <u>KALITA M.</u> , WDOVIK-WRÓBEL S., MAREK-KOZACZUK M., SOKOŁOWSKI W., DI IORIO E., DE CASTRO O., MANZO E.: <i>Analiza filogenetyczna endofitycznych promieniowców z rodzaju <i>Micromonospora</i> wyizolowanych z brodawek korzeniowych janowca barwierskiego (<i>Genista tinctoria</i>) rosnącego w południowych Włoszech</i>	84
26. <u>KONKEL R.</u> , FIDOR A., GRABSKI M., TORUŃSKA-SITARZ A., CEGŁOWSKA M., SZUBERT K., PYRĆ K., MAZUR-MARZEC H.: <i>Fantastyczne cyjanobakterie – jak je wykorzystać?</i>	85
27. <u>KOPER P.</u> , ŻEBRACKI K., WÓJCIK M., MARCZAK M., MAZUR A.: <i>Pangenom bakterii z rodzaju <i>Rhizobium</i></i>	86
28. <u>KOZIEŁ M.</u> , MARTYNIUK S.: <i>Ocena wpływu inokulacji pszenicy ozimej wybranymi szczepami bakterii solubilizujących fosforany</i>	87
29. <u>KOZIEŁ M.</u> , MARTYNIUK S.: <i>Występowanie bakterii z rodzaju <i>Azotobacter</i> w różnych typach i grupach granulometrycznych gleb w Polsce</i>	88
30. <u>KOZIEŁ M.</u> , MARTYNIUK S.: <i>Zróżnicowanie zdolności szczepów bakterii solubilizujących fosforany do rozpuszczania fosforanu wapnia</i>	89
31. <u>KURZYLEWSKA M.</u> , DWORACZEK K., TURSKA-SZEWCUK A.: <i>Różnorodność gatunków genomowych i profili patogenności <i>Aeromonas</i> so. serogrupy PGO1 izolowanych z tkanek ryb hodowlanych</i>	90
32. <u>KUŹNIAR A.</u> , KRUCZYŃSKA A., JURCZYK S., BANACH A., PODLEWSKI J., SŁOMCZEWSKI A., WOLIŃSKA A.: <i>Ograniczanie nawożenia azotowego zmienia sieci mikrobiomu w niszy rolniczej pod uprawą kukurydzy</i>	91
33. <u>MAJEWSKA M.</u> , SITARZ K., ADAMCZUK P., NOWAK A.: <i>Gleby industrioziemne jako źródło mikroorganizmów o potencjale biotechnologicznym</i>	92
34. <u>MARZEC-GRZĄDZIEL A.</u> , GAŁĄZKA A., GAWRYJOŁEK K., FURTAK K., GRZĄDZIEL J.: <i>Charakterystyka jakościowa i ilościowa bakterii obecnych w glebie ekosystemu leśnego i rolniczego</i>	93
35. <u>MARZEC-GRZĄDZIEL A.</u> , GAŁĄZKA A.: <i>Sekwencjonowanie pełnego genomu bakterii z rodzaju <i>Achromobacter</i> wyizolowanej z ryzosfery w uprawie kukurydzy</i>	94
36. <u>MARZEC-GRZĄDZIEL A.</u> , GAŁĄZKA A., GRZĄDZIEL J., PAWLIK Ł.: <i>Techniki sekwencjonowania nowej generacji stosowane w badaniach nad wpływem grzybów na wietrzenie biologiczne</i>	95
37. <u>MACIK M.</u> , GRYTA A., SAS-PASZT L., FRĄC M.: <i>Ocena różnorodności genetycznej zbiorowisk bakterii w zdegradowanej glebie nawożonej fosforowym bionawozem</i>	96
38. <u>NOWAK A.</u> , TYŚKIEWICZ R., OZIMEK E., JAROSZUK-ŚCISEŁ J.: <i>Wpływ egzopolimerów (EPS) uzyskanych z hodowli <i>Penicillium paneum</i> Pp7 na aktywność enzymów antyoksydacyjnych (CAT, APX, GPX) w tkankach pszenicy</i>	97
39. <u>OLESEK M.</u> , KOZACHOK S., PECIO Ł., OSZUST K., FRĄC M.: <i>Działanie specyficznych metabolitów wtórnych <i>Solidago virgaurea</i> przeciw <i>Fusarium oxysporum</i> i <i>Neosartorya fischeri</i></i>	100
40. <u>OSZUST K.</u> , PINZARI F., FRĄC M.: <i>Wpływ wybranych barwników redoks na funkcjonalność izolatów z rodzajów <i>Verticillium</i> i <i>Trichoderma</i> – aspekt metodyczny</i>	99

41. <u>PANEK J., FRĄC M., TREDER K., PAWŁOWSKA A., MICHAŁOWSKA D., VINK S.N., FALCÃO SALLES J.:</u> <i>Wpływ kontaminacji gleby patogenem na skład mykobiomu ryzosfery wybranych odmian ziemniaka.....</i>	100
42. <u>PERTILE G., FRĄC M.:</u> <i>Wpływ octu drzewnego (łac. acetum pyro-lignosum) na wzrost grzyba fitopatogenicznego Botrytis cinerea.....</i>	101
43. <u>PYŁAK M., OSZUST K., PANEK J., FRĄC M.:</u> <i>Wpływ konsorcjum bakterii Arthrobacter sp., Pesudomonas sp. i Rhodococcus sp. na skład taksonomiczny zbiorowisk grzybów zasiedlających ryzosferę i fylosferę malin w doświadczeniu wazonowym.....</i>	102
44. <u>PYTLAK A., WALKIEWICZ A., KUBACZYŃSKI A., SZAFRANEK-NAKONIECZNA A.:</u> <i>Metanotrofia w agroekosystemach – wpływ praktyk rolniczych na skład mikrobiomów glebowych.....</i>	103
45. <u>SAJNAGA E., SKOWRONEK M., KALWASIŃSKA A., LIS M., KAZIMIERCZAK W., JACH M.E.:</u> <i>Efekt odporności na nicień entomopatogeniczne, a skład mikrobioty jelitowej na przykładzie larw owadów z rodziny Scarabaeidae</i>	104
46. <u>SAS-PASZT L., TRZCIŃSKI P., LISEK A., GŁUSZEK S., GÓRNIK K., SUMOROK B., DERKOWSKA E., FRĄC M., PRZYBYŁ M., WESZCZAK K.:</u> <i>Selekcja szczepów bakterii do hydropogonicznej uprawy sałaty rzymskiej.....</i>	105
47. <u>SERWECIŃSKA L., URBANIAK M., MIERZEJEWSKA E., TOŁOCZKO W.:</u> <i>Zmiany w strukturze taksonomicznej bakterii i genach lekooporności w glebie nawożonej osadem ściekowym</i>	106
48. <u>SIEBIELEC S., SIEBIELEC G., UKALSKA-JARUGA A., GAŁĄZKA A., PECIO M., GRZĘDA E., KOZIEŁ M., URBANIAK M.:</u> <i>Aktywność mikrobiologiczna i plon roślin w glebie z dodatkiem egzogennej materii organicznej.....</i>	107
49. <u>SIEBIELEC S., SIEBIELEC G., DACH J., JANCZAK D., MAZURKIEWICZ J.:</u> <i>Opracowanie innowacyjnej technologii wytwarzania wzbogaconych mikrobiologicznie bionawozów wspomagających odporność warzyw w uprawie polowej na suszę, KOMPO-MIK</i>	108
50. <u>SIEBIELEC S., SIEBIELEC G., UKALSKA-JARUGA A., WOŹNIAK M., LEWICKI A., PUŁKA J., SZUFA S., PIERA P., ADRIAN Ł.:</u> <i>Opracowanie innowacyjnej technologii wytwarzania wzbogaconych mikrobiologicznie bionawozów wspomagających zrównoważoną produkcję roślinną i jej adaptację do zmian klimatu, INNO-MIK.....</i>	109
51. <u>SIEBIELEC S., SIEBIELEC G., GMUR D.:</u> <i>Rola mikroorganizmów w immobilizacji i fitoekstrakcji pierwiastków ziem rzadkich.</i>	110
52. <u>SIEGIEDA D., PANEK J., FRĄC M.:</u> <i>Porównanie metod do określania różnicowej obfitości mykobiomu w ekologicznej uprawie truskawki.....</i>	111
53. <u>SZADZIUL M., GORYLUK-SALMONOWICZ A., ZALEWSKA M., POPOWSKA M.:</u> <i>Wpływ presji antropogenicznej na bioróżnorodność gleb leśnych i ornych w Polsce</i>	112
54. <u>SZPIŁSKA K., OSZUST K., PANEK J., GRYTA A., PYŁAK M., FRĄC M.:</u> <i>Diagnostyka molekularna grzybów z rodzaju Pezizula – kluczowych patogenów jabłek.....</i>	113

55. <u>SZUMIGAJ-TARNOWSKA J.</u> , AUGUSTYNIAK J., ULIŃSKI Z., HRECZUCH W.: <i>Ocena rozwoju grzybów <i>Trichoderma spp.</i> w podłożu pieczarkowym poddanym dezynfekcji gazowym dwutlenkiem chloru</i>	114
56. TYŚKIEWICZ R., NOWAK A., OZIMEK E., PATKOWSKA E., <u>JAROSZUK-ŚCISEŁ J.</u> : <i>Indukcja odporności pszenicy przez wyizolowane z ryzosfery <i>Scorzonera hispanica</i> L. szczepy należące do trzech gatunków <i>Trichoderma</i>: <i>T. velutinum</i>, <i>T. brevicompactum</i>, <i>T. koningiopsis</i></i>	115
57. <u>WDOWIAK-WRÓBEL S.</u> , MAREK- KOZACZUK M., KARAŚ M., KALITA M., SOKOŁOWSKI W.: <i>Analiza filogenetyczna endofitycznych szczepów rodzaju <i>Pseudomonas</i>, wyizolowanych z brodawek korzeniowych <i>Chamaecytisus albus</i></i>	116
58. <u>WIELKOPOLAN B.</u> , SZABELSKA-BERĘSEWICZ A., KRAWCZYK K., OBRĘPAŁSKA-STĘPŁOWSKA A.: <i>Wpływ insektycydów na mikrobiom larw <i>Oulema spp.</i></i>	117
59. <u>WŁÓDARCZYK K.</u> , WIELBO J.: <i>Zróżnicowanie genetyczne populacji rizobiów funkcjonujących w warunkach wysokiej i niskiej konkurencji międzyszczepowej</i>	118
60. <u>WÓJCIK M.</u> , KOPER P., ŻEBRACKI K. MAZUR A., MARCZAK M.: <i>Bakterie symbiotyczne roślin z terenów nieuprawianych rolniczo jako źródło genów i funkcji metabolicznych przydatnych w promowaniu wzrostu roślin</i>	119
61. <u>WOŹNIAK M.</u> , TYŚKIEWICZ R., MARZEC-GRZĄDZIEL A., GAŁĄZKA A., JAROSZUK-ŚCISEŁ J.: <i>Potencjał bakterii endofitycznych do produkcji deaminazy ACC</i>	120
62. <u>WOŹNIAK M.</u> , MARZEC-GRZĄDZIEL A., GAŁĄZKA A., FRĄC M.: <i>Spółeczność endofitów bakteryjnych związanych z liśćmi bioenergetycznych drzew – <i>Paulownia elongata x fortunei</i></i>	121
63. <u>ZBOROWSKA M.</u> , WYSZKOWSKA J., BOROWIK A., KUCHARSKI J.: <i>Różnorodność mikrobiomu w glebie zanieczyszczonej bisfenolem A obsianej rzepakiem jarym i kukurydzą</i>	122
64. <u>ZYLIK M.</u> , DOMKA A., ROZPĄDEK P.: <i>Aktywacja elongacji korzeni <i>A. thaliana</i> z udziałem szczepu <i>Sporobolomyces ruberrimus</i> jako przykład roli endofitów w promowaniu wzrostu roślin</i>	123
65. <u>ŻEBRACKI K.</u> , KOPER P., WÓJCIK M., MARCZAK M., MAZUR A.: <i>Globalna odpowiedź transkryptomu <i>Rhizobium leguminosarum</i> na stres środowiskowy</i>	124

FIRMY	125
--------------------	------------



REFERATY PLENARNE

Cyanometabolity – strukturalna różnorodność, biologiczna aktywność i zastosowanie

HANNA MAZUR-MARZEC

Zakład Biotechnologii Morskiej, Wydział Oceanografii i Geografii, Uniwersytet

Strukturalna różnorodność oraz biologiczna aktywność metabolitów cyjanobakterii jest tematem wiodącym prac prowadzonych przez wiele grup badaczy na całym świecie. Początkowo zainteresowanie tymi związkami skupiało się na ich negatywnym wpływie na organizmy. Badania prowadzone w Zakładzie Biotechnologii Morskiej Uniwersytetu Gdańskiego udokumentowały dużą metaboliczną międzygatunkową i wewnątrzgatunkową różnorodność cyjanobakterii bałtyckich. Wykazano, iż profile produkowanych metabolitów są cechą unikalną dla danej subpopulacji. Fakt ten znalazł zastosowanie w wielu pracach środowiskowych. W ostatnich latach wzrasta również zainteresowanie biotechnologicznym zastosowaniem tych związków. Najwięcej uwagi poświęcono cyjanopeptydom, zarówno produkowanym rybosomalnie, jak i pozarybosomowo. Identyfikowane peptydy często należą do związków biologicznie aktywnych, przy czym działanie cytotoksyczne, antywirusowe oraz aktywność względem ważnych enzymów metabolicznych odnotowuje się najczęściej.

Poza wymienionymi badaniami, w ramach wystąpienia zostanie omówiona struktura, zasoby oraz możliwości wykorzystania ogólnodostępnej bazy cyanometabolitów CyanoMetDB. W bazie tej wykorzystano biblioteki cyanometabolitów utworzonych przez naukowców z różnych ośrodków na świecie. Zasoby CyanoMetDB, w których znajduje się również ponad 100 peptydów wykrytych u cyjanobakterii bałtyckich, włączono do Natural Product Atlas DB.

Cyanometabolites – structural diversity, biological activity and application

Structural diversity and biological activity of cyanobacterial metabolites have been widely explored by many research groups. Initially, the studies were mainly focused on toxic compounds and their harmful effects on humans and animals. In the Division of Marine Biotechnology, University of Gdańsk high inter and intraspecies metabolic diversity of Baltic cyanobacteria was documented. It was revealed that the metabolic profile is a subpopulation-specific trait, and can be used in different environmental studies. More recently, biotechnological and pharmaceutical potential of the compounds have started to attract increasing attention. In these studies, the ribosomal and non-ribosomal peptides were found to be most promising. Significant number of the detected peptides shows potent biologically active and has an effect on cancer cells, viruses or key metabolic enzymes.

Based on the libraries of cyanobacteria metabolites created by different researchers, a CyanoMetDB was established. This data base includes over 100 peptides detected in the Baltic cyanobacteria, and was incorporated into an existing Natural Product Atlas DB.

The study was supported by NCN grant No 2019/33/B/NZ9/02018 and 2016/21/B/NZ9/02304

Rola mikroorganizmów w adaptacji roślin do środowiska

PIOTR ROZPĄDEK

Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

Sporobolomyces ruberrimus, endofityczny gatunek drożdży z gromady basidiomycota został wyizolowany z *Arabidopsis arenosa*. Na podstawie przeprowadzonych badań potwierdzono obecność tego mikroorganizmu we wszystkich badanych populacjach Rzeżusznika. Inokulacja roślin mikroorganizmem chroniła gospodarza przed negatywnym wpływem metali ciężkich. Jednym z aspektów tego oddziaływania było ograniczenie poboru metali przez roślinę. Przeprowadzone badania jednoznacznie pokazują, że do zahamowania poboru metali przez roślinę konieczna jest ingerencja mikroorganizmu w homeostazę etylenu roślin. Zastosowanie inhibitora syntezy etylenu, a także mutacje w kanonicznych genach sygnalizacji etylenowej zapobiegały hamowaniu poboru metali przez roślinę. Drugim aspektem oddziaływania było unieruchomienie metali przez mikroorganizm w podłożu. Ekspresja wybranych genów homeostazy Fe była skorelowana z fenotypem akumulacji metali w roślinach WT i *etr1-1*, *ein3-1* i *ein2-1*. Dodatkowo, zahamowanie ekspresji genu transportera regulowanego żelazem 1 (IR1) okazało się niezbędne do zahamowania poboru metali przez rośliny. Przeprowadzone badanie ukazuje rolę mikroorganizmów w adaptacji roślin do środowisk skażonych metalami ciężkimi.

Badania były finansowane przez NCN (2017/27/B/NZ8/01199 i 2019/33/B/NZ9/01372)

The role of microorganisms in plant adaptation to metal toxicity?

Sporobolomyces ruberrimus, an endophytic yeast species from the basidiomycota phylum, was isolated from *Arabidopsis arenosa*. On the basis of the metagenomic studies, the presence of this microorganism was confirmed in all the studied populations of *Arabidopsis*. The inoculation of plants with the microorganism protected the host against the negative impact of heavy metals. One aspect of this impact was the reduction of metal uptake by the plant. The conducted research clearly shows that in order to inhibit metal uptake by the plant, it is necessary for the microorganism to interfere in the plant ethylene homeostasis. The use of an ethylene synthesis inhibitor as well as loss of function mutations in canonical ethylene signaling genes prevented the inhibition of metal uptake by the plant. The second aspect of the interaction was the immobilization of metals by the microorganism in the substrate. The expression of selected Fe homeostasis genes was significantly altered in plants inoculated with *S. ruberrimus*. Most importantly, however, the expression profile of these genes in WT and *etr1-1*, *ein3-1* and *ein2-1* plants was consistent with the phenotype of metal accumulation in plants. Additionally, inhibition of the expression of the iron-regulated transporter 1 (IR1) gene proved necessary to inhibit metal uptake by plants. The conducted research shows the role of microorganisms in plant adaptation to environments contaminated with heavy metals.

This work was supported by NCN (2017/27/B/NZ8/01199 and 2019/33/B/NZ9/01372)

Odpowiedź bakterii środowiska morskiego na warunki stresowe

AGNIESZKA SZALEWSKA-PAŁASZ¹, ANNA KŁOSKA², GRZEGORZ CECH¹,
DARIUSZ NOWICKI¹, MONIKA MACIĄG-DORSZYŃSKA¹

¹Katedra Genetyki Molekularnej Bakterii, Uniwersytet Gdański

²Katedra Biologii i Genetyki Medycznej, Uniwersytet Gdański

Bakterie zamieszkujące różne środowiska rozwinęły liczne sposoby radzenia sobie z rozmaitymi stanami stresu, jak ograniczenie dostępu do substancji pokarmowych czy stesy fizykochemiczne. Na poziomie molekularnym, odpowiedź bakterii na te stesy badana była dotychczas głównie na bakteriach modelowych. Dlatego, w naszej pracy podjęliśmy się charakterystyki odpowiedzi bakterii morskich na dwa typowe dla tego środowiska stesy: zmiany osmotyczne i obniżenie temperatury. Badania prowadzone były na trzech reprezentantach bakterii bytujących w różnych morskich środowiskach: *Shewanella baltica*, *Vibrio harveyi* i *Aliivibrio fischeri*. Analizy proteomiczne bakterii hodowanych w niskim i wysokim zasoleniu wykazały przystosowania na wszystkich poziomach procesów biologicznych (jak topologia DNA, regulacji ekspresji genów, transport i metabolizm komórkowy). Ponadto, wiele z tych strategii wykazywało podobieństwa w obydwóch rodzajach stresu osmotycznego. Scharakteryzowaliśmy również odpowiedź na poziomie transkryptomu *S. baltica* na stres zimna, wykazując szeroki zakres genów o obniżonej ekspresji (70% wszystkich genów, w tym odpowiedzialne za degradację kwasów tłuszczowych, metabolizm aminokwasów, systemy sekrecji). Wyniki naszych badań wskazują na bardzo wysokie zdolności przystosowawcze bakterii morskich do zmian w ich środowisku i wyzwań w postaci warunków stresowych.

The response of marine bacteria to stress conditions

Bacteria inhabiting diverse conditions developed numerous ways of dealing with various stressors, including the availability of nutrients or physico-chemical stresses. On the molecular level, specific responses to these stresses have been mainly investigated in terrestrial model bacteria. Thus, in our work we aimed to characterize the response of marine bacteria to two common stresses: osmotic challenge and temperature down-shift, using transcriptomic and proteomic approach. The objects of our studies were three representatives of bacteria inhabiting various marine environments, *Shewanella baltica*, *Vibrio harveyi* and *Aliivibrio fischeri*. The proteomic studies performed with bacteria cultivated in increased and decreased salinity, showed that bacteria adjust at all levels of their biological processes, from DNA topology through gene expression regulation, to transport and cellular metabolism. Moreover, many similar adaptation strategies were observed for both low- and high-salinity conditions. We also characterized transcriptional response of *S. baltica* to cold stress to achieve a better insight into mechanisms of its adaptation. We found that *S. baltica* general response to cold stress leads to the massive downregulation of gene expression, which covered about 70% of differentially expressed genes, fatty acid degradation, amino acid metabolism and a bacterial secretion system, among others. Our findings indicate how versatile are marine bacteria in adaptation to the variation in the environment and stress conditions.

Mikrobiom owadów – jego znaczenie w interakcjach owad-roślina oraz w ochronie roślin

BEATA WIELKOPOLAN¹, PATRYK FRĄCKOWIAK, ALICJA SZABELSKA-BERĘSEWICZ²,
KRZYSZTOF KRAWCZYK², ALEKSANDRA OBRĘPALSKA-STĘPŁOWSKA¹

¹Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań,

²Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań,

Owady stanowią największą i najbardziej zróżnicowaną grupę szkodników roślinnych. Zasocjowane są z szeregiem mikroorganizmów, które mogą stanowić patogeny roślin lub owadów. Część z nich zaś stanowią symbionty owadzie, niekiedy o kluczowej roli dla biologii ich owadzych gospodarzy. Bakterie zasocjowane z owadami mogą pełnić również istotną rolę modulującą odpowiedź rośliny na atak szkodników owadzych. Badania prowadzone nad mikrobiomem dwóch gatunków chrząszczy z rodziny Chrysomelidae wykazały, że mogą mieć one bardzo duże znaczenie dla wielu aspektów ochrony roślin. Charakterystyka mikrobiomu skrzypionki zbożowej (*Oulema melanopus*) wykazała dużą zmienność i dynamikę uwarunkowaną szeregiem czynników wynikających z biologii owada. Wykazano, że owad ten może przenosić patogeny, a zasocjowane z nim symbionty wpływają istotnie na transkryptom atakowanych roślin, w niektórych przypadkach odwracając zmiany ekspresji genów rośliny indukowane przez samego owada. Wyniki analiz wskazują, że bakterie związane z owadem są ważnym czynnikiem adaptacji do warunków środowiskowych, ułatwiając przyswajanie pokarmu roślinnego, detoksyfikację ksenobiotyków i łagodząc mechanizmy obronne roślin skierowane przeciw owadom, przyczyniając się w ten sposób do sukcesu ewolucyjnego swoich gospodarzy.

Finansowanie NCN-2016/23/B/NZ9/03503 i działalność statutowa BIOTECHI

The insect microbiome – its importance in insect-plant interactions and plant protection

Insects are the largest and most diverse group of plant pests. They are associated with a wide range of microorganisms that may constitute plant or insect pathogens. Some of them are insect symbionts with a vital role in their insect host biology. Insect-associated bacteria may also play an important role in modulating the plant's response to insect pest attacks. Studies conducted on the microbiome of two species of beetles (Coleoptera) in the family Chrysomelidae have shown that they can be very important for various aspects of plant protection. The characterization of the microbiome of the cereal leaf beetle (*Oulema melanopus*) showed high variability and dynamics determined by a number of factors resulting from the biology of the insect. It was shown that this insect can transmit pathogens, and its symbionts significantly affect the transcriptome of attacked plants, in some cases reversing changes in plant gene expression induced by the insect itself. The results of the analyses indicate that insect-associated bacteria are an important factor in the insect adaptation to environmental conditions, facilitating plant food assimilation, detoxification of xenobiotics, and mitigation of plant defenses directed against insects, thus contributing to the evolutionary success of their hosts.

Funded by NCN – 2016/23/B/NZ9/03503 and statutory activity BIOTECHI



REFERATY

Mykotoksyny i grzyby toksynotwórcze występujące w suszach ziół, roślinach przyprawowych i leczniczych

WIESŁAW BARABASZ, ANNA PIKULICKA

Państwowa Wyższa Szkoła Wschodnioeuropejska w Przemysłu

Zioła są powszechnie stosowane w ziołolecznictwie, gospodarstwie domowym, farmacji oraz w przemyśle kosmetycznym nie tylko z uwagi na ich niepowtarzalny aromat, ale także ze względu na obecność w ich składzie związków biologicznie czynnych. Jednakże, podobnie jak wiele innych płodów rolnych, zioła są narażone na różnego rodzaju zanieczyszczenia mikrobiologiczne, które w znacznym stopniu zależą od warunków środowiska. Zanieczyszczenie to może nastąpić w każdym momencie, począwszy od rozwoju rośliny na polu, poprzez zbiór, jak też w trakcie obróbki, produkcji, przechowywania oraz transportu gotowego produktu. Wyniki badań wielu autorów wskazują, że spośród czynników biologicznych znaczny stopień zanieczyszczenia tych produktów stanowi mikroflora należąca do grzybów mikroskopowych, potocznie zwanych pleśniami. Wywołują one alergie, a ich wtórne metabolity – mykotoksyny mogą być przyczyną wielu chorób oraz zatruc o charakterze ostrym, podostym lub przewlekłym, wykazują także działanie kancerogenne, teratogenne, genotoksyczne, mutagenne, immunotoksyczne i neurotoksyczne. W przeprowadzonych badaniach przebadano 25 oryginalnych pudełek z torebkami suszy ziół, przypraw i roślin leczniczych zakupionych w sklepach zielarskich, aptekach i supermarketach na terenie Przemysłu, były to: koszyczek arniki, koszyczek nagietka, koszyczek rumianku, liść pokrzywy, liść rozmarynu, liść podbiału, owoc kminku, owoc lnu, owoc kopru włoskiego, kwiat róży, kwiat lawendy, kwiat lipy, kwiat bzu czarnego, korzeń żywokostu, korzeń prawoślazu, korzeń pierwiosnka, korzeń robinii drobnolistnej, korzeń rzewienia, korzeń mniszka, kłącze tataraku, kora dębu, kora kaliny koralowej, kora kruszyny, ziele kozieradki, ziele skrzypu. W wyniku przeprowadzonych analiz mykologicznych stwierdzono, że prawie wszystkie susze były zanieczyszczone grzybami pleśniowymi wśród których dominowały gatunki z rodzaju: *Absidia*, *Alternaria*, *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Mucor*, *Penicillium*, *Rhizopus*, *Verticillium*, *Tielaviopsis*, *Trichoderma*, *Zygorhynchus*. Susze ze względu na liczbę oznaczonych pleśni podzielono na trzy grupy: grupa I – liczba pleśni < 100 jtk, grupa II – liczba pleśni 10^2 – 10^3 jtk, grupa III – liczba pleśni > 10^3 jtk. Liczba pleśni w większości suszy (60%) mieściła się w grupie II. Wśród pleśni dominowały gatunki z rodzaju *Fusarium* (40%), *Aspergillus* (30%) i *Penicillium* (20%). Niepokojącym jest fakt stwierdzenia dużej ilości grzybów z rodzaju *Fusarium*, bowiem większość z nich ma udowodniona zdolność do wytwarzania groźnych mykotoksyn. Wśród przebadanych ziół, przypraw i roślin leczniczych największą liczbę grzybów pleśniowych stwierdzono u tych, które pozyskano z korzeni i kłączy, a najmniejszą z liści i kwiatów.

Mycotoxins and toxic fungi occurring in dried herbs, spice and medicinal plants

Herbs are widely used in herbal medicine, household, pharmacy and in the cosmetics industry not only because of their unique aroma, but also due to the presence of biologically active compounds in their composition. However, like many other agricultural crops, herbs are exposed to various types of microbial contamination that are highly dependent on environmental conditions. This contamination can occur at any time, from the development of the plant in the field, through harvesting, as well as during processing, production, storage and transport of the finished product. The results of the research conducted by many authors indicate that among the biological factors, a significant degree of contamination of these products is the microflora belonging to microscopic fungi, commonly known as molds. They cause allergies, and their secondary metabolites – mycotoxins, can cause many diseases and poisoning of acute, subacute or chronic nature, they also show carcinogenic, teratogenic, genotoxic, mutagenic, immunotoxic and neurotoxic effects. In the conducted research, 25 original boxes with bags of dried herbs purchased in herbal shops, pharmacies and supermarkets in Przemyśl were tested, they were: arnica basket, calendula basket, chamomile basket, nettle leaf, rosemary leaf, coltsfoot leaf, caraway fruit, flax fruit, fennel fruit, rose flower, lavender flower, linden flower, elder flower, comfrey root, marshmallow root, primula root, small-leaved robinia root, rooting root, dandelion root, calamus rhizome, oak bark, coral viburnum bark, buckthorn bark, herb fenugreek, horsetail herb. As a result of the mycological analyzes carried out, it was found that almost all droughts were contaminated with mold fungi, among which species of the genus *Absidia*, *Alternaria*, *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Mucor*, *Penicillium*, *Rhizopus*, *Verticillium*, *Tielaviopsis*, *Trichoderma*, and *Zygorhynchus* dominated. Due to the number of marked molds, droughts were divided into three groups: group I – number of molds <100 CFU, group II – number of molds 10^2 – 10^3 CFU, group III – number of molds $>10^3$ CFU. The number of molds in most droughts (60%) was in group II. The molds were dominated by species of the genus *Fusarium* (40%), *Aspergillus* (30%) and *Penicillium* (20%). The fact that a large number of fungi of the *Fusarium* genus has been found is disturbing, as most of them have a proven ability to produce dangerous mycotoxins. Among the tested herbs, spices and medicinal plants, the largest number of mold fungi was found in those obtained from the roots and rhizomes, and the smallest in the leaves and flowers

Proteobacteria istotne w glebie

MIECZYŚLAW K. BŁASZCZYK

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Mikrobiom jest niezbędnym składnikiem ekosystemu glebowego, wpływającym na procesy takich jak tworzenie gleby i odnawianie jej żyzności, promowanie wzrostu i rozwoju roślin, tolerancja na stres, pobieranie składników pokarmowych i magazynowanie ditlenku węgla, obieg pierwiastków biogennych. We wszystkich glebach dominują bakterie należące do kilku typów w kolejności malejącej Proteobacteria (18,0–55,9%), Acidobacteria (6,0–41,8%), Bacteroidetes (3,4%–27,2%), Verrucomicrobia (3,8%–19,0%), Actinobacteria (5,2%–12,9%) i Planctomycetes (2,5%–11,9%). Względna liczebność Acidobacteria, Proteobacteria, Actinobacteria oraz Cyanobacteria jest znacznie wyższa w glebach nieuprawianych niż rolniczych. Firmicutes, Chloroflexi i Verrucomicrobia dominują raczej w glebach rolniczych. Wśród bakterii należących do Alphaproteobacteria we wszystkich analizach wspólnot bakterii w różnego typu glebach dominują gatunki należące do rodziny Rhizobiaceae. Rodzina Rhizobiaceae jest wysoce zróżnicowana, z 168 gatunkami sklasyfikowanymi w 17 rodzajach. Rhizobiaceae zawierają rodzaje bakterii związane z glebą lub wchodzą a asocjacje w roślinami jako gospodarzami. Zdolność ta nie ogranicza się do gatunków tej rodziny, ale rozciąga się do zróżnicowanej grupy bakterii zwanych łącznie ryzobiami. Szeroko pojęte ryzobia należą do *Mezorhizobium* (Phyllobacteriaceae), *Bradyrhizobium* (Bradyrhizobiaceae) oraz *Azorhizobium* (Xanthobacteraceae). Pozostałe rodziny należące do rzędu Rhizobiales także zawierają wiążące azot cząsteczkowy gatunki bakterii jako symbionty roślin jak *Devosia*, *Methylobacterium*, *Ochrobactrum* (Brucellaceae) i *Phyllobacterium*. *Devosia* tworzy brodawki u *Neptunia natans*, *Ochrobactrum lupini* u *Lupinus albus*, *Phyllobacterium trifolii* u *Lupinus albus* i *Trifolium repens*, *Methylobacterium* spp. z gatunkami rodzaju *Crotalaria* i *Lotononis*, *Microvirga* spp. z gatunkami rodzaju *Lotononis*. Rodzina Sphingomonadaceae często jest wymieniana jako istotna w środowiskach zanieczyszczonych związkami chemicznymi pochodzącymi z produkcji w zakładach chemicznych. Rodzina Sphingomonadaceae zawiera bakterie walidowane należące do 19 rodzajów, a typowym przedstawicielem rodziny jest rodzaj *Sphingomonas*. Z rodzaju *Sphingomonas* wyizolowano kilka gatunków bakterii z siedlisk związanych z roślinami, w tym z fytosfery i ryzosfery oraz endosfery korzeni. Z innych badań wynika, że izolaty różnych szczepów Sphingomonadaceae rozkładające ksenobiotyki zawierały 2–5 plazmidów o rozmiarach 50–500 kbp. Na kilku z tych plazmidów zlokalizowano geny kodujące różne szlaki degradacji wielopierścieniowych węglowodorów aromatycznych (WWA). Rodzina Pseudomonadaceae zawiera 14 rodzajów zatwierdzonych, najliczniejszy to rodzaj *Pseudomonas*. Ze względu na swoją elastyczność metaboliczną i różnorodność genetyczną, *Pseudomonas* są bardzo powszechne w różnych ekosystemach glebowych. Pospolicie zasiedlają ryzosfery roślin, gdzie odgrywają główną rolę w promowaniu wzrostu roślin i prowadzą kontrolę nad rozprzestrzenianiem i aktywnością fitopatogenów w glebie. Metabolizują dużą ilość naturalnych związków organicznych, w tym węglowodory aromatyczne i ich pochodne.

Proteobacteria essential in soil

The microbiome is an essential component of the soil ecosystem, influencing the processes such as soil formation and restoration of soil fertility, promotion of plant growth and development, stress tolerance, nutrient uptake and carbon dioxide storage, and the circulation of nutrients. All soils are dominated by bacteria belonging to several types in descending order: Proteobacteria (18.0–55.9%), Acidobacteria (6.0–41.8%), Bacteroidetes (3.4%–27.2%), Verrucomicrobia (3.8%–19.0%), Actinobacteria (5.2%–12.9%) and Planctomycetes (2.5%–11.9%). The relative abundance of Acidobacteria, Proteobacteria, Actinobacteria and Cyanobacteria is much higher in untill than in agricultural soils. Firmicutes, Chloroflexi and Verrucomicrobia are more dominant in agricultural soils. Among the bacteria belonging to Alphaproteobacteria, species belonging to the Rhizobiaceae family dominate in all analysis of bacterial communities in various types of soil. The Rhizobiaceae family is highly diverse, with 168 species classified into 17 genera. Rhizobiaceae contain the types of bacteria associated with the soil or associate themselves with plants as hosts. This ability is not limited to species in this family, but extends to a diverse group of bacteria collectively known as rhizobia. Broadly understood rhizobia include *Mezorhizobium* (Phyllobacteriaceae), *Bradyrhizobium* (Bradyrhizobiaceae) and *Azorhizobium* (Xanthobacteraceae). The other families belonging to the order *Rhizobiales* also contain nitrogen-fixing bacterial species as plant symbionts such as *Devosia*, *Methylobacterium*, *Ochrobactrum* (Brucellaceae) and *Phyllobacterium*. *Devosia* forms nodule on *Neptunia natans*, *Ochrobactrum lupini* on *Lupinus albus*, *Phyllobacterium trifolii* on and *Trifolium repens*, *Methylobacterium* spp. with species of the genus *Crotalaria* and *Lotononis*, *Microvirga* spp. with species of the genus *Lotononis*. The family Sphingomonadaceae is often mentioned as important in environments contaminated with chemicals derived from production in chemical plants. The family Sphingomonadaceae contains 19 genera of validated bacteria, and the typical representative of the family is the genus *Sphingomonas*. Several species of bacteria have been isolated from the genus *Sphingomonas* from plant-related habitats, including the phyllosphere, rhizosphere, and root endosphere. Other studies show that isolates of different strains of Sphingomonadaceae that degrade xenobiotics contained 2–5 plasmids of 50–500 kbp in size. Genes encoding various degradation pathways for polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) have been located on several of these plasmids. The Pseudomonadaceae family includes 14 approved genera, the most numerous being the genus *Pseudomonas*. Due to its metabolic flexibility and genetic diversity, *Pseudomonas* are very common in a variety of soil ecosystems. They commonly inhabit plant rhizospheres, where they play a major role in promoting plant growth and control the spread and activity of phytopathogens in the soil. They metabolize a large amount of natural organic compounds, including aromatic hydrocarbons and their derivatives.

Gradient zanieczyszczeń pochodzenia antropogenicznego wzdłuż górskiej rzeki Białki i jego wpływ na skład i funkcje populacji bakterii

MARIA J. CHMIEL^{1,5}, PIOTR BORON², KLAUDIA KULIK¹, JUSTYNA PRAJSNAR³,
MIROSŁAW ŻELAZNY⁴, ANNA LENART-BORON^{1,5}

¹Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

²Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Wydział Leśny, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

³Instytut Katalizy i Fizykochemii Powierzchni Polskiej Akademii Nauk w Krakowie

⁴Zakład Hydrologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

⁵Polskie Towarzystwo Inżynierii Ekologicznej, Oddział Krakowski

Liczebność *E. coli* i *Staphylococcus* spp., stężenie antybiotyków i parametry fizykochemiczne wykorzystano do określenia gradientu zanieczyszczeń pochodzenia antropogenicznego w sześciu punktach wzdłuż rzeki Białki, typowej rzeki górskiej w południowej Polsce. Stosunek *E.coli*/*Staphylococcus* różnił się wyraźnie między obszarami zanieczyszczonymi i niezanieczyszczonymi, wskazując na jego potencjalną użyteczność w ocenie stopnia presji antropogenicznej na środowisko wód rzecznych. Za pomocą sekwencjonowania NGS zbadano zmiany w składzie i funkcjonalności populacji bakterii w odpowiedzi na zmieniającą się presję antropogeniczną. W większości próbek dominującymi typami były *Proteobacteria* i *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* przeważały w wodach podziemnych, natomiast *Firmicutes* i *Verrucomicrobia* miały największy udział w punktach silniej zanieczyszczonych. Wykryto 11 gatunków bakterii, mogących być potencjalnymi patogeniami, największy udział stwierdzono dla *Acinetobacter*, *Rhodococcus* i *Mycobacterium*. Wzrost liczebności potencjalnych bakteryjnych patogenów był zgodny ze wzrastającą presją antropogeniczną wywieraną na wody rzeki Białki.

Badania sfinansowano w ramach projektu MINIATURA Nr 2018/02/X/NZ9/00867

Anthropogenic pollution gradient along a mountain river and its effect on bacterial community composition and functions in water

In this study, numbers of *E. coli* and *Staphylococcus* spp., antibiotic content and physicochemical parameters was used to determine a pollution gradient in six sites along Białka, a typical mountain river in southern Poland. The *E.coli*/*Staphylococcus* ratio varied evidently between polluted and non-polluted sites, indicating its possible utility in assessing anthropogenic impact on river ecosystems. Changes in bacterial community structure and functions due to varying anthropopressure were assessed using next generation sequencing. *Proteobacteria* and *Bacteroidetes* were predominant phyla in most samples, *Actinobacteria* prevailed in groundwater, *Firmicutes* and *Verrucomicrobia* were more prevalent in polluted sites. Among 11 potential pathogens detected, *Acinetobacter*, *Rhodococcus* and *Mycobacterium* were the most frequent. Increased abundance of potential pathogens followed the pattern of increasing anthropogenic impact on the river waters.

This research was financed – MINIATURA No. 2018/02/X/NZ9/00867

Wpływ mikrobiomu glebowego na przeżywalność bakterii patogennych

AGATA GORYLUK-SALMONOWICZ, MAGDALENA POPOWSKA

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

Mikrobiom gleby wpływa na jej żyzność oraz jakość uzyskanych plonów. Wszelkie działania agrotechniczne wywołują zmiany w składzie taksonów mikroorganizmów dominujących w glebie, utrzymujące się przez zróżnicowany czas. Nagły napływ bakterii z zewnątrz oraz łatwo degradowanej materii organicznej, co jest zwykle następstwem aplikacji nawozów odzwierzęcych, promuje zjawiska takie jak: konkurencyjność oraz horyzontalny transfer genów. Badania wykazały, że obornik zawiera geny niosące oporność na antybiotyki, co stwarza potencjalne zagrożenie dla człowieka. Poznanie mechanizmów warunkujących rozprzestrzenianie się tych genów w glebach uprawnych jest obecnie zagadnieniem priorytetowym. W wielu ośrodkach naukowych na całym świecie prowadzone są badania związane z bakteriami opornymi na antybiotyki, w tym patogenami, izolowanymi z nawożonych gleb uprawnych. Rozprzestrzenianie się w glebach bakterii wielolekoopornych jest aktualnie uznawane za jedno z 10 najważniejszych zagrożeń dla zdrowia publicznego. W prezentacji zostaną przedstawione czynniki mające wpływ na przeżywalność wybranych bakterii patogennych w glebach uprawnych. Temat ten jest aktualnie przedmiotem badań prowadzonych w naszym zespole w ramach projektu międzynarodowego pt. „ANTIVERSA – Bioróżnorodność jako ekologiczna bariera dla rozprzestrzeniania się istotnej klinicznie oporności na antybiotyki w środowisku”.

Soil microbiom determines bacterial pathogen survival

The soil microbiome influences its fertility and crop plant quality. All agrotechnical activities cause changes in the composition of microorganisms taxa dominating in the soil. Changes persist for different period of time. Invasion by alien bacterial species and easily degraded organic matter, which is usually the result of the application of animal fertilizers, promotes such phenomena as competition or horizontal gene transfer. As animal manure was found to be a source of antibiotic resistance genes ARG, it is considered as potential threat to humans. Understanding of mechanisms responsible for ARG spread in arable soils is a priority. In many international scientific institutions researches on antibiotic resistant bacteria including pathogens isolated from manured soils are conducted. Multidrug resistant bacteria spread in soils is currently considered to be one of the ten most important global problems. Factors that influence the survival of selected bacterial pathogens in arable soils will be presented. This topic is currently the subject of researches conducted in our team as a part of an international project entitled: “ANTIVERSA – Biodiversity as an ecological barrier for the spread of clinically relevant antibiotic resistance in the environment”.

Analiza metagenomiczna minimów tlenowych wskazuje na główne szlaki usuwania azotu z kolumny wody morskiej Bałtyku Właściwego

MICHAŁ GRABSKI¹, EWA KOTLARSKA², ANETA ŁUCZKIEWICZ³,
GRZEGORZ WĘGRZYN¹, BEATA SZYMCZYCHA²

¹University of Gdańsk, Wita Stwosza 59, 80-308, Gdańsk, Poland

²Institute of Oceanology PAN, Powstańców Warszawy 55, 81-712 Sopot, Poland

³Gdańsk university of Technology, Gabriela Narutowicza 11/12 80-233 Gdańsk, Poland

Azot, będąc niezbędnym elementem w syntezie kwasów nukleinowych i białek, jest kluczowym pierwiastkiem dla wszystkich żywych organizmów. Dostępność azotu dla organizmów morskich jest determinowana stopniem utlenienia w jakim występuje. Kontrolowane głównie przez mikroorganizmy reakcje redoks zmieniają stopień utlenienia tego pierwiastka, a co za tym idzie, stężenia związków azotu w środowisku warunkujących ich wzrost.

W Morzu Bałtyckim, wykazującym stratyfikację, gdzie woda poniżej halokliny wykazuje długie okresy stagnacji, powstają strefy pozbawione tlenu. Przejściowa hipoksja jest cechą tego akwenu od czasu jego powstania, natomiast to działania antropogeniczne przyczyniają się do wydłużania okresów anoksji w głębokich wodach Bałtyku Właściwego. Dzieje się tak za sprawą spływów powierzchniowych dostarczających duże ilości materii organicznej, wraz ze związkami biogenicznymi zdominowanymi przez związki azotu nieorganicznego, które przyczyniają się do wzmożonej produkcji pierwotnej. Istotą prowadzonych przez nas badań jest poznanie dominujących procesów zaangażowanych w cykl azotowy, w wyniku których dochodzi do usuwania nieorganicznych form azotu z kolumn wód morskich objętych anoksją.

Kolumny wód morskich trzech głębi Bałtyku Właściwego: Bornholmskiej, Gdańskiej i Gotlandzkiej zostały scharakteryzowane ze względu na występowanie genów mikroorganizmów zaangażowanych w przemiany chemiczne związków azotu, należących do procesów anammox, denitryfikacji, DNRA i nityfikacji. Analiza genów kodujących enzymy odpowiedzialne za reakcje redoks wykazała podobne tendencje dla każdej z głębi, przy czym denitryfikacja była procesem potencjalnie dominującym dla wszystkich głębi, w oparciu o liczbę surowych odczytów sekwencjonowania DNA. Na żadnej ze stacji nie znaleziono kompletnego zestawu genów świadczącego o zachodzeniu procesu anammox, stawiając denitryfikację jako główny szlak usuwania azotu w kolumnie wody morskiej. We wszystkich próbkach główną rodziną zasiedlającą kolumnę wody jest rodzina archeonów Nitrosopumilaceae, prezentując zarówno geny kodujące monooksygenazę amoniaku (AMO), zaangażowaną w proces nityfikacji, oraz reduktazę azotynu (NIR), związaną z denitryfikacją. Nityfikacja przebiega jedynie w warunkach tlenowych. Jednakże rodzina Nitrosopumilaceae posiadając oba enzymy może potencjalnie tworzyć szlak, którego produktem pośrednim jest tlen, który akumulując się w komórkach może aktywować utlenianie amoniaku, tworząc tlenek azotu. Powyższy związek jest również produktem pośrednim denitryfikacji, który poprzez jego redukcję tworzy tlenek diazotu, stanowiący silny gaz cieplarniany. Powyższą redukcję przeprowadza enzym kodowany przez gen *norC*, reprezentowany istotnie w dwóch metagenomach (z wykluczeniem głębi Bornholmskiej), swoją częstością występowania wyróżniając się znacząco na tle genów *nosZ*, kodujących jedyny poznany enzym katalizujący redukcję tlenu diazotu do dwuwartościowego azotu.

Wyniki badań wskazują, iż denitryfikacja jest procesem dominującym w rejonach minimów tlenowych jeżeli chodzi o usuwanie azotu nieorganicznego. Niepokojąca jest szeroka obecność genów, których produkty katalizują przemiany tlenku azotu do tlenku diazotu, który stanowi główny czynnik naturalny redukujący ozon. Powyższe badania nie identyfikują aktywności danych genów, stanowią indyktor, który poprzez opisanie bioróżnorodności i zróżnicowania genów w obrębie minimów tlenowych, wskazuje potencjalne cele mogące mieć znaczący wkład w aktualny stan akwenu Morza Bałtyckiego.

Metagenome analysis in Baltic Proper oxygen minimum zones reveals key processes driving water column nitrogen sink

Being indispensable in synthesis of nucleic acids and proteins, nitrogen is a key element for all living organisms. It's availability for organisms is determined by nitrogen compound redox state, as only rare bacteria and archaea can use atmospheric dinitrogen gas. In marine habitats, nitrogen-transforming microorganisms control the shift of nitrogen compounds redox states, thus limiting growth of microorganisms within environment by impacting concentrations of bioavailable nitrogen.

Baltic Proper is an estuary characterized by column water stratification. With permanent halocline at the water transition zone, preventing water column vertical mixing, transport of more oxygenated waters to the bottom water layers is impaired. This stagnation periods, occurring underneath halocline, deprive bottom waters of oxygen, which becomes hypoxic and eventually anoxic. Periods of oxygen minimum zones occurrences is prolonged by anthropogenic activity, owing to nitrogen-based fertilizers loads deposited via surface water. These nutrient fluxes stimulate production of excess organic matter, which has a great impact on dissolved oxygen within habitat. Our studies are focused on processes responsible for inorganic nitrogen sink in column waters suffering from anoxia, found within Baltic Proper estuary.

To shed light on this matter we have obtained three water column samples, gathered from oxygen minimum zones, found within Baltic Proper depths (Bornholm, Gdańsk and Gotland). Metagenomes obtained from samples were searched for genes encoding enzymes engaged in four distinct nitrogen cycle-related processes, namely anammox, denitrification, DNRA and nitrification. Genes encoding denitrification-related enzymes were predominant within all three depths, measured by gene raw read coverage. For all samples, there were no *hzo* and *hdh* genes present, with incomplete hydrazine synthetase-encoding genes (*hzsCBA*), suggesting that anammox does not occur within depths. Therefore, we postulate that denitrification could be the main nitrogen sink in water column oxygen minimum zones. Furthermore, in every sample, Nitrosopumilaceae – a family of archaea domain – is found most abundant out of families engaged in nitrogen cycle. This family possesses genes encoding ammonia monooxygenase (AMO), related to nitrification process, and copper-containing nitrite reductase (NIR), related to denitrification, both found within the same bin. Nitrification is a process which depends on oxygen, nevertheless, Nitrosopumilaceae having both of these enzymes may potentially create a pathway where oxygen is an intermediate product, which accumulation in cell may trigger ammonia oxygenation, creating nitric oxide in process. Nitric oxide is also an intermediate of the denitrification process which reduction is the source of nitrous oxide. This greenhouse gas production is catalyzed by an enzyme

encoded by *norC*, represented significantly in two metagenomes (with exclusion of the Bornholm Depth). It's quantity is considerably higher than the *nosZ* gene, encoding the only known enzyme catalyzing reduction of nitrous oxide to dinitrogen gas.

These findings indicate that denitrification is the dominant nitrogen cycle process in water column oxygen minimum zones, therefore, it might be the main nitrogen sink in Baltic Proper depths. As the significant amount of reads were found covering genes encoding enzymes catalyzing reduction of nitric oxide to nitrous oxide, in the light of such a rare presence of *nosZ* genes, these findings are alarming and the gene activity should be further studied. Biodiversity and gene variances found within minimum oxygen zones indicate potential targets which may play a crucial role in actual condition of Baltic Sea.

*Project financed by the National Science Centre within SONATA BIS 9 Programme
“Investigation of seasonal variability of the water column and sediment DENitrification
and Anammox in the BaLtic Sea” (Project No. 2019/34/E/ST10/00217)*

Wrażliwość temperaturowa w glebach leśnych długotrwale skażonych metalami ciężkimi

BEATA KLIMEK, MARIA NIKLIŃSKA, BAGAS PRABOWO, POLINA PIDLUBNA

Instytut Nauk o Środowisku, Wydział Biologii, Uniwersytet Jagielloński

Gleby stanowią największą pulę węgla na Ziemi. Tempo i przebieg procesów dekompozycji w glebach przekłada się na ilość emitowanego do atmosfery CO_2 , będącego jednym z najważniejszych gazów cieplarnianych. Wrażliwość temperaturowa gleby określająca zmiany tempa emisji CO_2 z gleby do atmosfery pod wpływem temperatury otoczenia może być regulowana przez różne czynniki abiotyczne i biotyczne. Przeprowadzony eksperyment laboratoryjny z wykorzystaniem prób gleby zebranych w borach sosnowych w Górnośląskim oraz Legnicko-Głogowskim Okręgu Przemysłowym miał na celu wykazanie, czy długotrwałe skażenie metalami ciężkimi wpływa na wrażliwość temperaturową gleby. Wykazano, że wrażliwość temperaturowa (Q_{10}) jest mniejsza w glebach o większej zawartości metali ciężkich (także w warunkach ekspozycji na suszę), co może odzwierciedlać mniejszą różnorodność funkcjonalną i taksonomiczną zespołów mikroorganizmów glebowych (Biolog, sekwencjonowanie 16S i 18S rDNA).

Effect of long-term metal pollution on forest soil temperature sensitivity

Soils constitute the major carbon pool on the Earth. Soil decomposition rate and course denote the amount of CO_2 , a major greenhouse gas emitted to the atmosphere. Soil temperature sensitivity describes the effect of temperature on CO_2 emission and can be regulated by a variety of abiotic and biotic factors. The laboratory experiment was performed with long-term metal-polluted soils collected in pine forests in Upper Silesia and Legnica-Głogów Industrial District. The aim was to find if metal pollution affects soil temperature sensitivity. There was shown, that soil temperature sensitivity (Q_{10}) is lower in metal-polluted soils, also under drought exposure, which may reflect lower microbial functional and taxonomic diversity (Biolog, 16S and 18S rDNA gene sequencing).

Struktura Bacteroidota w obliczu zróżnicowanych praktyk rolniczych ważnym wskaźnikiem jakości gleb

ANNA KRUCZYŃSKA^{1*}, AGNIESZKA KUŹNIAR¹, ANNA SOCHACZEWSKA¹,
JACEK PODLEWSKI², ANDRZEJ SŁOMCZEWSKI², JAROSŁAW GRZĄDZIEL³,
ANNA GAŁĄZKA³, AGNIESZKA WOLIŃSKA¹

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

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

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

*e-mail: anna.kruczynska@kul.pl

Celem badań było rozpoznanie struktury Bacteroidota w obliczu zróżnicowanych praktyk rolniczych (płodozmian, mieszanka międzyplonowa, długotrwała monokultura kukurydzy) na przestrzeni zmieniających się pór roku (wiosna, lato, jesień). Bioróżnorodność określono stosując technikę NGS (MiSeq Illumina). Gleby pochodziły z trzech wybranych pól rolniczych, należących do Fundacji Potulickiej w Wojnowie (woj. kujawsko-pomorskie).

Wykazano, że Bacteroidota występują w różnej obfitości w zależności od zastosowanej praktyki rolniczej oraz pory roku. Najwyższą obfitość Bacteroidota obserwowano przy zastosowaniu płodozmianu jako głównej praktyki rolniczej. Rekomendowano także, że rodzaje: *Mucilaginibacter* oraz *Edaphobaculum* są najbardziej wrażliwe na chemizm gleby, a rodzaj *Flavobacterium* może wskazywać na dobrą jakość gleb rolniczych. Analizy statystyczne wskazały, że właściwości chemiczne gleb mają duży wpływ na kształtowanie struktury Bacteroidota w glebach rolniczych.

Bacteroidota structure in the face of varying agricultural practices an important indicator of soil quality

The aim of the study was to gain insight into Bacteroidota structure in the face of varying agricultural practices (crop rotation, intercropping mixture, long-term maize monoculture) across changing seasons (spring, summer, autumn). Biodiversity was determined using the NGS technique (MiSeq Illumina). Soils originated from three selected agricultural fields belonging to the Potulicka Foundation in Wojnowo (kujawsko-pomorskie voivodeship).

It was proved that Bacteroidota are present in different relative abundance depending on the agricultural practice applied and the season. Their highest abundance occurred when crop rotation was used as the main agricultural practice. It was recommended that the genera: *Mucilaginibacter* and *Edaphobaculum* are the most sensitive to soil chemistry, while the genus *Flavobacterium* may indicate good quality of agricultural soils. Statistical analyses evidenced that soil chemical properties have a strong influence in shaping the structure of Bacteroidota in agricultural soils.

Badania zostały sfinansowane przez CGFP Sp. z o.o. numer grantu UKDKW 1 marca 2020 r.

Pandemia COVID-19 ujawniła skalę wpływu intensywnej turystyki na środowisko wodne obszarów górskich

ANNA LENART-BORON^{1,5}, PIOTR BORON², JUSTYNA PRAJSNAR³, MACIEJ GUZIK³,
MIROSLAW ŻELAZNY⁴, MARTA PUFELSKA⁴, MARIA J. CHMIEL^{1,5}

¹Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

²Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Wydział Leśny, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

³Instytut Katalizy i Fizykochemii Powierzchni Polskiej Akademii Nauk w Krakowie

⁴Zakład Hydrologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

⁵Polskie Towarzystwo Inżynierii Ekologicznej, Oddział Krakowski

Pandemia COVID-19 ograniczyła możliwość podróżowania, dając wyjątkową możliwość obserwacji środowisk górskich bez normalnego ruchu turystycznego. W badaniach oznaczono stężenie antybiotyków, parametry hydrochemiczne, liczebność bakterii hodowlanych, lekowrażliwość bakterii, obecność genów kodujących beta-laktamazy o rozszerzonym spektrum (ESBL) u *E. coli* i zbadano skład populacji bakterii techniką NGS w sześciu punktach wzdłuż doliny rzeki Białki, jednego z najpopularniejszych rejonów turystycznych w Polsce, w trzech terminach: letnim i zimowym sezonie turystycznym i w czasie *lockdown*. W okresie *lockdown* zmniejszyła się liczba bakteryjnych wskaźników zanieczyszczenia wody (np. liczba *E. coli* spadła z 99×10^4 jtk/100 ml do 12 jtk/100 ml w najbardziej zanieczyszczonym punkcie) i udział lekoopornych *E. coli* (całkowita oporność spadła z 21% latem do 9%; udział szczepów wieloopornych spadł ze 100% do 44%, ESBL – z 20% do 0%). Stężenia antybiotyków podczas *lockdown* były najwyższe. Zastosowanie wielowymiarowych analiz statystycznych ujawniło wyraźny wpływ presji antropogenicznej związanej z turystyką na środowisko wodne i pozytywny efekt *lockdown* na poprawę jakości wody w rzece.

Badania sfinansowano w ramach projektu MINIATURA Nr 2018/02/X/NZ/00867

COVID-19 lockdown shows how much natural mountain regions are affected by heavy tourism

The COVID-19 pandemic lockdown restricted traveling for a few months in 2020, providing a unique opportunity to observe the mountain environment without the impact of typical tourist traffic. This study combines determination of antibiotic content, hydrochemical parameters, enumeration of culturable bacteria, antimicrobial susceptibility tests, extended spectrum beta-lactamase (ESBL) gene detection in waterborne *E. coli* and NGS-based bacterial community composition at six sites along the Białka river valley (one of the most popular touristic regions in Poland) in three periods: summer and winter tourist seasons and during the COVID-19 lockdown. Decreased numbers of culturable bacteria and share of resistant *E. coli* were observed during lockdown (at the most contaminated site numbers of *E. coli* dropped from 99×10^4 CFU/100 ml to 12 CFU/100 ml, total resistance dropped from 21% in summer to 9% during lockdown, share of multidrug resistant strains – from 100 to 44%, and ESBL from 20% to none during lockdown). Antibiotic concentrations were the highest during lockdown. Multivariate statistical analyses revealed a clear tourism-related pressure and positive impact of COVID-19 lockdown on the water quality.

This research was financed – MINIATURA No. 2018/02/X/NZ/00867

Porównanie wrażliwości zidentyfikowanych genetycznie grzybów z rodzaju *Neosartorya* na wybrane ekstrakty roślinne

WIKTORIA MAJ, GIORGIA PERTILE, MAGDALENA FRĄC

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

e-mail: w.maj@ipan.lublin.pl; m.frac@ipan.lublin.pl

Biorąc pod uwagę fakt, że Polska jest jednym z największych producentów truskawek w Europie, produkcja wysokiej jakości surowca jest kluczowa zarówno w przetwórstwie krajowym, jak też eksportowym. Dlatego też badania pleśni ciepłoopornych, które mogą znaleźć się w uprawach, powinny być jednym z kluczowych obszarów rozpatrywanych w kontekście bezpieczeństwa i jakości surowców, półproduktów, produktów i przetworów owocowych. Celem przeprowadzonych badań było porównanie wrażliwości wybranych izolatów grzybowych *Neosartorya* spp. na ekstrakty roślinne suche i oleje, otrzymane z takich ziół jak nagietek lekarski (*Calendula officinalis*), lawenda (*Lavandula angustifolia*), goździkowiec korzenny (*Syzygium aromaticum*), drzewo herbaciane (*Melaleuca alternifolia*), które testowano w różnych stężeniach. Testowane izolaty wykazały zróżnicowaną wrażliwość na badane ekstrakty, a największą skuteczność w hamowaniu wzrostu *Neosartorya* spp. spowodował ekstrakt z lawendy oraz ekstrakt i olej z rozmarynu. Uzyskane wyniki są bardzo istotne w kontekście najnowszych strategii Unii Europejskiej – Europejskiego Zielonego Ładu i Strategii na rzecz Bioróżnorodności do 2030 roku, które zakładają zwiększenie upraw ekologicznych oraz zmniejszenie chemizacji rolnictwa.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu Preludium Bis-2, 2020/39/O/NZ9/03421.

Sensitivity comparison of genetically identified fungi belonging to the *Neosartorya* genus on selected plant extracts

Poland is one of the largest strawberry producers in Europe, thus the production of high quality raw materials is critical to both national and international food processing. Therefore, the study of heat resistant mould, which can be found in the crop, should be one of the key areas in the context of the safety and quality of raw materials and processed fruit. The aim of the study was the comparison of sensitivity of selected fungal isolates of *Neosartorya* spp. on natural plant extracts dry and oils, derived from such herbs as marigold (*Calendula officinalis*), lavender (*Lavandula angustifolia*), clove (*Syzygium aromaticum*), tea tree (*Melaleuca alternifolia*), which were tested in different concentrations. Tested isolates were characterized by various sensitivity to plant extracts. However, the highest fungal growth inhibition was observed after application of lavender extract and rosemary extract and oil. The results are very important in the context of the latest European Union strategies such as The European Green Deal and The Biodiversity Strategy for 2030, which assume an increase in organic farming production and a reduction of the chemicalisation of agriculture.

The work was supported by the National Science Centre, Poland, Preludium Bis-2, 2020/39/O/NZ9/03421.

Spójności grzybów mykoryzowych i endofitycznych w środowisku zanieczyszczonym fenolem i węglowodarami

MONIKA MALICKA, FRANCO MAGURNO, ZOFIA PIOTROWSKA-SEGET

Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Wydział Nauk Przyrodniczych,
Uniwersytet Śląski w Katowicach

Celem badań była ocena bioróżnorodności grzybów mykoryzowych i endofitycznych w środowisku zanieczyszczonym fenolem i wielopierścieniowymi węglowodarami aromatycznymi (WWA) w odniesieniu do niezanieczyszczonego środowiska referencyjnego.

Materiał do badań stanowiły korzenie dwóch gatunków roślin, *Poa trivialis* i *Phragmites australis* pobrane z nadbrzeża zanieczyszczonego stawu Kalina (Świętochłowice) oraz niezanieczyszczonego stawu Kokotek (Lubliniec). Do oceny bioróżnorodności społeczności grzybów zastosowano sekwencjonowanie nowej generacji technologią Illumina MiSeq, stosując region ITS (ang. internal transcribed spacer) rDNA jako marker molekularny uniwersalny dla grzybów oraz region D2 LSU (ang. large ribosomal subunit) rDNA jako marker dla arbuskularnych grzybów mykoryzowych (AGM).

Wieloletnia ekspozycja społeczności grzybowych na zanieczyszczenie fenolem i WWA nie miała istotnego wpływu na α -bioróżnorodność ogólną grzybów. Natomiast, wpłynęła istotnie na ich strukturę gatunkową. Sekwencjonowanie regionu ITS wykazało znaczną dominację grzybów typu *Ascomycota* z rzędów *Pleosporales* (*Lindgomycetaceae* i *Didymosphaeriaceae*), *Sordariales* (*Chaetomiaceae*) i *Helotiales* we wszystkich badanych społecznościach. Dodatkowo, w korzeniach *P. trivialis* z terenu niezanieczyszczonego stwierdzono znaczący udział *Ascomycota* z rzędu *Magnaporthales* (*Magnaporthaceae*). Obecność wymienionych rzędów świadczy o liczным występowaniu grzybów należących do endofitów ciemnoseptalnych (DSE – ang. dark septate endophytes), zarówno na terenie zanieczyszczonym węglowodarami, jak i na terenie referencyjnym. Ponadto, w korzeniach *Ph. australis* pobranych z terenu zanieczyszczonego występowały endofityczne i mykoryzowe *Ascomycota* z rzędów *Eurotiales* (*Talaromyces* sp.) i *Pezizales* (*Terfezia* sp.) oraz mykoryzowe i saprofityczne *Basidiomycota* (*Thelephoraceae*, *Strophariaceae*, *Sebacinales*).

Zanieczyszczenie środowiska wpłynęło negatywnie na α -bioróżnorodność AGM oraz promowało występowanie „generalistów” o szerokim zakresie tolerancji ekologicznej z rzędu *Glomerales* (rodzaje *Rhizophagus*, *Funneliformis* i *Claroideoglomus*). Społeczności AGM na terenie niezanieczyszczonym różniły się pomiędzy badanymi gatunkami roślin i cechowała je większa różnorodność taksonomiczna i funkcjonalna. W społecznościach AGM w korzeniach *P. trivialis* dominowały gatunki z rodzajów *Nanoglomus*, *Rhizoglomus*, *Polonospora* i *Paraglomus*, podczas gdy w społecznościach AGM w korzeniach *P. australis* odnotowano występowanie rodzajów *Polonospora*, *Paraglomus*, *Rhizoglomus* i *Oehlia*.

Środki finansowe na badania przyznało Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu nr 2017/25/N/NZ8/01676.

Communities of mycorrhizal and endophytic fungi in the environment contaminated with phenol and hydrocarbons

MONIKA MALICKA, FRANCO MAGURNO, ZOFIA PIOTROWSKA-SEGET

Institute of Biology, Biotechnology and Environmental Protection, Faculty of Natural Sciences,
University of Silesia in Katowice

The aim of the study was the assessment of biodiversity of mycorrhizal and endophytic fungi in the environment contaminated with phenol and polyaromatic nuclear hydrocarbons (PAHs), referring to an uncontaminated control site.

The research material were the roots of two plant species *Poa trivialis* and *Phragmites australis* collected from the shore of contaminated Kalina pound (Świętochłowice) and uncontaminated Kokotek pound (Lubliniec). The assessment of fungal diversity was based on the next generation sequencing on Illumina MiSeq. ITS (internal transcribed spacer) rDNA was used as a universal fungal molecular marker, and D2 LSU (large ribosomal subunit) rDNA region was selected as a molecular marker for arbuscular mycorrhizal fungi (AMF).

Long-term exposure of fungal communities to phenol and PAH contamination had no significant influence on the α -diversity of general fungal communities; however, it significantly affected their species composition. The sequencing of the ITS region demonstrated the dominance of *Ascomycota* represented by fungi from the orders *Pleosporales* (*Lindgomycetaceae* and *Didymosphaeriaceae*), *Sordariales* (*Chaetomiaceae*), and *Helotiales* in all of the studied communities. Additionally, a high relative abundance of *Ascomycota* from the order *Magnaporthales* (*Magnaporthaceae*) was demonstrated in *P. trivialis* roots from the uncontaminated site. The presence of these orders was associated with a high abundance of dark septate endophytic fungi (DSE) in both the contaminated and reference sites. Moreover, endophytic and mycorrhizal *Ascomycota* from the orders *Eurotiales* (*Talaromyces* sp.) and *Pezizales* (*Terfezia* sp.) and saprophytic *Basidiomycota* (*Thelephoraceae*, *Strophariaceae*, *Sebacinales*) were present in the roots of *Ph. australis* collected from the contaminated site.

Soil contamination had a negative effect on the AMF α -diversity and favored the occurrence of fungal “generalists” with broad ecological tolerance, which represented the order *Glomerales* (genera: *Rhizophagus*, *Funneliformis*, *Claroideoglossum*). AMF communities at the uncontaminated site differed between the roots of the studied plant species. They had higher taxonomic and functional diversity in than the AMF communities at the contaminated site. AMF communities inhabiting *P. trivialis* roots were dominated by genera: *Nanoglossum*, *Rhizoglossum*, *Polonospora*, and *Paraglossum*, while *Polonospora*, *Paraglossum*, *Rhizoglossum*, and *Oehlia* were present in the roots of *P. trivialis*.

*The reserach was funded by the National Science Centre, Poland
(grant number: 2017/25/N/NZ8/01676*

Mikrobiom koniczyny białej (*T. repens*) i jego bioremediacyjny potencjał

EWA OLEŃSKA¹, WANDA MAŁEK², MAŁGORZATA WOŹNIAK³, ANNA GAŁĄZKA³,
SOFIE THIJSS⁴, JACO VANGRONSVELD^{2,4}

¹Wydział Biologiczno-Chemiczny, 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 Upraw i Nawożenia Gleb – PIB,
ul. Krańcowa 8, 24-100 Puławy

⁴Faculty of Sciences, Centre for Environmental Sciences, Hasselt University,
Agoralaan D, B-3590, Diepenbeek, Belgium

Koniczyna biała wraz z jej mikrobiomem stanowią naturalny komponent hałd cynkowo-ołowiowych w Polsce, w tym około 100-letniej hałdy Bolesław zlokalizowanej w Olkuskim Okręgu Rudnym. Ponadnormatywne stężenia cynku, ołowiu i kadmu w industrioziemie hałdy Bolesław kształtują bioróżnorodność i polimorfizm genetyczny populacji występujących na tym terenie. Celem pracy była ocena poziomu zróżnicowania genetycznego populacji mikroorganizmów ryzosferowych i endofitycznych tkanek wegetatywnych koniczyny białej oraz zweryfikowanie ich potencjału bioremediacyjnego w oparciu o testy BIOLOG[®], tolerancji metali i mikrobiologiczne testy *in vitro* promowania wzrostu roślin w odniesieniu do mikrobiomu koniczyny białej pochodzącej ze stanowiska referencyjnego.

Praca finansowana z subwencji MEiN (Polska) oraz projektu BOF Special Research Fund (Belgia)

White clover (*T. repens*) microbiome and its potential of bioremediation

White clover together with its microbiome are natural constituents of zinc-lead waste heaps in Poland, including the 100-yrs old Bolesław one, localized in Olkusz Ore Region. Above normative concentrations of zinc, lead, and cadmium in Bolesław waste heap soil, shape the biodiversity and genetic polymorphism of populations inhabiting this area. The aim of present work was to estimate the level of the genetic diversity of rhizosphere and endophytic microorganisms, and to evaluate its potential of bioremediation with the usage of BIOLOG[®], tolerance and *in vitro* plant growth promotion microbiological tests, in compare to microbiome of white clover growing on the reference area.

This research was funded by the Ministry of Education and Science Republic of Poland and BOF Special Research Fund to EO from Hasselt University

Interakcje grzybów i bakterii w glebach zanieczyszczonych

JULIA PAWŁOWSKA¹, BENIAMIN ABRAMCZYK¹, ZUZANNA BŁOCKA¹,
ALICJA OKRASIŃSKA¹

¹ Instytut Biologii Ewolucyjnej, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski
ul. Żwirki i Wigury 101, 02-089 Warszawa, Polska

Grzyby i bakterie, jako wspólnie występujący w glebie destruenci, pełnią istotną rolę w procesach glebotwórczych w większości ekosystemów lądowych. Jednym z czynników mogących istotnie wpływać na funkcjonowanie mikrobiomu glebowego są zanieczyszczenia. W celu zrozumienia wpływu metali ciężkich i węglowodorów aromatycznych na funkcjonowanie mikrobiomu glebowego zbadano różnorodność gatunkową i funkcjonalną bakterii oraz grzybów pochodzących z obszarów kontrolnych i zanieczyszczonych, wykorzystując metody sekwencjonowania wysokoprzepustowego. Ponadto poprzez połączenie metod hodowlanych, chromatograficznych oraz genomicznych zbadano wpływ wybranych bakterii na zdolności degradacyjne wybranych grzybów. Zanieczyszczenie gleby związkami ropopochodnymi okazało się być pozytywnie skorelowane z występowaniem bakterii wewnątrzstrzępkowych. Wykazano również, że obecność *Paraburkholderia* sp. w strzępkach *Umbelopsis* sp. wpływa na zdolność grzybów z tego rodzaju do degradacji antracenu. Choć niniejsze badania sugerują, że bakterie mają wpływ na zdolności adaptacyjne grzybów do życia w glebach silnie zanieczyszczonych, zrozumienie mechanizmów leżących u podłoża tych interakcji wymaga dalszych badań.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach grantu OPUS 13 nr 2017/25/B/NZ8/00473.

Bacterial-fungal interactions in contaminated soils

Fungi and bacteria play an important role in soil-forming processes, as together they are responsible for majority of decomposition processes. Anthropogenic contamination is one of the factors strongly affecting the soil microbiome. In order to understand the influence of heavy metals and polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) on the soil microbiome, taxonomic and functional diversity of microorganisms in control and polluted sites was analyzed using high-throughput sequencing. Additionally, through the combination of microbiological, chromatographic, and genomic methods, the influence of selected bacteria on the degradation capacity of host fungi was investigated. Soil contamination with PAHs was positively correlated with the presence of endohyphal bacteria. Moreover, the presence of *Paraburkholderia* sp. within the hyphae of *Umbelopsis* sp., affected fungal capacity to degrade anthracene. Altogether, this research provides further evidence that endohyphal bacteria influence fungal adaptability to environmental stress. However, the mechanisms underlying these interactions remain largely unknown.

The research was supported by the National Science Center (Poland) under the OPUS 13 grant No. 2017/25/B/NZ8/00473.

Analiza profili ekspresji miRNA w śledzionach kurcząt zakażonych astrowirusem kurzym

JOANNA SAJEWICZ-KRUKOWSKA¹, PAWEŁ MIROSLAW², JAN PAWEŁ JASTRZĘBSKI³,
KATARZYNA DOMAŃSKA-BLICHARZ¹, KAROLINA TARASIUK¹,
BARBARA MARZEC-KOTARSKA⁴

¹Zakład Chorób Drobiu, Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy,
Puławy, Polska

²Fundacja Badań i Rozwoju Nauki, Warszawa, Polska

³Katedra Fizjologii, Genetyki i Biotechnologii Roślin,
Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Olsztyn, Polska

⁴Zakład Patomorfologii Klinicznej, Uniwersytet Medyczny w Lublinie, Lublin, Polska

Niekodujące RNA pełnią nadrzędne funkcje regulatorowe, związane z rozpoznawaniem specyficznych sekwencji w genomie. Szczególne funkcje w licznej rodzinie niekodujących RNA przypisuje się krótkim, 19-25 nukleotydowym mikroRNA (miRNAs) występującym u zwierząt, w tym u ludzi i drobiu. miRNAs stanowią klasę kluczowych regulatorów ekspresji genów i są zaangażowane w regulację procesów przeciwwirusowych oraz immunologicznych.

Infekcje astrowirusowe stanowią istotny problem w przemyśle drobiarskim, prowadząc do wielu niekorzystnych zjawisk, takich jak spadek produkcji jaj, zaburzenia łęgów, słabe przyrosty masy ciała, a nawet zwiększona śmiertelność. W ostatnich latach astrowirus kurzy (CAstV) został uznany za odpowiedzialny za chorobę białych piskląt związaną z podwyższoną śmiertelnością zarodków i kurcząt, ale także z osłabieniem i białym upierzeniem wykutych piskląt.

Celem niniejszej pracy była identyfikacja miRNA związanych z zakażeniem CAstV w śledzionach kurcząt. Porównując otrzymane dane do pochodzących od zdrowych kurcząt, zidentyfikowano łącznie 58 odmiennie wyrażonych (DE) miRNA (19 ulegających obniżonej ekspresji i 39 ulegających zwiększonej ekspresji). W wyniku bioinformatycznego przewidywania genów docelowych dla różnie wyrażonych miRNA przy użyciu miRDB zidentyfikowano 403 geny, których ekspresja kontrolowana jest przez DE miRNAs. Zostały one wykorzystane do analizy Gene Ontology (GO) przy użyciu DAVID 8.6. i wykazały wzbogacenie wielu procesów, które obejmowały aktywność wiążącą, regulację apoptozy i transkrypcji oraz proliferację komórek. Funkcjonalna analiza wzbogacania szlaków bazy KEGG wykazała, że geny docelowe miRNA, których ekspresja uległa zmianie znacząco wzbogaciły kilka szlaków, w tym: szlak sygnałowy MAPK, Gap junction, regulację cytoszkieletu aktynowego, sygnalizację adrenergiczną w kardiomiocytach, szlak sygnałowy fosfatydyloinozytolu, mTOR oraz ErbB.

Według naszej wiedzy, jest to pierwsze badanie ekspresji genów miRNA u kurcząt zakażonych CAstV z zastosowaniem metody głębokiego sekwencjonowania. Podczas zakażenia CAstV wiele miRNA gospodarza było regulowanych w różny sposób, co potwierdza hipotezę, że niektóre miRNA mogą być istotne w interakcji gospodarz-patogen. Wyniki te mają istotne znaczenie dla badań nad odpowiedzią immunologiczną na zakażenie CAstV, w której pośredniczą miRNA, jak również nad interakcją pomiędzy gospodarzem a wirusem.

Analysis of miRNA expression profiles in chicken spleens infected with chicken astrovirus

JOANNA SAJEWICZ-KRUKOWSKA¹, PAWEŁ MIROSLAW², JAN PAWEŁ JASTRZĘBSKI³,
KATARZYNA DOMAŃSKA-BLICHAZ¹, KAROLINA TARASIUK,
BARBARA MARZEC-KOTARSKA

¹National Veterinary Research Institute, Department of Poultry Diseases, Pulawy, Poland

²Foundation of Research and Science Development, Warsaw, Poland

³Department of Plant Physiology, Genetics and Biotechnology,

Faculty of Biology and Biotechnology, University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Olsztyn, Poland

⁴Medical University of Lublin, Department of Clinical Pathomorphology, Lublin, Poland

Non-coding RNAs have superior regulatory functions involved in the recognition of specific sequences within the genome. A special role in the large family of non-coding RNAs has been attributed to the short 19-25 nucleotide microRNA (miRNA) found in animals including human and poultry. miRNAs have emerged as a class of crucial regulators for gene expression and are involved in the regulation of virus defence and immunological processes.

Astrovirus infections pose a significant problem in the poultry industry, leading to multiple adverse effects such as a decreased egg production, breeding disorders, poor weight gain, and even increased mortality. The commonly observed chicken astrovirus (CAstV) was recently reported to be responsible for the “white chicks syndrome” associated with an increased embryo/chick mortality. CAstV-mediated pathogenesis in chickens occurs due to complex interactions between the infectious pathogen and the immune system. Many aspects of CAstV–chicken interactions remain unclear, and there is no information available regarding possible changes in microRNAs (miRNAs) expression in the chicken spleen in response to CAstV infection in chickens.

The objective of this study was to identify miRNAs associated with CAstV infection in chicken spleens. By comparing these data to healthy chickens, a total of 58 differentially expressed (DE) miRNAs were identified (19 downregulated and 39 upregulated). The bioinformatics prediction of target genes of differentially expressed miRNAs using miRDB identified 403 targets for miRNAs. The predicted target genes were used for Gene Ontology (GO) analysis using DAVID 8.6. and showed many significant terms to be enriched. These terms included binding activities, apoptosis and transcription regulation, and cell proliferation. Functional pathway analysis of KEGG database showed that the predicted targets of these miRNAs were significantly enriched in several pathways including MAPK signaling pathway, Gap junction, Regulation of actin cytoskeleton, Adrenergic signaling in cardiomyocytes, Phosphatidylinositol signaling system, mTOR signaling pathway and ErbB signaling pathway.

To our knowledge, this is the first study on miRNA gene expression in CAstV infected chickens using a deep sequencing approach. During CAstV infection, many host miRNAs were differentially regulated, supporting the hypothesis that certain miRNAs might be essential in the host-pathogen interactions. These results are significant for the study of immune responses to infection with CAstV mediated by miRNAs as well as the interaction between the chicken host and the virus.

Wpływ nanofungicydów na mikrobiom glebowy

SŁAWOMIR SUŁOWICZ^{1*}, ANNA MARKOWICZ¹, MATEUSZ DULSKI², ANNA NOWAK³,
KINGA BONDARCZUK⁴, 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 Instytut Fizyki Jądrowej im. Henryka Niewodniczańskiego, Polska Akademia Nauk,
Radzikowskiego 152, 31-342 Kraków

⁴ Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Wydział Lekarski,
Centrum Bioinformatyki i Analizy Danych, Jerzego Waszyngtona 13A, 15-269 Białystok

*e-mail: slawomir.sulowicz@us.edu.pl

Wprowadzenie do powszechnego użycia nanopestycydów wiąże się z nadzieją, że będą one bezpieczniejsze w porównaniu do tradycyjnych pestycydów. Przeprowadzone badanie skupiło się na ocenie ryzyka środowiskowego poprzez określenie wpływu zsyntetyzowanych nanofungicydów (kaptanu na nanonośniku $\text{ZnO}_{35-45\text{nm}}$ i $\text{SiO}_{2\ 20-30\text{nm}}$) na bakteryjny i grzybowy mikrobiom glebowy w oparciu o wyniki NGS genu 16S rRNA i sekwencji ITS. Zmiany oceniano w badaniu typu microcosm w 1, 30, 42 i 100 dniu od wprowadzenia nanomateriałów do gleby z sadu, w którym od lat stosowane są pestycydy. Pomimo niskiego stężenia substancji aktywnej w nanofungicydach, wykazywały one wysoką 43–61% skuteczność równoważnej dawki fungicydu. Analiza PCoA wskazuje, że w przeciwieństwie do kaptanu, wpływ nanofungicydów na strukturę zespołu mikroorganizmów nie będących celem ich działania był nieistotny. Związanie pestycydu z nanonośnikiem może pozwolić na redukcję ilości wprowadzanych do środowiska substancji aktywnych a przez to zmniejszenie ryzyka środowiskowego.

Projekt jest sfinansowany ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach grantu SONATA 13 (nr rejestracyjny 2017/26/D/NZ9/00448).

Effect of nanofungicides on soil microbiome

The introduction of nanopesticides to widespread use is considered safer than traditional pesticides. This study focused on environmental risk assessment based on the effect of nanofungicides (captan bound with $\text{ZnO}_{35-45\text{nm}}$ and $\text{SiO}_{2\ 20-30\text{nm}}$ nanocarriers) on the bacterial and fungal soil microbiome (NGS of 16S rRNA and ITS sequences). The impact was evaluated during 100-day microcosm study using soil from an orchard. Despite to low content of captan in nanofungicides, the antifungal efficiency was maintained at 43–61% compared to the equivalent fungicide dose. In contrast to captan, analysis of beta-diversity based on PCoA showed that the influence of nanofungicides on non-target soil microorganisms was negligible. The obtained results indicate that the binding of the pesticide with the nanocarrier may reduce the amount of active substances introduced into the environment.

This study is supported by a grant from the National Science Centre, Poland (SONATA 13, 2017/26/D/NZ9/00448).

Substancje bioaktywne z rodziny *Brassicaceae* jako alternatywa dla syntetycznych fungicydów i ich wpływ na różnorodność grzybów glebowych

PATRYCJA TARNAWSKA¹, MARIA SWIONTEK BRZEZIŃSKA¹, KRYSZYNA PAŁUBICKA¹,
KORNELIA KRAJNIK¹, ALEKSANDRA BURKOWSKA-BUT¹, JOANNA ŚWIĄTACZAK¹,
KATARZYNA DEMBIŃSKA, AGNIESZKA KALWASIŃSKA¹

¹Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu¹

Celem badań było opracowanie preparatu opartego na substancjach czynnych pochodzenia naturalnego do ochrony sadzonek roślin przed patogenami grzybiczymi oraz ocena jego wpływu na zbiorowiska grzybów w glebie uprawnej. Do testów przeciwko patogenom (*Fusarium solani*, *F. oxysporum*, *F. culmorum*, *Botrytis cinerea* i *Alternaria alternata*) wybrano trzy substancje biobójcze obecne w roślinach *Brassicaceae*, tj. kwas p-kumarowy (p-CA), rutynę i kwercetynę. Celem porównawczym posłużył fungicyd syntetyczny – Porter 250 EC. Spośród substancji naturalnych p-CA wykazywał najlepszą aktywność przeciwgrzybiczą. Powlekanie nasion roślin uprawnych preparatem na bazie p-CA skutkowało znacznym ograniczeniem wzrostu większości badanych patogenów. Po wprowadzeniu do gleby, zarówno preparat na bazie p-CA, jak i Porter 250 EC wykazały podobny ogólny wpływ na zbiorowiska grzybów glebowych i znacząco zmieniały ich strukturę w każdym z badanych czasów (T0, T14, T28). Zmiany w składzie zbiorowisk grzybów dotyczyły mniej niż 2% całkowitej liczby ASV. Najsilniejszy wpływ preparatów odnotowano w czwartym tygodniu. Dwa ASV przypisane do *Botrytis* i *Chromelosporium* – patogeny roślinne oraz niezidentyfikowany ASV z *Diversisporales* obejmujący grzyby mikoryzy arbuskularnej (AMF) istotnie zubożały w próbkach gleby poddanych działaniu p-CA w porównaniu z Porter 250 EC. Preparat na bazie p-CA może stanowić alternatywę dla syntetycznych fungicydów, potrzebne są jednak dalsze badania.

Bioactive substances from the *Brassicaceae* family as an alternative to synthetic fungicides and their effect on the soil fungal diversity

The study aimed to develop a new formulation based on active substances of natural origin to protect plant seedlings against fungal pathogens and to evaluate its effect on fungal communities in arable soil. Three biocidal substances found in plants of the *Brassicaceae*, p-coumaric acid (p-CA), rutin and quercetin were selected for testing against fungal pathogens (*Fusarium solani*, *F. oxysporum*, *F. culmorum*, *Botrytis cinerea*, and *Alternaria alternata*). Synthetic fungicide Porter 250 EC was used for comparative purposes. Among natural origin, p-CA showed the best antifungal activity. Coating seeds of common crop plants with p-CA-based preparation resulted in a significant reduction of growth of most of the tested pathogens. When applied to soil, both p-CA-based formulation, and Porter 250 EC had a similar overall effect on soil fungal communities and significantly altered the structure of fungal communities at any of the times examined (T0, T14, T28). Shifts in the fungal community composition concerned less than 2% of the total number of ASVs. The strongest impact of the formulations on soil microbiota was recorded at the fourth week of

treatment. Two ASVs assigned to *Botrytis* and *Chromelosporium* – plant pathogens, as well as unidentified ASV from *Diversisporales* encompassing the arbuscular mycorrhizal fungi (AMF), were significantly depleted in soil samples treated with p-CA compared to Porter 250 EC. The main conclusion was that p-CA-based preparation has the potential to be used as an alternative to synthetic fungicides. However, further research in this area is needed.

Jak metale toksyczne zmieniają mykobiom rośliny?

RAFAŁ WAŻNY¹, ROMAN J. JĘDRZEJCZYK¹, AGNIESZKA DOMKA¹,
WERONIKA KOSOWICZ¹, ARTUR PLISZKO², OLIWIA ŚMIESZEK¹, PIOTR ROZPĄDEK¹

¹Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

²Instytut Botaniki, Wydział Biologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

Abstrakt w języku polskim: Mikroorganizmy symbiotyczne pełnią kluczową rolę w adaptacji rośliny do zmieniających się warunków środowiska. Celem pracy była ocena oddziaływania metali toksycznych obecnych w glebie na różnorodność mykobioty *Arabidopsis arenosa*. Materiał badawczy pochodził z hałdy cynkowo-ołowiowej oraz referencyjnej powierzchni badawczej, nieskażonej metalami toksycznymi. Bardzo wysokie stężenie metali na hałdzie znalazło odzwierciedlenie w ograniczeniu różnorodności flory oraz różnorodności mikroorganizmów glebowych. W endosferze *A. arenosa* pochodzącej z terenu skażonego metalami toksycznymi stwierdzono mniejszą liczbę taksonów endofitów grzybowych w porównaniu z populacją referencyjną. Zbiorowiska grzybów występujących zarówno w korzeniach jak i częściach nadziemnych były zdominowane przez dwie gromady grzybów: *Ascomycota* i *Basidiomycota*. Wyniki badań środowiskowych zostały potwierdzone w eksperymencie rekonstrukcyjnym w warunkach laboratoryjnych. Zmiany zachodzące w mykobiomie były wynikiem oddziaływania metali na roślinę oraz oddziaływania metali bezpośrednio na endofita. Metale toksyczne odegrały istotną rolę w kształtowaniu zbiorowisk grzybów endofitycznych. Poznanie struktury tych zbiorowisk może mieć zastosowanie w bioremediacji oraz rolnictwie.

Badania były finansowane przez Narodowe Centrum Nauki (2017/27/B/NZ8/01199)

How do toxic metals change the plant mycobiome?

Abstrakt w języku angielskim: Microorganisms play a key role in plant adaptation to changes in environment. The aim of the research was evaluation the role of toxic metals present in the soil on the biodiversity of mycobiota in model plant *Arabidopsis arenosa*. The material was collected from the zinc-lead heap and the reference area. Very high concentration of toxic metals on the heap was reflected in the limitation of the diversity of flora and the diversity of soil microorganisms. In the endosphere of *A. arenosa* from toxic metal – polluted area, a lower number of endophytic fungal taxa was found compared to the reference population. The communities of fungi in the roots and in the shoots were dominated by two phyla: *Ascomycota* and *Basidiomycota*. The results of environmental studies were confirmed in a reconstruction experiment in laboratory. The effect of metals on the plant and the effect of metals directly on the endophyte were determinants of changes in the plant mycobiome. Toxic metals played an important role in shaping the communities of endophytic fungi. Thus, understanding the structure of these communities can be utilized in bioremediation and agriculture.

This work was supported by National Science Center (2017/27/B/NZ8/01199)

Metagenomiczne, funkcjonalne i sezonowe rozpoznanie mikrobiomu zasiedlającego osady denne Stawu Kardynalskiego w Ślesinie

AGNIESZKA WOLIŃSKA¹, ANNA KRUCZYŃSKA¹, JAROSŁAW GRZĄDZIEL²,
ANNA GAŁĄZKA², AGNIESZKA KUŹNIAR¹

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

²Instytut Uprawy, Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy,
Zakład Mikrobiologii Rolniczej, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Cel badań stanowiło rozpoznanie struktury i aktywności metabolicznej mikroorganizmów zdolnych do bytowania w ekstremalnym środowisku, jakim są osady denne i obserwacja ich zmian w cyklu rocznym. Do badań wiosną, latem, jesienią i zimą ze Stawu Kardynalskiego w Ślesinie, eksploatowanego jako staw do hodowli karpia królewskiego pobierano po 10 reprezentatywnych prób. W celu kompleksowego rozpoznania bioróżnorodności zastosowano dwie techniki badawcze: Sekwencjonowanie Następnej Generacji (Illumina) oraz Biolog EcoPlate. Wykazano, że na poziomie typów w strukturze osadów dominują Proteobacteria, Acidobacteria i Bacteroidetes, klasy reprezentowane są głównie przez Beta- i Gammaproteobacteria, zaś wśród rodzajów dominują przedstawiciele *Thiobacillus*, Gp3, Gp13 i Gp18. Lato okazało się być sezonem najbardziej modyfikującym strukturę mikrobiomu osadów dennych. Zarówno wskaźnik AWCD, jak i H' osiągały maksymalne wartości latem, a następnie zimą, jesienią i wiosną. Wśród źródeł węgla najszybciej metabolizowane były kwasy karboksylowe i węglowodany, zaś aminy i amidy oraz polimery utylizowane były w najniższym procencie.

Badania sfinansowane przez Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II w ramach grantów uniwersyteckich.

Metagenomic, functional and seasonal recognition of the microbiome inhabiting the bottom sediments of the Cardinal Pond in Ślesin

The aim of the study was to identify the structure and metabolic activity of microorganisms capable of living in an extreme environment such as bottom sediments and to observe their changes during the annual cycle. Ten representative samples were taken from the Cardinal Pond in Ślesin, used as a king carp breeding pond, for spring, summer, autumn, and winter studies. Two research techniques were used: Next Generation Sequencing (Illumina) and Biolog EcoPlate. It was shown that at the phylum level the sediments structure is dominated by Proteobacteria, Acidobacteria and Bacteroidetes, classes are mainly represented by Beta- and Gammaproteobacteria, while among genera the representatives of *Thiobacillus*, Gp3, Gp13 and Gp18 dominate. Summer proved to be the season most modifying the structure of the bottom sediment microbiome. Both AWCD and H' indices reached maximum values in summer, followed by winter, autumn and spring. Among the carbon sources, carboxylic acids and carbohydrates were the most rapidly metabolized, while amines and amides and polymers were utilized in the lowest percentage.



POSTERY

Mykotoksyny fuzaryjne w produktach przemiału ziarna jako wskaźnik jakości

EDYTA ALEKSANDROWICZ

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

Mykotoksyny są to metabolity wtórne produkowane przez grzyby z rodzaju *Fusarium*. Literatura donosi, iż zasiedlanie tymi grzybami produkującymi m.in. deoksynivalenol, zearalenon, czy toksynę T-2/HT-2 może odbywać się w okresie od fazy kłoszenia do fazy dojrzałości młecznej w sprzyjających warunkach. Celem badań było określenie zawartości mykotoksyn fuzaryjnych: deoksynivalenolu (DON), zearalenonu (ZEA) i toksyny T-2/HT-2 w dwóch frakcjach przemiału: mące i otrębach u różnych odmian pszenicy ozimej, jarej i pszenżyta.

Analizy próbek mąki i śruty pochodzących z doświadczenia polowego wykazały, że największa ilość toksyny T-2/HT-2 była kumulowana w otrębach u wszystkich odmian pszenżyta oraz większości odmian pszenicy ozimej i jarej. W podanych przypadkach ilość ta przekraczała dopuszczalny bezpieczny poziom do spożycia. W przypadku tylko 2 odmian pszenicy ozimej (odmiana Galvano i Credo) nie stwierdzono tej toksyny w otrębach jak również w mące.

Realizacja tematu miała charakter poznawczy określający czy istnieje zależność między ilością mykotoksyn zawartych w poszczególnych częściach przemiału a odmianą. Stwierdzono, że zawartość mykotoksyn w poszczególnych frakcjach zależała głównie od gatunku i odmiany.

Fusarium mycotoxins in grain mill products as an indicator of quality

Mycotoxins are secondary metabolites produced by *Fusarium* fungi. The literature reports that the colonization of these fungi, among others, deoxynivalenol, zearalenone and T-2/HT-2 toxin can take place in the period from the heading stage to the stage of milk maturity under favorable conditions. The aim of the study was to determine the content of *Fusarium* mycotoxins: deoxynivalenol (DON), zearalenone (ZEA) and T-2/HT-2 toxin in two milling fractions: flour and bran in various varieties of winter wheat, spring wheat and triticale.

The analyzes of flour and whole wheat flour samples from the field experiment showed that the highest amount of T-2/HT-2 toxin was accumulated in bran in all triticale cultivars and in most winter and spring wheat cultivars. In the mentioned cases, this amount exceeded the acceptable safe level for consumption. In the case of only 2 examined varieties of winter wheat (Galvano and Credo), this toxin was not found in bran and flour. The realization of the topic was cognitive, determining whether there is a relationship between the amount of mycotoxins contained in individual parts of grain and the variety. It was found that the content of mycotoxins in particular fractions depended mainly on the species and cultivar.

Rola typu siedliska leśnego w kształtowaniu właściwości mikrobiologicznych i enzymatycznych gleby

MAŁGORZATA BAĆMAGA, JADWIGA WYSZKOWSKA, JAN KUCHARSKI,
AGATA BOROWIK

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

Celem pracy była ocena wpływu typu siedliska leśnego (bór świeży – Fc, bór mieszany świeży – Fm, las mieszany świeży – Mf i lasy mieszany wilgotny – Mm) na właściwości mikrobiologiczne i biochemiczne gleb. Oceny tej dokonano w oparciu o liczebność, różnorodność i strukturę zespołów bakterii oraz aktywność enzymatyczną gleby. Najwięcej bakterii organotroficznych i promieniowców namnażało się w glebie pochodzącej z Fm. Bakterie organotroficzne namnażały się w glebie szybciej niż promieniowce, co świadczy o ich przynależności do r-strategów, natomiast promieniowce reprezentowane były przez K-strategi. W glebach najliczniej występowały bakterie z klas *Alphaproteobacteria* (typ *Proteobacteria*), kolejno *Actinobacteria* (typ *Actinobacteria*) i *Acidobacteriia* (typ *Acidobacteria*). W obrębie phylum *Proteobacteria* dominowały bakterie z rodzaju *Rhodoplanes*, *Actinobacteria* – *Mycobacterium*, natomiast *Acidobacteria* – *Candidatus Solibacter*. Biorąc pod uwagę biochemiczny wskaźnik jakości gleby BA najbardziej żyzna była gleba pochodząca z siedliska Fc2.

Role of forest type in determining microbial and enzymatic properties of soil

The aim of the present study was to investigate the effect of forest site type (fresh coniferous forest – Fc, fresh mixed coniferous forest – Fm, fresh mixed forest – Mf, and moist mixed forest – Mm) on the microbial bacterial and biochemical properties of the soil. Data for counts, diversity, and composition of bacterial communities, as well as soil enzymatic activity, was used for the assessment. Organotrophic bacteria and actinobacteria proliferated the most in soil from fresh mixed coniferous forest. Organotrophic bacteria grew faster than actinobacteria in the soil, indicating that the former were represented by r-strategists, and the latter – by K-strategists. *Alphaproteobacteria* (phylum *Proteobacteria*) were the dominant bacterial class in the soils, followed by *Actinobacteria* (phylum *Actinobacteria*) and *Acidobacteriia* (phylum *Acidobacteria*). Phyla *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, and *Acidobacteria* were most abundantly represented by genera *Rhodoplanes*, *Mycobacterium*, and *Candidatus Solibacter*, respectively. According to the biochemical soil quality index BA, the soil sampled from site Fc2 was the most fertile.

Wpływ nawożenia azotowego i sposobu uprawy na mikrobiom gleb rolniczych

ARTUR BANACH¹, AGNIESZKA KUŹNIAR¹, ANNA KRUCZYŃSKA¹, SARA JURCZYK²,
ANNA SOCHACZEWSKA¹, AGNIESZKA WOLIŃSKA¹

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

²Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Katedra Sztucznej Inteligencji, Konstantynów 1H, 20-708 Lublin

Celem pracy było określenie w jaki sposób uprawy (orkowa – bezorkowa) oraz wielkość nawożenia azotowego (0–200 kg N/ha) wpływają na skład mikrobiomu glebowego, w szczególności na rodzaje mikroorganizmów uczestniczących w wiązaniu azotu, podczas uprawy kukurydzy. Mikrobiom badanych gleb ulegał przekształceniu w okresie prowadzonych badań, wykazując większą różnorodność po zbiorze plonów ($p < 0,001$) oraz w systemie bezorkowym ($p < 0,001$). Najliczniejsi byli przedstawiciele rodzajów *Sphingomonas* (6,8%), *Flavobacterium* (3,5%), *Arenimonas* (2,8%), *Stenotrophobacter* (1,5%) *Mucilaginibacter* (1,3%) oraz *Chryseolinea* (1,2%). Spośród bakterii wiążących azot (Rhizobiales i Burkholderiales) *Hyphomicrobium* sp., *Methylobacterium* sp. oraz *Bradyrhizobium* sp. przeważały w uprawie bezorkowej w początkowym okresie badań ($p < 0,001$), podczas gdy po zbiorze plonu zanotowano wyraźny wzrost liczebności *Devosia* sp., *Methylobacterium* sp., *Rhizobium* sp. oraz *Rhodopseudomonas* sp. w uprawie orkowej ($p < 0,001$).

The influence of N-fertilization and way of soil cultivation on the microbiome of agricultural soils

The aim of the work was determination how the way of soil tillage (plowing – no-plowing) and level of fertilization (0–200 kg N/ha) affect soil microbiome composition, in particular nitrogen fixing bacteria, during corn cultivation. The microbiome of studied soils changed during the study, showing greater diversity after harvesting ($p < 0.001$) and no-plowing mode ($p < 0.001$). The most abundant were representatives of *Sphingomonas* (6.8%), *Flavobacterium* (3.5%), *Arenimonas* (2.8%), *Stenotrophobacter* (1.5%) *Mucilaginibacter* (1.3%) and *Chryseolinea* (1.2%) genera. Among nitrogen-fixing bacteria (Rhizobiales and Burkholderiales), *Hyphomicrobium* sp., *Methylobacterium* sp. and *Bradyrhizobium* sp. prevailed in no-plowing mode in the initial period of the study ($p < 0.001$), while a significant increase in the abundance of *Devosia* sp., *Methylobacterium* sp., *Rhizobium* sp. and *Rhodopseudomonas* sp. was observed in the plowing mode ($p < 0.001$).

Praca naukowa dofinansowana 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

Kształtowanie się różnorodności grzybów glebowych pod wpływem wprowadzonego hydrolizatu keratynowego

JUSTYNA BOHACZ, MICHAŁ MOŻEJKO

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Wydział Agrobioinżynierii,
Katedra Mikrobiologii Środowiskowej, ul. Leszczyńskiego 7, 20-069 Lublin

W ostatnich latach szczególnie wzrasta zainteresowanie w zakresie opracowywania i wdrażania biopreparatów mikrobiologicznych do użyźniania gleby i nawożenia roślin. Celem pracy było określenie wpływu biopreparatów otrzymanych na drodze grzybowej biodegradacji poprodukcyjnego pierza kurcząt na różnorodność grzybów w glebie bielcowej z obsadą i bez obsady roślin. Do oznaczenia bioróżnorodności grzybów glebowych zastosowano sekwencjonowanie następnej generacji (NGS) w odniesieniu do regionu ITS1 na platformie Illumina MiSeq. Wykazano, że nawożenie hydrolizatem keratynowym zmienia skład taksonomiczny grzybów już w pierwszych dniach doświadczenia. W glebie nienawożonej hydrolizatem dominującym taksonem były rodziny Plecosphaerellaceae, Nectriaceae, Chaetomiaceae, które stanowiły odpowiednio 6,4%, 2,7% i 2,5 % całej puli OTU. Po wprowadzeniu hydrolizatu zmniejszyła się rodzina Nectriaceae. Najliczniejszą część mykobioty stanowiły grzyby z rodzaju *Mortierella* tj. 23,0% całej puli OTU w wariancie bez hydrolizatu i 23,3 % z hydrolizatem. Grzyby te uznawane są jako bionawozy poprawiające wzrost roślin.

Badania finansowane ze środków Wojewódzkiego Funduszu Ochrony Środowiska i Gospodarki Wodnej w Lublinie, Nr 8/2020/D/IN

Impact of introduced keratin hydrolyzate on soil fungal diversity

In recent years, increasing interest in the development and use of microbiological biopreparations for soil fertilization as well as treatment of plants has been recorded. The aim of the study was to determine the effect of biopreparations obtained via fungal biodegradation of post-production chicken feathers on the diversity of fungi in podzolic soil with and without plant cultivation. The biodiversity of soil fungi was determined with the use of next generation sequencing (NGS) of the ITS1 region on the Illumina MiSeq platform. It was shown that the keratin hydrolyzate fertilization changed the taxonomic composition of fungi already on the first days of the experiment. The dominant taxa in the hydrolyzate non-fertilized soil represented the families Plecosphaerellaceae, Nectriaceae, and Chaetomiaceae, which accounted for 6.4%, 2.7%, and 2.5 % of the total OTU pool, respectively. After the application of the hydrolyzate, the abundance of the Nectriaceae family declined. The most numerous part of the entire mycobiome were fungi of the genus *Mortierella*, which constituted 23.0% and 23.3% of the total OTU pool in the variants without and with the hydrolyzate, respectively. These fungi are regarded as biofertilizers improving plant growth.

Research financed by the Provincial Fund for Environmental Protection and Water Management in Lublin, No. 8/2020/D/IN

Oddziaływanie metali ciężkich na bakterie w ryzosferze *Elymus elongatus* i *Zea mays*

EDYTA BOROS-LAJSZNER, JADWIGA WYSZKOWSKA, AGATA BOROWIK,
JAN KUCHARSKI

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Rośliny i związane z nimi mikroorganizmy stanowią efektywne narzędzie oczyszczania środowiska glebowego z zanieczyszczeń, min. metali ciężkich. Celem badań było określenie zmian powodowanych przez Ni^{2+} , Co^{2+} i Cd^{2+} w różnorodności genetycznej bakterii w glebie oraz określenie wpływu tych metali na wartość opałową *Elymus elongatus* i *Zea mays*. Jest to szczególnie istotne, gdyż mikroorganizmy wspomagają rośliny w usuwaniu metali ciężkich z gleby, które następnie można przeznaczyć na cele energetyczne.

Stwierdzono, że bakterie organotroficzne są najbardziej odporne na działanie Co^{2+} , a promieniowce na działanie Cd^{2+} . Najbardziej negatywnie na różnorodność genetyczną bakterii na wszystkich poziomach taksonomicznych działał kadm w glebie obsianej *Zea mays*. Bakterie należące do rodzaju: *Arthrobacter*, *Rhodoplanes*, *Kaistobacter*, *Devosia* i *Phycococcus*, *Thermomonas* charakteryzują się wysoką tolerancją na zanieczyszczenie gleby Ni^{2+} , Co^{2+} i Cd^{2+} . Zatem wśród tych rodzajów bakterii należy poszukiwać mikroorganizmów przydatnych w bioaugmentacji gleb zanieczyszczonych tymi metalami ciężkimi. Ni^{2+} , Co^{2+} i Cd^{2+} nie zmieniają wartości opałowej *Elymus elongatus* i *Zea mays*. Wartość opałowa 1 kg powietrznie suchej masy testowanych roślin była stosunkowo wysoka i wahała się od 14,6 do 15,1 MJ. *Elymus elongatus* jest bardziej przydatny w procesie fitoremediacji niż *Zea mays*.

The influence of heavy metals on bacteria in the rhizosphere of *Elymus elongatus* and *Zea mays*

Plants, and microorganisms associated with them, offer an effective tool for removing pollutants, such as heavy metals, from the soil environment. The aim of this study was to determine changes caused by Ni^{2+} , Co^{2+} , and Cd^{2+} in the genetic diversity of soil-populating bacteria and the effect these heavy metals on the heating value of elongated coach grass (*Elymus elongatus* L.) and maize (*Zea mays* L.). Microorganisms support plants in removing heavy metals from soil. These plants can then be used for energetic purposes. Organotrophic bacteria turned out to be the most resistant to Co^{2+} , whereas actinobacteria – to Cd^{2+} effects. At all taxonomic levels, the genetic diversity of bacteria was most adversely influenced by Cd^{2+} in the soil sown with *Zea mays* L. Bacteria belonging to *Arthrobacter*, *Rhodoplanes*, *Kaistobacter*, *Devosia*, *Phycococcus*, and *Thermomonas* genera showed high tolerance to soil pollution with Ni^{2+} , Co^{2+} , and Cd^{2+} , hence they should be perceived as potential sources of microorganisms useful for bioaugmentation of soils polluted with these heavy metals. Ni^{2+} , Co^{2+} , and Cd^{2+} had no effect on the heating value of *Elymus elongatus* L. and *Zea mays* L. The heating value of 1 kg of air-dry biomass of the tested plants was relatively high and ranged from 14.6 to 15.1 MJ. *Elymus elongatus* L. proved more useful in phytoremediation than *Zea mays* L.

Poszukiwanie mechanizmów odpowiedzialnych za uwalnianie fosforu z podłoża przez mikroorganizmy

ALEKSANDRA BRANKIEWICZ, RAFAŁ WAŻNY, ROMAN J. JĘDRZEJCZYK,
AGNIESZKA DOMKA, OLIVIA ŚMIESZEK, PIOTR ROZPĄDEK

Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

Abstrakt w języku polskim: Fosfor jest jednym z podstawowych makroelementów, niezbędnych do wzrostu i rozwoju roślin. Zasoby tego pierwiastka w glebie są ograniczone, stąd konieczne jest uzupełnianie jego niedoboru. Odbywa się to głównie przez stosowanie nawozów mineralnych na bazie fosforytów. Zmniejszające się światowe zasoby fosforytów skłaniają do poszukiwania alternatywnych źródeł zaopatrywania roślin w fosfor. Jednym z nich jest wykorzystanie mikroorganizmów do zwiększania przyswajania fosforu obecnego w glebie przez roślinę. Mechanizmy determinujące gospodarkę fosforową mikroorganizmów endofitycznych nie są poznane. Celem pracy była selekcja endofitów zdolnych do rozpuszczania fosforanów zawartych w podłożu, a następnie identyfikacja mechanizmów odpowiedzialnych za ten proces. Wykorzystanie w badaniach przedstawicieli różnych królestw pozwoli odpowiedzieć na pytanie, czy te mechanizmy są uniwersalne. Zdecydowana większość endofitów grzybowych była zdolna do uwalniania fosforu. Spośród 84 szczepów bakterii niespełna połowa wykazało takie zdolności. Zidentyfikowano gatunki, w obrębie których były szczepy zdolne do uwalniania fosforu oraz niewykazujące takich właściwości. Analiza transkryptomyczna pozwoli określić mechanizmy determinujące gospodarkę fosforową organizmów endofitycznych.

Badania były finansowane przez Narodowe Centrum Nauki (2017/27/B/NZ8/01199)

In search for microorganism related phosphorus mobilization mechanisms

Abstrakt w języku angielskim: Phosphorus is one of the basic macronutrients that are necessary for plant growth and development. The resources of this element in the soil are limited, therefore it is necessary to supplement its deficiency. This is done mainly through the use of mineral fertilizers based on phosphate rock. The declining global reserves of phosphates encourage to look for alternative sources of phosphorus supply for plants. One of them is the modification of soil microbiota towards increased absorption of phosphorus present in the soil by the plant. The aim of the study was to select endophytes capable of dissolving phosphates, and then to identify the mechanisms responsible for this process. Utilization of representatives of different kingdom allows us to answer the question whether these mechanisms are universal. The vast majority of fungal endophytes were capable to solubilize phosphorus. Among 84 strains of bacteria, less than half showed such abilities. Species in which strains with the ability to solubilize phosphorus and devoid of such properties were found. The mechanisms determining the phosphorus nutrition of these strains are identified on the basis of transcriptomic analyses.

This work was supported by National Science Center (2017/27/B/NZ8/01199)

Otoczkowanie nasion – jak zapewnić lepszy start roślinie

JAROSŁAW CIEPIEL

Zakład Mikrobiologii Rolniczej

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy (IUNG-PIB)

Otoczkowanie nasion jest jedną z metod poprawy materiału siewnego. Polega na mechanicznym okryciu nasiona funkcjonalną powłoką, którą możemy w zależności od potrzeby modyfikować dodając m.in.: środki ochrony roślin, stymulatory kiełkowania, mikroelementy, czy substancje wiążące wilgoć. Substancje stosowane w powlekaniu nasion dzielimy na spoiwa i wypełniacze. Spoiwa to polimery, naturalne, jak i syntetyczne, zapewniają przyczepność i spójność materiału na nasionach oraz zatrzymanie składników aktywnych. Najczęściej stosowane spoiwa to: metyloceluloza, glikol polietylenowy, chitozan, alkohol poliwinylowy, etyloceluloza, octan poliwinylu i guma arabska.

Wypełniaczami są zwykle substancje sypkie, takie jak bentonit, węgiel wapnia, talk, ziemia okrzemkowa, torf, itp. Właściwości fizyczne i chemiczne wypełniaczy, w połączeniu ze spoiwem, zapewniają szerokie spektrum kombinacji wyników mechanicznych i biologicznych dla powłok.

Obecne badania nad możliwością zastosowania otoczkowanych nasion w praktyce rolniczej skupiają się głównie na optymalnym doborze komponentów otoczki, w celu zapewnienia pozytywnego wpływu na wzrost i rozwój roślin.

Seed Coating – how to give the plant a better start

Seed coating is one of the methods of seed improvement. It involves applying a functional cover into the seeds. The cover content can be modified depending on the need by adding e.g.: plant protection agents, germination stimulators, microelements or humidity binding substances. Substances used in seed coating are divided into binders and fillers. Binders are polymers, both natural and synthetic, which ensure the adhesion and cohesion of the material on the seed and the retention of active ingredients. The most commonly used binders are: methyl cellulose, polyethylene glycol, chitosan, polyvinyl alcohol, ethyl cellulose, polyvinyl acetate and arabic gum.

The fillers are usually free-flowing substances such as bentonite, calcium carbonate, talc, diatomaceous earth, peat, etc. The physical and chemical properties of the fillers, in combination with the binder, provide a wide range of combinations of mechanical and biological characteristics for coatings.

Current research on the applicability of encapsulated seeds in agricultural practice is mainly focused on the optimal selection of the encapsulation components to ensure positive effects on plant growth and development.

*The research was carried out as part of the pre-implementation project Innovation Incubator 4.0;
no 1/ININ 4.0/IUNG-PIB/2021*

Analiza metataksonomiczna zbiorowisk grzybów w profilu gleby płowej pod uprawą pszenicy

MAGDALENA FRĄC^{*1}, AGATA GRYTA¹, ANNA PIOTROWSKA-DŁUGOSZ²

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk
ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

²Katedra Biogeochemii i Gleboznawstwa, Wydział Rolnictwa i Biotechnologii,
Politechnika Bydgoska, ul. Bernardyńska 6, 85-029 Bydgoszcz

^{*}m.frac@ipan.lublin.pl

Pomimo wielu prac dotyczących mikrobiomu środowiska glebowego, zagadnienie to wymaga wciąż badań, zwłaszcza w kontekście rozpoznania zbiorowisk grzybów występujących w głębszych warstwach profilu glebowego. Celem badań było określenie zmian w składzie mikrobiomu grzybowego w profilu gleby płowej pod uprawą pszenicy. Próbkę gleby pobrano z pięciu poziomów genetycznych profilu gleby płowej typowej: Ap, Eet, EB, Bt, Ck, które obejmowały odpowiednio następujące głębokości: 0–32, 32–46, 46–58, 58–135, >135 cm. Badania obejmowały określenie mykobiomu poszczególnych warstw profilu glebowego na podstawie sekwencjonowania regionu markerowego ITS1 badanych próbek z wykorzystaniem technologii Illumina MiSeq.

Analiza skupień wykazała, że próbki pobrane z wierzchnich warstw profilu glebowego (Ap, Eet) charakteryzowały się odmiennym mikrobiomem grzybów w porównaniu do głębszych poziomów (EB, Bt). Mykobiom najgłębszej warstwy gleby był odmienny od pozostałych lub grupował się w obrębie klastra (EB, Bt), w zależności od rozpatrywanego poziomu taksonomicznego. W wierzchnich warstwach gleby dominowały przedstawiciele klas Sordariomycetes i Tremellomycetes, a w głębszych Leotiomycetes i Eurotiomycetes. Ponadto, w najgłębszej warstwie stwierdzono występowanie przedstawicieli Dothideomycetes, Eudicotyledonae i Oomycetes.

Praca sfinansowana przez Narodowe Centrum Nauki, Opus 15, 2018/29/B/NZ9/00982

Metataxonomic analysis of fungal community in the soil profile of Haplic Luvisols under wheat cultivation

Despite many studies on the soil microbiome, this issue still requires research, especially in the context of recognizing the communities of fungi occurring in the deeper layers of soil profile. The aim of the research was to determine the changes in the composition of the fungal microbiome in the soil profile under wheat cultivation. Soil samples were collected from five genetic horizon of a Haplic Luvisols profile: Ap, Eet, EB, Bt, Ck, which covered the following depths, respectively: 0–32, 32–46, 46–58, 58–135, >135 cm. The research included the determination of mycobiome in soil profile based on the ITS1 region sequencing by the Illumina MiSeq technology.

The cluster analysis showed that the samples from top soil layers (Ap, Eet) had a different mycobiome compared to the deeper (EB, Bt). Representatives of the Sordariomycetes and Tremellomycetes classes dominated in the upper soil layers, and Leotiomycetes and Eurotiomycetes in the deeper ones. Moreover, representatives of Dothideomycetes, Eudicotyledonae and Oomycetes were found in the innermost layer.

The research was supported by the National Science Centre, Poland, Opus15, 2018/29/B/NZ9/00982

Różnorodność mikrobiomu mady bardzo lekkiej z Małopolskiego Przełomu Wisły oraz jego reakcja na symulowaną powódź

KAROLINA FURTAK¹, ANNA GAŁĄZKA¹, JAROSŁAW GRZĄDZIEL

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

Mady rzeczne to gleby charakteryzujące się dużą żyznością. Zlokalizowane w dolinach rzek często bywają poddawane warunkom zalania wodami rzecznyymi. W prezentowanych badaniach dokonano analizy strukturalnej mikrobiomu mady bardzo lekkiej pochodzącej z Małopolskiego Przełomu Wisły (woj. lubelskie) oraz jego reakcji na warunki symulowanej powodzi.

W zalanej glebie odnotowano obecność trzech bakterii pochodzących z wody: *Aquabacterium*, Unclassified_CL0397 i Unclassified_CL0432. Stwierdzono również wzrost liczebności bakterii z rodzajów *Clostridium*, *Flavobacterium*, *Ilumatobacter* oraz Unclassified_CL0053. Co interesujące, w wyniku symulowanego zalania, w glebie stwierdzono obecność trzech bakterii, które nie zostały wykryte ani w wodzie, ani w glebie świeżej: *Anaeromyxobacter*, *Malikia* oraz Unclassified_CL0068.

Uzyskane wyniki pozwalają stwierdzić, że ekstremalne warunki wywołane symulowaną powodzią mają znaczący wpływ na mikroorganizmy glebowe,

*Badania wykonano w ramach realizacji dotacji dla młodych naukowców IUNG-PIB/MNiSW (2018):
Wpływ letnich powodzi na zmiany bioróżnorodności strukturalnej i funkcjonalnej mikrobiomu
wybranych mad rzecznych.*

Diversity of the microbiome of a very light river mud from the Lesser Poland Gorge of the Vistula and its response to a simulated flood

River muds (Fluvisols) are soils characterised by their high fertility. Located in river valleys, they are often subjected to conditions of inundation by river waters. In this study, the structural analysis of the microbiome of very light mud from the Lesser Poland Gorge of the Vistula (Lublin Voivodeship) and its reaction to simulated flood conditions were carried out.

The presence of three water-derived bacteria was recorded in the flooded soil: *Aquabacterium*, Unclassified_CL0397 and Unclassified_CL0432. There was also an increase in the abundance of bacteria from the genera *Clostridium*, *Flavobacterium*, *Ilumatobacter* and Unclassified_CL0053. Interestingly, following simulated flooding, three bacteria were found in the soil that were not detected in either water or fresh soil: *Anaeromyxobacter*, *Malikia* and Unclassified_CL0068.

The results obtained indicate that extreme conditions the extreme conditions caused by simulated flooding have a significant impact on soil microorganisms.

*The research was conducted within the grant for young scientists IUNG-PIB/ MNiSW (2018):
Influence of summer floods on changes in structural and functional biodiversity of microbiomes
of selected river muds.*

Określenie wpływu mocznika wzbogaconego mikrobiologicznie na potencjał metaboliczny mikroorganizmów glebowych w uprawie pszenicy ozimej

KAROLINA FURTAK^{1*}, ANNA GAŁĄZKA¹, KAROLINA GAWRYJOLEK¹,
AGNIESZKA RUTKOWSKA²

¹Zakład Mikrobiologii Rolniczej,

²Zakład Żywienia Roślin i Nawożenia,

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy,

ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy,

e-mail: *kfurtak@iung.pulawy.pl

Celem badań była ocena potencjału metabolicznego metodą Biolog® EcoPlate™ społeczności mikroorganizmów glebowych w uprawie pszenicy ozimej w zależności od dawki zastosowanego bionawozu wzbogaconego mikrobiologicznie.

Na polach doświadczalnych RZD IUNG-PIB w Baborówku (woj. wielkopolskie) zastosowano nowo opracowany bionawóz wytworzony z mocznika wzbogaconego pożytecznymi mikroorganizmami. Uwzględnione zostały następujące obiekty doświadczalne: kontrola bez nawożenia, kontrola ze standardowym nawożeniem NPK, mocznik w dawce 100% oraz mocznik wzbogacony mikrobiologicznie w dawkach 60 i 100%.

Uzyskane wyniki wskazują, że zarówno indeks AWCD, jak i Shannona były wyższe po zbiorach pszenicy. Ponadto, odnotowano wzrost aktywności metabolicznej po zastosowaniu mocznika wzbogaconego mikrobiologicznie.

Badania wykonano w ramach realizacji projektu BIO-FERTIL „Opracowanie technologii innowacyjnych nawozów mineralnych wzbogaconych mikrobiologicznie” BIOSTRATEG3/347464/5/INCBR/2017. Biostrateg, NCBR (2018-2021)

Determination of the effect of microbially enriched urea on the metabolic potential of soil microorganisms in winter wheat cultivation

The aim of the study was to evaluate the metabolic potential of soil microbial communities in winter wheat cultivation depending on the dose of microbially enriched biofertilizer applied.

A newly developed biofertilizer made of urea enriched with beneficial microorganisms was applied on experimental fields of RZD IUNG-PIB in Baborówko (Wielkopolskie Voivodeship). The following experimental objects were taken into account: control without fertilization, control with standard NPK fertilization, urea in dose of 100% and microbially enriched urea in doses of 60 and 100%.

The results showed that both AWCD and Shannon index were higher after wheat harvest. In addition, there was an increase in metabolic activity after application of microbially enriched urea.

The research was conducted within the frames of BIO-FERTIL project “Development of a technology of innovative microbiologically enriched mineral fertilizers” BIOSTRATEG3/347464/5/INCBR/2017

Różnorodność i aktywność grzybów pod drzewami jako wskaźnik potencjalnego wietrzenia biologicznego i formowania gleby

ANNA GAŁĄZKA¹, ANNA MARZEC-GRZĄDZIEL¹, MILAN VARSADIYA²,
JAROSŁAW GRZĄDZIEL¹, ŁUKASZ PAWLIK³

¹Department of Agricultural Microbiology, Institute of Soil Science and Plant Cultivation (IUNG-PIB)
Czartoryskich St. 8, 24-100 Puławy,

²Department of Ecosystems Biology, University of South Bohemia in České Budějovice,

³Institute of Earth Sciences, Faculty of Natural Sciences, University of Silesia in Katowice,
Będzińska 60, 41-200 Sosnowiec, Poland

Celem badań była odpowiedź na jedno z pytań: w jaki sposób czynniki biologiczne, w tym grzyby, działające na krytycznym styku biosfery ze środowiskiem abiotycznym, kształtują ewolucję gleby i krajobrazu. Próbkę pobrano z terenu w południowej części Beskidu Sądeckiego, w Karpatach Zewnętrznych Zachodnich. Największą liczbę sklasyfikowanych rodzajów stanowiły grzyby pełniące jednocześnie funkcje patotroficzne, saprotroficzne i symbiotroficzne. Boletales, Agaricales, Cantharellales i Archaeorhizomycetales były najliczniejszymi rzędami, ale w jednej próbce znaleźliśmy również szczególnie wysoki udział rzędu Mortierellales. Rząd Boletales i jego rodzina Boletaceae dominowały w próbkach pęknięć skalnych, natomiast najwięcej taksonów o zróżnicowanej liczebności zaobserwowano w próbkach referencyjnych. Substratami najczęściej wykorzystywanymi przez grzyby były: kwasy glicylo-L-glutaminowe, L-ornityna, L-fenylalanina, L-prolina, kwas D-galakturnowy, kwasy fumarowe, kwasy D-sacharydowe, kwasy bursztynowe i N-acetylo-D-glukozamina.

Fungal diversity and activity under trees as an indicator of potential biological weathering and soil formation

The aim of the study was to answer one of the big questions in Earth sciences: how do biological agents, including fungi, acting at the critical interface between the biosphere and the abiotic environment, shape soil and landscape evolution. The area of interest is in the Poprad River gorge in the southern part of the Sącz Beskidy Mountains, the Outer Western Carpathians. The highest average number of classified genera were fungi which simultaneously carried out pathotrophic, saprotrophic and symbiotrophic functions. Boletales, Agaricales, Cantharellales and Archaeorhizomycetales were the most abundant orders, but in one sample we also found a particularly high proportion of the order Mortierellales. The order Boletales and its family Boletaceae were significantly enriched in rock crack samples, whereas the highest number of differentially abundant taxa was observed in reference samples. The most frequently utilised substrates by fungi were: glycyl-L-glutamic acids, L-ornithine, L-phenylalanine, L-proline, D-galacturonic acid, fumaric acids, D-saccharic acids, succinic acids and N-acetyl-D-glucosamine.

This work was conducted under the project NCN2019/33/B/ST10/01009 and TreesBEEs – Trees as biogeomorphic ecosystem engineers – biological weathering, initial soil production and hillslope relief formation caused by tree roots, rhizospheric bacteria, and mycorrhizal fungi (2020–2023).

Populacja grzybów związanych z korzeniami i ich potencjał metaboliczny w glebie ze strefy okółkorzeniowej olszy czarnej, brzozy brodawkowatej i sosny zwyczajnej

ANNA GAŁĄZKA¹, ANNA MARZEC-GRZĄDZIEL¹, MILAN VARSADIYA²,
JACEK NIEDŹWIECKI³, KAROLINA GAWRYJOŁEK¹, KAROLINA FURTAK¹,
MARCIN PRZYBYS⁴, JAROSŁAW GRZĄDZIEL¹

¹Department of Agricultural Microbiology, Institute of Soil Science and Plant Cultivation (IUNG-PIB)
Czartoryskich St. 8, 24-100 Puławy,

²Department of Ecosystems Biology, University of South Bohemia in České Budějovice,

³Department of Soil Science Erosion and Land Conservation, IUNG-PIB

⁴Department of Plant Breeding and Biotechnology, IUNG-PIB

Celem badań było określenie strukturalnej i funkcjonalnej różnorodności biologicznej grzybów zasiedlających ryzosferę trzech wybranych gatunków drzew: *Alnus glutinosa*, *Betula pendula* i *Pinus sylvestris*. Próbkę gleby pobrano w 2019 i 2020 roku z lasu mieszanego zlokalizowanego w pobliżu Rolniczej Stacji Doświadczalnej IUNG-PIB w Osinach. Próbkę pobrano z warstwy ryzosferowej drzew. Określono podstawowe parametry fizyko-chemiczne i biologiczne gleb. Najwyższą aktywność metaboliczną na płytkach FFPlates zaobserwowano w glebie pobranej spod olszy czarnej i brzozy brodawkowatej. Z kolei gleba pobrana spod sosny zwyczajnej charakteryzowała się znacznie mniejszą aktywnością biologiczną i niższym potencjałem metabolicznym. Dominującymi klasami były: Leotiomycetes, Mortierellomycetes, Lecanomyces oraz Sordariomycetes.

Root-Associated Fungal Communities and their Metabolic Potential in Bulk Soil from Peri-root Zone of Black Alder, Silver Birch and Scots Pine

The aim of the study was to determine the structural and functional biodiversity of soil microorganisms inhabiting the rhizosphere of three selected tree species: *Alnus glutinosa*, *Betula pendula* and *Pinus sylvestris*. Soil samples were collected in 2019 and 2020 from a mixed forest located near the Agricultural Experimental Station IUNG-PIB in Osiny, Poland. Samples were taken from tree root layers. The basic physico-chemical and biological parameters of soils were determined. The highest metabolic activity on FFPlates was observed in soil collected from under black alder and warty birch. In turn, the soil collected from under Scots pine was characterized by a much lower biological activity and a lower metabolic potential. The dominant classes were: Leotiomycetes, Mortierellomycetes, Lecanomyces and Sordariomycetes.

The research was carried out as part of the implementation of the project 1.02 (earlier 1.27) “Structural and functional characteristics of the biodiversity of soil microorganisms in the forest and agricultural ecosystem”, (2019-2022).

Porównanie aktywności enzymatycznej gleby uprawnej i leśnej

KAROLINA GAWRYJOLEK, ANNA GAŁĄZKA, KAROLINA FURTAK

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

Ekosystemy leśne znacząco różnią się od rolniczych, w których dominującą rolę stanowi gospodarka prowadzona przez człowieka. Ekosystemy leśne to grupy zbiorowisk roślinności charakteryzujące się dużym udziałem drzew rosnących w zwarciu. Naturalny las jest najbardziej złożonym i najtrwalszym ekosystemem lądowym. Żyzność i produktywność ekosystemów zależą od intensywności procesów biochemicznych zachodzących w glebie, które są katalizowane przez enzymy w niej występujące. Celem badań było porównanie biologicznych wskaźników jakości gleby (aktywności dehydrogenaz oraz fosfatazy kwaśnej i zasadowej) w glebie pochodzącej z ekosystemu leśnego oraz pola uprawnego. Analizie poddano również próbki pochodzące z granicy pola i lasu. Aktywność enzymów glebowych została zmierzona spektrofotometrycznie. Aktywność dehydrogenaz określono metodą opisaną przez Caside i inn. (1964). Aktywność fosfatazy kwaśnej i zasadowej określono przy udziale metody opisanej przez Tabatabai i inn. (1969). We wszystkich badanych próbkach najwyższą aktywnością odznaczała się fosfataza kwaśna. Statystycznie istotnie wyższą aktywność dehydrogenaz uzyskano w próbkach pobranych z pola uprawnego w porównaniu do próbek pobranych z terenu lasu.

Badania wykonano w ramach temat statutowego 1.27 IUNG-PIB „Charakterystyka strukturalna i funkcjonalna bioróżnorodności mikroorganizmów glebowych w ekosystemie leśnym i rolniczym”

Comparison of the enzymatic activity of agricultural and forest soil

Forest ecosystems are significantly different from agricultural ecosystems, where the human-led economy plays a dominant role. Forest ecosystems are groups of plant communities characterized by a large share of trees growing in compactness. Natural forest is the most complex and enduring terrestrial ecosystem. Fertility and productivity of ecosystems depend on the intensity of the biochemical processes in the soil which are catalyzed by the enzymes. The aim of the study was to compare the biological indicators of soil quality (dehydrogenase activity, acid phosphatase and alkaline phosphatase) in soil from the forest ecosystem and farmland. Samples from the border between the field and the forest were also analyzed. The enzymatic activities were determined spectrophotometrically: soil dehydrogenase activity using the TTC method (Casida et al. 1964), while acid and alkaline phosphatase activity by the p-NPP method (Tabatabai 1982). Acid phosphatase had the highest activity in all the samples tested. Statistically significant higher activity of dehydrogenases was obtained in samples taken from the farmland as compared to samples taken from the forest.

Zawartość ogólnych oraz łatwoekstrahowalnych białek glebowych spokrewnionych z glomalinami w doświadczeniu z uprawą truskawki w systemie ekologicznym

KAROLINA GAWRYJOLEK¹, ANNA GAŁĄZKA¹, BEATA FELEDYN-SZEWCZYK²

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

¹Zakład Mikrobiologii Rolniczej

²Zakład Systemów i Ekonomiki Produkcji Roślinnej

Białka glebowe spokrewnione z glomalinami stanowią kompleks powszechnie występujących glikoprotein, charakterystycznych pod względem budowy i właściwości fizyko-chemicznych. Białka te produkowane są przez grzyby mykoryzy arbuskularnej należące do rodzaju *Glomus*. Są to stabilne, nierozpuszczalne w wodzie i odporne na degradację cząstki, stabilizujące agregaty glebowe i chroniące je przed rozbiciem. Użytkowanie gruntów i stosowanie szeregu zabiegów uprawowych ma wpływ na ilość i jakość materii organicznej gleby a tym samym na jej agregację. Celem badań było określenie zawartości ogólnych (T-GRSP) i łatwoekstrahowalnych (EE-GRSP) białek glebowych spokrewnionych z glomalinami w doświadczeniu z ekologiczną uprawą truskawki. W trakcie trwania doświadczenia na rośliny aplikowano preparaty bakteryjne na nośnikach stałych, które miały na celu biologiczną ochronę oraz zwalczanie patogenów grzybowych. Doświadczenie odejmowało 3 odmiany truskawki. Dodatkowym czynnikiem było nawadnianie. Próbk glebowe pobrane zostały po zbiorach owoców. Statystycznie istotne wyższe wartości T-GRSP oznaczono w próbkach pobranych z uprawy nawadnianej.

Badania wykonano w ramach realizacji projektu EcoFruits. BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Content of total and easily extractable glomalin-related soil protein in the experiment of growing strawberries in the organic system

Glomalin Related Soil Proteins are a complex of common glycoproteins, characteristic in terms of structure and physicochemical properties. These proteins are produced by arbuscular mycorrhizal fungi belonging to the *Glomus* genus. These particles are stable, water-insoluble and degradation-resistant molecules stabilizing soil aggregates and protect them from disintegration. Land use and the application of tillage treatments affect the quantity and quality of soil organic matter and thus its aggregation. The aim of study was to determine the content of total glomalin-related soil proteins (TG-GRSP), easily extractable glomalin-related soil proteins (EE-GRSP) and glomalin-related soil proteins in experiment of growing strawberries in the organic system. During the experiment, the plants were treated with bacterial preparations on solid carriers, aimed at biological protection and combating fungal pathogens. Three strawberry varieties were subtracted from the experiment. Irrigation was an additional factor. The soil samples were collected after the fruit harvest. Statistically significantly higher values of T-GRSP were found in the samples taken from the irrigated cultivation.

Zróżnicowanie aktywności metabolicznej szczepów bakterii z rodzaju *Pseudomonas*

KAROLINA GAWRYJOLEK, ANNA GAŁĄZKA, ANNA MARZEC-GRZĄDZIEL

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

W warunkach naturalnych wzrost roślin wspomagany jest przez mikroorganizmy zasiedlające ryzosferę, poprzez bezpośrednie lub pośrednie oddziaływanie określane jako promowanie ich wzrostu. Bakterie z rodzaju *Pseudomonas* są powszechnie spotykane w ryzosferze roślin i część gatunków zaliczana jest do grupy PGPR (ang. *Plant Growth Promoting Rhizobacteria*). Pozytywny wpływ tych bakterii polega ograniczeniu szkodliwego działania fitopatogenów poprzez syntezę enzymów litycznych, antybiotyków, sideroforów oraz cyjanowodoru. Celem badań było określenie potencjału metabolicznego szczepów bakterii z rodzaju *Pseudomonas* wyizolowanych z ryzosfery roślin, rosnących w różnych warunkach środowiska. Badania wykonano przy użyciu systemu BIOLOG, wykorzystując płytki GEN III, służące do identyfikacji bakterii tlenowych. Na podstawie wyników wykonano mapy cieplne oraz analizę skupień metoda Warda obrazujące zróżnicowanie szczepów pod kątem intensywności i tempa zużycia analizowanych związków. Część badanych szczepów odznaczała się wyższą aktywnością pod względem rozkładu węglowodanów i aminokwasów.

Differentiation of the *Pseudomonas* genus bacteria strains metabolic activity

Plant growth in natural conditions is supported by microorganisms inhabiting the rhizosphere through a direct or indirect impacts known as growth promotion. Bacteria of the *Pseudomonas* genus are commonly found in the rhizosphere of plants and some species belong to the PGPR group. The positive effect of these bacteria is to reduce the harmful effects of phytopathogens through the synthesis of lytic enzymes, antibiotics, siderophores and hydrogen cyanide. The aim of the study was to determinate the metabolic potential of *Pseudomonas* genus bacterial strains isolated from the rhizosphere of plants growing under various environmental conditions. The study of metabolic activity was performed using both the BIOLOG system and the GEN III plates. Based on results the heat maps were made and the cluster analysis according to Ward's method conducted thus illustrating the diversity of strains in terms of the intensity and pace of the individual compounds consumption. Some of the tested strains were characterized by a higher activity in terms of carbohydrate and amino acid consumption

The research was carried out as part of the pre-implementation project Innovation Incubator 4.0; no 1/ININ 4.0/IUNG-PIB/2021

Wykorzystanie właściwości biocontrol izolatów środowiskowych w warzywnictwie

ANNA GIERUT-KOT, ILONA KAFEL-KRAWCZYK, KATARZYNA GÓRALSKA,
MAGDALENA JOPEK, KRZYSZTOF AMBROZIAK

Intermag sp. z o.o. – Dział Badań i Rozwoju

Celem eksperymentu była ocena skuteczności preparatów mikrobiologicznych na bazie pojedynczych izolatów środowiskowych 8/6, A12B (*Bacillus amyloliquefaciens*) oraz B134 (*Paenibacillus polymyxa*) w ograniczeniu chorób grzybowych roślin warzywnych. W warunkach szklarniowych zostały zbadane następujące choroby i wywołujące je patogeny: zgnilizna twardzikowa sałaty (*Sclerotinia sclerotiorum*), kiła kapusty (*Plasmodiophora brassicae*) oraz fuzarioza papryki (*Fusarium oxysporum*).

Nasiona poszczególnych roślin warzywnych wysiano do skrzynek wysiewnych, a następnie przepikowano do multiplatów z zakażonym podłożem. Warzywa traktowano trzykrotnie preparatami mikrobiologicznymi INTERMAG oraz produktami firm konkurencyjnych.

W przypadku kiły kapusty oraz fuzariozy papryki najsilniejsze właściwości biocontrol wykazuje izolat 8/6, odpowiednio 62,3–82,8% oraz 57,1–100% skuteczności. Z kolei izolat B134 najsilniej działa na zahamowanie choroby wywołanej przez *Plasmodiophora brassicae* (53,6–79,3%) gdy został zastosowany doglebowo. Zgniliznę w uprawie sałaty istotnie statystycznie zwalcza zarówno izolat 8/6 oraz A12B, odpowiednio na poziomie 80,3–100% i 76,7–100%. Podsumowując badane izolaty wykazują bardzo silne właściwości biocontrol, a produkty na ich bazie mogą stanowić konkurencję dla powszechnie stosowanych produktów na rynku.

The use of environmental isolates as biocontrol agents in vegetable farming

The aim of the experiment was to evaluate the effectiveness of biopreparations based on single environmental bacterial isolates 8/6, A12B (*Bacillus amyloliquefaciens*) and B134 (*Paenibacillus polymyxa*) in reducing fungal diseases of vegetable plants. Under greenhouse conditions, the following plants and infected them fungal pathogens were investigated: lettuce – *Sclerotinia sclerotiorum*, cabbage – *Plasmodiophora brassicae* and paprika – *Fusarium oxysporum*.

Plants were sown into sowing boxes, and then streaked into multiplates with the infected soil. The vegetables were treated three times with INTERMAG microbiological biopreparations as well as products from other brands.

In the case of cabbage and paprika diseases, isolate 8/6 shows the strongest biocontrol properties, 62.3–82.8% and 57.1–100% respectively. Additionally, isolate B134 has the strongest effect on inhibiting *Plasmodiophora brassicae* infection (53.6–79.3%) when applied directly into the soil. Lettuce curd rot is significantly inhibited by 8/6 and A12B isolates by 80.3–100% and 76.7–100%, respectively. In conclusion, the tested isolates show very strong biocontrol properties, hence our biopreparations may compete with commonly used products from the market.

Analiza mikrobiomu serów długo-dojrzewających oraz sera pleśniowego produkowanego w Gospodarstwie Rolnym Ślesin

WERONIKA GORAJ^{1*}, AGNIESZKA KUŹNIAR¹, KLAUDIA BADASZEK¹,
JACEK PODLEWSKI², AGNIESZKA WOLIŃSKA¹

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

²Fundacja Potulicka, Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

*e-mail: weronika.goraj@kul.pl

Mikrobiom sera odgrywa kluczową rolę w procesie produkcji i dojrzewania serów w istotny sposób wpływając na ich właściwości organoleptyczne i fizykochemiczne.

Celem pracy była charakterystyka taksonomiczna mikrobiomu serów długo-dojrzewających oraz sera pleśniowego z Gospodarstwa Rolnego Ślesin.

Materiał badawczy stanowiły 4 rodzaje serów: Dworski (dojrzewający 3 miesiące), Hrabiny (6 miesięcy), Hrabiego Kazimierza (12 miesięcy) oraz ser pleśniowy. Społeczność bakterii oraz grzybów została określona poprzez sekwencjonowanie następnej generacji (MiSeq Illumina, Genomed S.A.).

Mikrobiom serów tworzyły zarówno mikroorganizmy będące kulturami starterowymi (*Lactococcus*, *Propionibacterium*, *Streptococcus*, *Lactobacillus*, *Penicillium*, *Saccharomyces*), jak i inne mikroorganizmy, rozwijające się intensywnie podczas dojrzewania serów, które stanowiły 40-94%. W serze pleśniowym były to mikroorganizmy z rodzajów: *Brevibacterium*, *Lactococcus*, *Psychrobacter*, *Debaryomyces*, *Cutaneotrichosporon* a w pozostałych serach m.in.: *Corynebacterium*, *Leuconostoc*, *Debaryomyces* oraz *Streptococcus*.

Badania sfinansowane przez Fundację Potulicką (1/6-40-21-10-0603-0018-0049)

Microbiome analysis of long-ageing cheeses and blue cheese produced at Gospodarstwo Rolne Ślesin

The cheese microbiome plays a key role in the production and ripening of cheeses significantly influencing their organoleptic and physicochemical properties.

The aim of the study was taxonomic characterization of microbiome of long ripened cheeses and blue cheese from Gospodarstwo Rolne Ślesin.

The study material consisted of 4 types of cheeses: Dworski (aged 3 months), Hrabiny (6 months), Hrabiego Kazimierza (12 months), and blue cheese. The community of bacteria and fungi was determined by next-generation sequencing (MiSeq Illumina, Genomed Ltd.).

The microbiome of the cheeses consisted both of starter cultures (*Lactococcus*, *Propionibacterium*, *Streptococcus*, *Lactobacillus*, *Penicillium*, *Saccharomyces*) as well as other microorganisms which developed intensively during ripening and constituted 40–94%. In blue cheese the following genera were identified: *Brevibacterium*, *Lactococcus*, *Psychrobacter*, *Debaryomyces*, *Cutaneotrichosporon* and in the remaining cheeses: *Corynebacterium*, *Leuconostoc*, *Debaryomyces* and *Streptococcus*.

Bioróżnorodność metaboliczna zbiorowisk mikroorganizmów zasiedlających liście i owoce różnych odmian truskawki w nawadnianym i nienawadnianym ekologicznym systemie produkcji

AGATA GRYTA^{*1}, ANNA SICZEK¹, BEATA FELEDYN-SZEWCZYK², MAGDALENA FRĄC^{**1}

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk
ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

²Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy,
Zakład Systemów i Ekonomiki Produkcji Roślinnej, ul. Czarторыskich 8, 24-100 Puławy

*a.gryta@ipan.lublin.pl; **m.frac@ipan.lublin.pl

Profil metaboliczny mikroorganizmów zasiedlających liście i owoce truskawki jest niedostatecznie rozpoznany, a może stanowić istotny czynnik w ochronie roślin i przedłużeniu trwałości owoców. Celem badań było określenie zmian bioróżnorodności metabolicznej zbiorowisk mikroorganizmów występujących na liściach i owocach różnych odmian truskawek w zależności od nawadniania w ekologicznym systemie produkcji. Badania obejmowały określenie intensywności wykorzystania substratów węglowych należących m.in. do węglowodanów, kwasów organicznych, aminokwasów z wykorzystaniem systemu Biolog®.

Przeprowadzone badania wykazały zróżnicowane wykorzystane testowanych związków przez zbiorowiska występujące w liściach i owocach oraz pomiędzy odmianami roślin truskawki. Najwyższy poziom wykorzystania substratów, zwłaszcza L-asparaginy, kwasu D-galakturnowego, D-mannitolu oraz kwasu D-jabłkowego, stwierdzono w liściach odmiany Honeoye i Vibrant uprawianych w systemie nawadnianym.

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

Metabolic biodiversity of microbial communities inhabiting the leaves and fruits of various strawberry cultivars in an irrigated and non-irrigated organic production system

The metabolic profile of microorganisms inhabiting the strawberries leaves and fruit is insufficiently recognized and may be an important factor in plant protection and prolonging fruit shelf-life. The aim of the research was to determine the changes in metabolic biodiversity of the microbial communities occurring on leaves and fruits of various strawberry cultivars depending on irrigation in the organic production system. The research included the determination of the intensity of the use of carbon substrates belonging to, inter alia, to carbohydrates, organic acids, amino acids using Biolog® system.

The conducted research showed that the tested compounds were used differently by the communities occurring in leaves and fruits, and among strawberry plant cultivars. The highest level of substrate utilization, especially L-asparagine, D-galacturonic acid, D-mannitol and D-malic acid, was found in leaves of Honeoye and Vibrant cultivars grown in an irrigated system.

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

Poprawa parametrów fizjologicznych roślin z gatunku *Arabidopsis arenosa* pod wpływem inokulacji z użyciem endofitycznych drożdży *Sporobolomyces ruberrimus*

MACIEJ GUSTAB, PIOTR ROZPĄDEK

Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie,
Gronostajowa 7a, 30-387 Kraków, Polska

Sporobolomyces ruberrimus to gatunek drożdży naturalnie występujący w tkankach (endofit) Rzeżusznika piaskowego (*Arabidopsis arenosa*). Wcześniejsze badania wykazały jego ochronny wpływ na rośliny rosnące na podłożu zanieczyszczonym metalami, w tym na *A. arenosa* i blisko spokrewnioną z nią *A. thaliana*. Inokulacja z zastosowaniem tylko tego mikroorganizmu znacząco poprawiła wydajność kwantową fotoukładu II u *A. arenosa*, względem roślin nieinokulowanych. Jednocześnie nie zaobserwowano takiego efektu u *A. thaliana*. Wyniki badań nad pozytywnym wpływem *S. ruberrimus* na rośliny mogą w przyszłości być wykorzystane do produkcji inokulum o komercyjnym zastosowaniu m.in. w rolnictwie.

Improvement of *Arabidopsis arenosa* physiological parameters under inoculation with endophytic yeast *Sporobolomyces ruberrimus*

Sporobolomyces ruberrimus is an endophytic species of yeast naturally occurring in the tissues of *Arabidopsis arenosa*. Previous studies have shown its protective effect on plants growing in metal polluted soil, including *A. arenosa* and its close relative *A. thaliana*. Inoculation with only this microorganism significantly improved the quantum yield of photosystem II in *A. arenosa*, in compare to not inoculated plants. At the same time, such effect was not observed in *A. thaliana*. The results of the study on the positive effect of *S. ruberrimus* on plants may be used in the future for the production of commercial inoculum with application in agriculture.

Genetyczne aspekty wykorzystania L-karnityny do produkcji biomasy białkowej przez niekonwencjonalne drożdże *Yarrowia lipolytica*

MONIKA E. JACH¹, KONRAD KUBIŃSKI¹, EWA SAJNAGA¹, MAREK JUDA²,
ANNA MALM²

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

²Uniwersytet Medyczny w Lublinie, ul. Chodźki 1, 20-093 Lublin

U eukariontów L-karnityna bierze udział w metabolizmie tłuszczu. Olejogennymi drożdżami zdolnymi do wykorzystywania niefermentowalnych, bogatych w tłuszcze substratów jest *Yarrowia lipolytica*, która, rosnąc na tłuszczowych odpadach z produkcji biopaliw wytwarza biomasa bogatą w białka i ważne składniki odżywcze. Opierając się na analizie genomowej, stwierdzono iż, *Y. lipolytica* posiada geny warunkujące syntezę L-karnityny i różnych enzymów związanych z transportem kwasów tłuszczowych. Podczas produkcji biomasy białkowej przez *Y. lipolytica* na podłożu tłuszczowym, wolna L-karnityna jest w komórce na bardzo niskim poziomie. Z kolei na podłożu ubogim w tłuszcze (YPD) a szczególnie z dodatkiem jonów chromu, poziom wolnej L-karnityny w komórce był wysoki. Sugeruje to, iż podczas wzrostu olejogennych drożdży na podłożach bogatych w kwasy tłuszczowe L-karnityna prawie nie występuje w komórce w postaci wolnej gdyż jest zaangażowana w proces transportu kwasów tłuszczowych do mitochondriów.

Genetic aspects of using L-carnitine for the production of protein biomass by the nonconventional *Yarrowia lipolytica* yeast

MONIKA E. JACH¹, KONRAD KUBIŃSKI¹, EWA SAJNAGA¹, MAREK JUDA²,
ANNA MALM²

¹John Paul II Catholic University of Lublin, Konstantynów 1 str, 20-708 Lublin

²Medical University of Lublin, Chodźki 1 str, 20-093 Lublin

In eukaryotes, L-carnitine is involved in the metabolism of lipids. *Yarrowia lipolytica* is an oleaginous yeast capable of utilizing non-fermentable, fat-rich substrates. While growing on fatty waste from biofuel production, it produces a biomass rich in proteins and important nutrients. Based on genomic analysis, it was found that *Y. lipolytica* possesses genes conditioning the synthesis of L-carnitine and various enzymes related to the transport of fatty acids. During the production of protein biomass by *Y. lipolytica* on a fat basis, free L-carnitine is present in the cell at a very low level. On the other hand, on a low-fat medium (YPD), especially with the addition of chromium ions, the level of free L-carnitine in the cell was high. This suggests that during the growth of oleaginous yeast on media rich in fatty acids, L-carnitine is barely present in the cell in the free form, as it is involved in the process of transporting fatty acid to the mitochondria.

Ścieki z komunalnej oczyszczalni ścieków jako źródło genów oporności na fluorochinolony: badania metagenomowe

ŁUKASZ JAŁOWIECKI¹, JACEK BORGULAT¹, GRAŻYNA PŁAZA¹, MONIKA HARNISZ²,
SŁAWEK CIESIELSKI²

¹Instytut Ekologii Terenów Uprzemysłowych, Zakład Mikrobiologii Środowiskowej
ul. Kosshuta 6, 40-844 Katowice

²Uniwersytet Warmińsko Mazurski w Olsztynie, Wydział Nauk o Środowisku,
Katedra Inżynierii Ochrony Wód i Mikrobiologii Środowiskowej
ul. Prawocheńskiego 1, 10-719 Olsztyn

Jedną z konsekwencji nadużywania antybiotyków w sektorze zdrowia i rolnictwa oraz zanieczyszczenia środowiska antybiotykami jest wzrost częstotliwości występowania bakterii przenoszących oporność na antybiotyki (ARBs) i genów oporności na antybiotyki (ARGs), które są określane jako nowe zanieczyszczenia środowiska. Uważa się, że wody powierzchniowe, na które oddziałują ścieki z oczyszczalni ścieków i z przemysłu farmaceutycznego, stanowią centralny punkt transportu i rozprzestrzeniania się ARBs i ARGs. Szczególną uwagę zwraca się na geny chinolonów i karbapenemów, ponieważ mają one wysoki potencjał rozwoju oporności. Istnieją trzy mechanizmy PMQR (ang. *plasmid-mediated quinolone resistance*): geny *qnr*, które chronią fluorochinolony przed inhibicją, *AAC(6')-Ib-cr* inaktywujące fluorochinolony przez acetylację oraz geny związane z pompą efflux *QepA* i *OqxAB*.

Celem pracy było zbadanie występowania genów oporności na chinolony (PMQR) w ściekach pochodzących z oczyszczalni ścieków w województwie śląskim. W ściekach wykryto następujące geny: *AAC(6')-Ib-cr*, *qnr* i *emr*. Całkowita liczba wykrytych genów wynosiła 6,11 ppm (gen na 1M odczytów), przy czym gen *AAC(6')-Ib-cr* był najliczniejszy (9,25%). Wśród genów wykryto- *qnrS* z dominującymi *qnrS2* i *qnrS6* oraz *qnrVC* z dominującymi *qnrVC4* i *qnrVC6*. Nie wykryto genów *QepA* i *OqxAB*. Wykryto natomiast inne determinanty oporności *emrA* i *emrB*. Liczba determinantów warunkujących oporność na chinolony była niska w ściekach oczyszczonych ale odgrywają one dużą rolę w rozprzestrzenianiu oporności wśród bakterii. Geny te mają wysokie znaczenie w selekcji mutantów o wyższym poziomie oporności na chinolony i w niektórych przypadkach utrudniają proces leczenia.

Badania sfinansowano w ramach grantu (nr 2017/26/M/NZ9/00071) z Narodowego Centrum Nauki

Municipal wastewater treatment plant effluent as a source of fluoroquinolone resistance genes: a metagenomic study

One of the consequences of antibiotic misuse in the health and agriculture sectors and antibiotic pollution is the increase of frequency of antibiotic resistance-carrying bacteria (ARBs) and antibiotic resistance genes (ARGs) which are described as emerging environmental contaminants. Surface water impacted by the WWTP and pharmaceutical effluents is considered at a central hub for the transport and dissemination of ARBs and ARGs. Particular attention is given to quinolones and carbapenems genes because of they have a high potential for resistance development. Three mechanisms of plasmid-mediated

quinolone resistance (PMQR) have been discovered, e.g. *qnr* proteins which protect fluoroquinolones targets from inhibition, the aminoglycoside acetyltransferase variant – *AAC(6')-Ib-cr* causing the inactivation of fluoroquinolones by acetylation and plasmid-mediated efflux pumps – *QepA* and *OqxAB*.

This study focused on testing the occurrence of plasmid-mediated quinolone resistance (PMQR) genes in real wastewater effluent from WWTP located in the Silesia region. In the effluent, the following genes were detected: *AAC(6')-Ib-cr*, *qnr* and *emr*. The number of all detected genes was 6,11 ppm (gene per 1M reads). Among these genes, the most abundance was *AAC(6')-Ib-cr* (9.25%). Two families of proteins, e.g. *qnrS* with *qnrS2* and *qnrS6* being the most predominant and *qnrVC* with *qnrVC 4* and *qnrVC6* being the most predominant were detected. No genes involved in efflux pump including *QepA* and *OqxAB* were detected. While, other resistance determinants which included efflux pump genes were also detected, e.g. *emrA* and *emrB*. These results show a lower occurrence of plasmid-mediated quinolone resistance (PMQR) determinants in effluent but they play an important role in the prevalence of resistance among bacterial isolates. They reduce bacterial susceptibility to quinolones, usually not to the level of clinical nonsusceptibility, but facilitate the selection of mutants with higher level quinolone resistance and promote treatment failure.

This study was supported by National Science Centre, Poland (grant no. 2017/26/M/NZ9/00071).

Analiza molekularna genów uczestniczących w adaptacji bakterii *Rhizobium leguminosarum* do niskich temperatur

MONIKA JANCZAREK^{1*}, MARTA KOZIEL¹, MICHAŁ KALITA²

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

Bakterie glebowe, zwane ogólnie ryzobiami, posiadają zdolność nawiązywania symbiozy z roślinami bobowatymi i przekształcania azotu atmosferycznego do form azotu dostępnych dla roślin. Wiele czynników środowiskowych, do których należy m.in. niska temperatura, ma wpływ na efektywność symbiozy. Białka CSP (cold-shock proteins) są zaangażowane w adaptacji bakterii do tego czynnika stresowego.

W tej pracy przeprowadzono analizę molekularną genów *csp* kodujących białka CSP u bakterii *R. leguminosarum*. Wykazano, że w genomie tej bakterii jest obecnych pięć genów uczestniczących w adaptacji do stresu zimna, które kodują białka o niskiej masie cząsteczkowej (poniżej 10 kDa). Analiza molekularna tych genów wykazała bardzo wysokie podobieństwo ich sekwencji nukleotydowych (od 100% do 78%). Spośród nich, gen *cspA* koduje białko, będące głównym elementem adaptacji ryzobiów do stresu zimna. Dane te wskazują, że bakterie symbiotyczne mają bardzo dobrze rozwiniętą sieć regulatorową odpowiedzialną za przystosowanie do stresu niskich temperatur.

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

Molecular analysis of genes involved in adaptation of *Rhizobium leguminosarum* to low temperatures

Soil bacteria, called rhizobia, possess the ability of establishing symbiosis with *Fabaceae* plants and reducing atmospheric dinitrogen into a nitrogen form available to plants. Many environmental factors, among them a low temperature, affect symbiotic effectiveness. CSP proteins (cold-shock proteins) are engaged in bacterial adaptation to this stress factors.

In this study, molecular analysis of *csp* genes encoding CSP proteins in *R. leguminosarum* have been performed. It was indicated that a genome of this bacterium contains five genes involved in adaptation to cold stress, which encode proteins of a low molecular weight (below 10 kDa). Molecular analysis of these genes have demonstrated their high sequence similarity (from 100% to 78%). Among them, *cspA* gene encodes a protein, being a major element of rhizobial adaptation to cold stress. These data indicate that symbiotic bacteria have a very good developed regulatory network responsible for their adaptation to the low temperature stress.

This study was funded by the research project NCN no 2018/31/B/NZ9/00663

Potencjał stymulacyjny i bioremediacyjny niepatogenicznego, endofitycznego szczepu *Fusarium oxysporum* DEMFo14 zależny od warunków hodowli i obecności metalu ciężkiego (Cd, Pb lub Zn)

JOLANTA JAROSZUK-ŚCISEL¹, ARTUR NOWAK¹, NATALIJA KUTYRIEVA²,
MICHAŁ PERZANOWSKI¹, ANNA SŁOMKA¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie,

²Zakład Mikrostruktury i Mechaniki Biomateriałów; Instytut Agrofizyki PAN w Lublinie

Niepatogeniczny szczep *Fusarium oxysporum* DEMFo14 (sekwencja ITS MH681144) wyizolowany z ryzosfery zdrowego żyta (*Secale cereale* L.) wykazywał zależną od źródeł C (sacharoza, glukoza, fruktoza, mannoza) i N (pepton, ekstrakt drożdżowy, azotan i siarczan amonu) w podłożu i zmienną w czasie (2.–7. dzień inkubacji) zdolność do syntezy kwasu indolilooctowego (IAA) i związków fenolowych oraz silnie skorelowaną z aktywnością inwertazy i glukanazy, bardzo silną w całym okresie hodowli syntezę egzopolimerów (EPS), przy zmiennych parametrach wzrostu (biomasa grzybni, pH podłoża, stężenie cukrów i białek). Tempo wzrostu i stężenie biomasy szczepu DEMFo14 w hodowlach z metalami ciężkimi Cd, Pb lub Zn obecnymi w podłożu w zakresie stężeń 2–10 µg/ml było dodatnio skorelowane z temperaturą (12, 20, 28°C). W hodowlach z tymi metalami szczep *F. oxysporum* DEMFo14 syntetyzował związki kompleksujące (ZK) oraz EPS, przy czym w obecności Cd stężenie EPS było nawet 5-krotnie wyższe a stężenie ZK 5-krotnie niższe niż w hodowlach z Zn i Pb.

Badania zostały sfinansowane z subwencji statutowej UMCS

Stimulation and bioremediation potential of the non-pathogenic, endophytic strain of *Fusarium oxysporum* DEMFo14 depending on culture conditions and the presence of heavy metal (Cd, Pb or Zn)

The non-pathogenic strain of *Fusarium oxysporum* DEMFo14 (sequence ITS MH681144) isolated from the rhizosphere of healthy rye (*Secale cereale* L.) showed dependent on C (sucrose, glucose, fructose, mannose) and on N (peptone, yeast extract, ammonium nitrate and ammonium sulphate) sources in the medium and variable in time (day 2–7 of incubation) ability to synthesize indoleacetic acid (IAA) and phenolic compounds and strongly correlated with the activity of invertase and glucanase, very strong during the entire period of culture exopolymers (EPS) synthesis, with variable growth parameters (mycelial biomass, pH of medium, sugar and protein concentration). The growth rate and biomass concentration of the DEMFo14 strain in cultures with heavy metals (Cd, Pb or Zn) present in the medium in the concentration range of 2–10 µg/ml were positively correlated with temperature (12, 20, 28°C). In cultures with these metals, the *F. oxysporum* DEMFo14 strain synthesized complexing compounds (CC) and EPS, and in the presence of Cd the concentration of EPS was even 5 times higher and CC concentration 5-times lower than in the cultures with Zn and Pb.

The research was funded by the UMCS statutory subsidy

Reakcja populacji mikroorganizmów glebowych na nawiezenie gleby odpadem popieczarkowym

JOLANTA JONIEC¹, MICHAŁ NOWAK², KRZYSZTOF KOWALCZYK²,
EDYTA KWIATKOWSKA¹, 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

Prowadzone w pierwszym roku badania miały na celu poznanie reakcji populacji drobno-ustrojów glebowych na wprowadzenie w różnych wariantach w tym z NPK podłoża po uprawie pieczarek oraz porównanie jej z reakcją na nawiezenie gleby obornikiem. W badaniach przeprowadzono również ilościową ocenę populacji mikroorganizmów z zastosowaniem metod molekularnych. W tym celu z każdej badanej próby wyizolowano całkowity DNA i określono jego ilość, czystość i integralność. Wyizolowany DNA wykorzystany został jako matryca do analiz ilościowych techniką qPCR z zastosowaniem specyficznych sekwencyjnie primerów. Ocenę przeprowadzono w oparciu o wyniki uzyskane na drodze amplifikacji sekwencji genów kodujących 16S rRNA w przypadku bakterii oraz 18S rRNA w przypadku grzybów. Zastosowanie podłoża popieczarkowego spowodowało nasilenie amonifikacji, nitryfikacji, aktywności ureazy oraz rozwoju bakterii i grzybów proteolitycznych. Na ogół parametry te były wyższe w obiektach z odpadem zastosowanym łącznie z NPK niż z samym odpadem. Ponadto mikroorganizmy silniej zareagowały na zastosowanie podłoża niż obornika.

Reaction of soil microorganisms population to soil fertilization with spent mushroom waste

The research carried out in the first year was to find out the reaction of the soil microbial population to the introduction of the substrate after mushroom cultivation in various variants, including NPK, and to compare it with the reaction to fertilizing the soil with manure. In presented study, a quantitative assessment of the microbial population was also performed using molecular methods. For this purpose, total DNA was extracted from each sample and its quantity, purity and integrity were determined. The isolated DNA was used as a template for quantitative analyses by qPCR technique using sequence-specific primers. The quantification was based on the results obtained by amplification of gene sequences encoding 16S rRNA for bacteria and 18S rRNA for fungi. The use of the spent mushroom waste increased ammonification, nitrification, urease activity and the development of bacteria and proteolytic fungi. In general, these parameters were higher in facilities with waste used together with NPK than with the waste itself. In addition, the microorganisms reacted more strongly to the application of the substrate than to manure.

Analiza filogenetyczna endofitycznych promieniowców z rodzaju *Micromonospora* wyizolowanych z brodawek korzeniowych janowca barwierskiego (*Genista tinctoria*) rosnącego w południowych Włoszech

MICHAŁ KALITA¹, SYLWIA WDOWIAK-WRÓBEL¹, MONIKA MAREK-KOZACZUK¹,
WOJCIECH SOKOŁOWSKI¹, EMANUELA DI IORO², OLGA DE CASTRO²,
ELEONORA MANZO²

¹Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Instytut Nauk Biologicznych,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie,

²Dipartimento di Biologia, Orto Botanico, Università degli Studi di Napoli Federico II, Naples, Italy

Brodawki korzeniowe roślin bobowatych są zasiedlane przede wszystkim przez ryzobia, wiążące azot atmosferyczny w układzie symbiotycznym z partnerem roślinnym. Opublikowane wyniki badań nad mikrobiomem brodawek korzeniowych wskazują, że poza klasycznymi ryzobiami w brodawkach korzeniowych znajdują się inne bakterie reprezentujące zróżnicowane pod względem filogenetycznym grupy. Wśród szczepów bakteryjnych wyizolowanych z brodawek korzeniowych janowca barwierskiego (*Genista tinctoria*), rosnącego w południowych Włoszech, zidentyfikowano 20 izolatów należących do promieniowców z rodzaju *Micromonospora*. Ich pozycja rodzajowa została potwierdzona analizą porównawczą sekwencji genu kodującego 16S rRNA. Wykorzystanie w analizie filogenetycznej sekwencji genów tzw. metabolizmu podstawowego (*rpoB*, *gyrB*), pozwoliło na ustalenie gatunków najbliższych spokrewnionych do badanych izolatów oraz wskazanie, że przynajmniej część z nich może reprezentować nowe gatunki w obrębie rodzaju *Micromonospora*.

Phylogenetic analysis of endophytic actinobacteria of the genus *Micromonospora* isolated from root nodules of dyer's broom (*Genista tinctoria*) growing in southern Italy

The root nodules of legumes are generally inhabited by the rhizobia, nitrogen fixing bacteria that are capable of forming symbiotic associations with their plant host. The published data on the root nodule microbiome show that apart from 'classic' rhizobia, many other bacteria representing various phylogenetic groups can be found in the root nodules. A total of 20 actinobacterial strains of the genus *Micromonospora* were isolated from root nodules of dyer's broom (*Genista tinctoria*) growing in southern Italy. Their taxonomic position at the genus level was confirmed by a comparative analysis of the 16S rRNA gene sequence. Phylogenetic analysis based on the housekeeping gene sequences (*rpoB*, *gyrB*) identified most closely related species to *G. tinctoria* root nodule actinobacterial isolates and suggested that at least some of the studied strains belong to the putative new species of the genus *Micromonospora*.

Fantastyczne cyjanobakterie – jak je wykorzystać?

Robert Konkel¹, Anna Fidor¹, Michał Grabski², Anna Toruńska-Sitarz¹,
Marta Cegłowska³, Karolina Szubert¹, Krzysztof Pyrc⁴, Hanna Mazur-Marzec¹

¹Zakład Biotechnologii Morskiej, Instytut Oceanografii, Uniwersytet Gdański

²Katedra Biologii Molekularnej, Wydział Biologii, Uniwersytet Gdański

³Zakład Chemii i Biochemii Morza, Instytut Oceanologii Polskiej Akademii Nauk

⁴Pracownia Wirusologii, Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński

Cyjanobakterie (sinice) to fotosyntetyzujące bakterie będące najstarszymi znanymi formami życia. Wiele z metabolitów wtórnych produkowanych przez sinice to związki o unikalnej strukturze i aktywności biologicznej. Szacuje się, że organizmy te produkują około 5000 niebiałkowych aminokwasów.

Badania sekwencji całego genomu *N. edaphicum* wykazały istnienie 4 klastrów genowych odpowiedzialnych za syntezę peptydów nierybosomalnych. Badania metabolitów produkowanych przez ten szczep prowadzone z zastosowaniem tandemowej spektrometrii mas (MS/MS) potwierdziły istnienie 4 grup peptydów: cyanopeptolin, nostocyclopeptydów, kryptoficyn (prawdopodobnie) i anabaenopeptyn. W obrębie tych związków wykryto odpowiednio 49, 10, 9 i 4 analogi.

Metabolity sinic charakteryzują się zróżnicowaną aktywnością biologiczną. Wiele z nich obecnie jest analizowana pod kątem biotechnologicznego wykorzystania, przede wszystkim w farmacji. Peptydy produkowane przez *N. edaphicum* CCNP1411 w badaniach biochemicznych wykazały aktywność względem nowotworowych linii komórkowych, wirusów, bakterii oraz kluczowych enzymów metabolicznych.

Fantastic cyanobacteria – how to use them?

Cyanobacteria are photosynthetic bacteria and belong to the oldest known forms of life. Many of the secondary metabolites produced by cyanobacteria are compounds with unique structures and biological activities. It is estimated that these organisms produce approx. 5000 non-proteinous amino acids.

Sequencing of the whole *N. edaphicum* CCNP1411 genome of revealed the existence of 4 nonribosomal peptide synthetase clusters, containing potential genes encoding enzymes involved in the synthesis of 4 groups of compounds. Studies with application of tandem mass spectrometry (MS/MS) confirmed the existence of 4 groups of compounds: cyanopeptolines, nostocyclopeptides, cryptophycins (probably) and anabaenopeptins. Within each class of the peptides 49, 10, 9 and 4 analogues were detected, respectively.

Cyanobacterial metabolites show wide array of biological activities. Many of the compounds are currently explored as potential agents for use in biotechnology, primarily as pharmaceuticals. In biochemical assays, peptides produced by *N. edaphicum* CCNP1411 showed activity against cancer cell lines, viruses, bacteria and key metabolic enzymes.

Pangenom bakterii z rodzaju *Rhizobium*

PIOTR KOPER, KAMIL ŻEBRACKI, MAGDALENA WÓJCIK, MAŁGORZATA MARCZAK,
ANDRZEJ MAZUR

Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Instytut Nauk Biologicznych,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Akademicka 19, 20-031 Lublin

Rizobia stanowią unikalną grupę bakterii glebowych tworzących symbiozę z roślinami bobowatymi (*Fabaceae*), która wynika również z nietypowej struktury ich genomów. Są one zazwyczaj wieloreplikonowe, z dużymi plazmidami, których wielkość może wynosić nawet >1 Mbp. Stale rosnąca ilość wysokiej jakości sekwencji genomów rizobiów dostępna w bazach danych, pozwoliła na analizy dystrybucji funkcjonalnej informacji genetycznej w obrębie replikonów, w ujęciu pangenomowym.

W oparciu o wszystkie kompletne genomy rodzaju *Rhizobium*, zbudowano pangenom, z uwzględnieniem struktury poszczególnych genomów. W obrębie każdej z kategorii, tj. całego genomu, chromosomu, plazmidów, wyznaczono genom rdzeniowy i dodatkowy. Z wykorzystaniem kategorii COG, porównano podział funkcjonalny genów pomiędzy chromosom i plazmidy.

Zaobserwowano statystycznie istotne różnice dla większości analizowanych kategorii COG. W genomie plazmidowym znacząco częściej występowały geny zaangażowane w transport i metabolizm aminokwasów i cukrów, jak również kodujące białka odpowiedzialne za regulację ekspresji innych genów. Z kolei w chromosomach częściej ulokowane były geny odpowiedzialne za replikację i rekombinację DNA, jak również syntezę podstawowych struktur komórkowych.

Pangenom of *Rhizobium* genus

Rizobia are a unique group of soil bacteria that establish a symbiosis with leguminous plants (*Fabaceae*). The structure of their genomes is also unique: they are usually multipartite with large plasmids, the size of which can be as high as > 1 Mbp. The constantly growing amount of high-quality sequences of rhizobial genomes deposited in databases, allowed for the analysis of the functional distribution of genetic information within classes of replicons, in the pangenome approach.

Based on all the available complete genomes of the genus *Rhizobium*, pangenomes were constructed taking into account the structure of the individual genomes. Within each of the categories i.e. complete genome, chromosome, plasmids, a core and an accessory genome were designated. Using the COG classification, the functional distribution of genes between the chromosomes and plasmids was assessed.

Statistically significant differences were observed for most of the analysed COG categories. The genes involved in the transport and metabolism of amino acids and carbohydrates, as well as those encoding putative regulators of gene expression, were significantly enriched in the plasmid pool. In turn, the genes responsible for DNA replication and recombination as well as the synthesis of basic cellular structures were more frequently located in the chromosomes.

Ocena wpływu inokulacji pszenicy ozimej wybranymi szczepami bakterii solubilizujących fosforany

MONIKA KOZIEL, STEFAN MARTYNIUK

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

W przeprowadzonych badaniach wykorzystano 27 szczepów bakterii solubilizujących fosforany pochodzących z kolekcji Zakładu Mikrobiologii Rolniczej IUNG-PIB w Puławach.

W przeprowadzonym doświadczeniu wazonowym analizowano wpływ badanych szczepów PSB na świeżą i suchą masę części nadziemnych i korzeni pszenicy ozimej (odmiana Memory). Zaszczepienie nasion pszenicy bakteriami solubilizującymi fosforany na ogół nie miało istotnego wpływu na plonowanie i wzrost korzeni tej rośliny. Największą średnią masę części nadziemnych uzyskano dla szczepów F55, F207 oraz F417, natomiast najwyższą wartość średniej masy korzeni uzyskano w przypadku szczepu F21 i F431. W przypadku średniej suchej masy części nadziemnych najwyższy wynik zanotowano dla szczepów F21, F55, F159, F171 i F175. Największa średnia wartość suchej masy korzeni pszenicy charakteryzowała rośliny zaszczepione szczepami F257, F331-2 i F431.

Evaluation of the effect of inoculation of winter wheat with selected strains of bacteria solubilizing phosphates

In the study 27 strains of phosphate solubilizing bacteria from the collection of the Department of Agricultural Microbiology IUNG-PIB in Pulawy were used.

In the pot experiment, the influence of the tested PSB strains on the fresh and dry weight of the aerial parts and roots of winter wheat (Memory variety) was analyzed. Inoculation of wheat seeds with phosphate solubilizing bacteria generally did not have a significant effect on the yield and root growth of this plant. The highest mean weight of the aerial parts was obtained for the strains F55, F207 and F417, while the highest value of the mean weight of the roots was obtained for the strains F21 and F431. In the case of the average dry weight of the aerial parts, the highest result was recorded for the strains F21, F55, F159, F171 and F175. The highest mean value of dry weight of wheat roots was characteristic for plants inoculated with the F257, F331-2 and F431 strains.

Badania były realizowane w ramach Statutowego Projektu Badawczego nr 1.22 (2018-2021)

Występowanie bakterii z rodzaju *Azotobacter* w różnych typach i grupach granulometrycznych gleb w Polsce

MONIKA KOZIEL, STEFAN MARTYNIUK

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

W przeprowadzonych badaniach analizowano występowanie i liczebność bakterii z rodzaju *Azotobacter* w 1140 próbkach gleb pobranych z różnych rejonów Polski.

Gleby te pod względem właściwości fizycznych scharakteryzowane zostały głównie w oparciu o ich uziarnienie (skład granulometryczny) wg normy BN-78/9180-11, co pozwoliło na wyodrębnienie 12 grup granulometrycznych, od bardzo lekkich piasków luźnych (pl) do glin ciężkich (gc) i ilów (i). Badaniami objęto również gleby zaliczone do 4 typów tj. gleby murszowe (M), mady (F), rędziny (R) i lessy (L).

Na podstawie przeprowadzonych badań stwierdzono, że bakterie należące do rodzaju *Azotobacter* zasiedlają około 43% gleb w Polsce. Bakterie te występują we wszystkich badanych grupach gleb (rodzaje, gatunki), ale w obrębie tych grup procent gleb zasiedlonych przez *Azotobacter* spp. jest bardzo zróżnicowany i waha się od 8% i 19% w przypadku piasków luźnych i piasków słabogliniastych do około 80% i 90% w przypadku glin ciężkich i rędzin. Stwierdzono również ścisłą zależność ($r = 0,944$) pomiędzy zawartością części spławialnych ($< 0,02\text{mm}$) w różnych gatunkach gleb a procentem ich zasiedlenia przez bakterie z rodzaju *Azotobacter*, co świadczy, że frakcja pyłowo-ilasta gleb sprzyja ich zasiedleniu przez omawiane bakterie.

Occurrence of *Azotobacter* spp. in different types and groups of soil granulometric in Poland

The research analyzed the occurrence and abundance of *Azotobacter* spp. in the soils of Poland (1140 samples).

These soils, in terms of physical properties, have been characterized mainly on the basis of their grain size (granulometric composition) according to the BN-78/9180-11 standard, which allowed to distinguish 12 grain size groups, from very light loose sands to clay loam and silts. The research also covered soils classified into 4 types, i.e. gleyic luvisols, alluvial soils, cambisols and loess.

The conducted research demonstrated that the bacteria belonging to the genus *Azotobacter* inhabit about 43% of soils in Poland. These bacteria are present in all of the studied soil groups (types, species), but within these groups the percentage of soils colonized by *Azotobacter* spp. is very differentiated and ranges from 8% and 19% in the case of loose sands and weakly loamy sands to about 80% and 90% in the case of clay loam and cambisols. The high correlation coefficient ($r = 0.944$) between the content of floatable parts ($< 0.02\text{ mm}$) in various soil species and the percentage of their colonization by *Azotobacter* spp. proves that the silt-clay fraction of the soils is favorable for their colonization by these bacteria.

Zróżnicowanie zdolności szczepów bakterii solubilizujących fosforany do rozpuszczania fosforanu wapnia

MONIKA KOZIEL, STEFAN MARTYNIUK

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

W przeprowadzonych badaniach wykorzystano 27 szczepów bakterii solubilizujących fosforany pochodzących z kolekcji Zakładu Mikrobiologii Rolniczej IUNG-PIB w Puławach.

Zdolność wyizolowanych szczepów PSB do rozpuszczania $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ sprawdzano na agarowej i płynnej pożywce Pikovskaya.

Przeprowadzone badania wykazały, że wszystkie izolaty tworzyły przejaśnienia na pożywce Pikovskaya, co świadczy o zdolności tych bakterii do rozpuszczania fosforanów i uwalniania fosforu z jego nierozpuszczalnej soli. Zgodnie z klasyfikacją Berraquero i in. [1976] pięć izolatów zostało sklasyfikowanych jako szczepy o średnim stopniu ($2 < \text{SI} \leq 4$) solubilizacji, natomiast pozostałe dwadzieścia dwa zostało zaklasyfikowanych jako solubilizatory o niskim stopniu ($\text{SI} < 2$) rozpuszczalności fosforanu. Największe strefy przejaśnień ($\text{SI} = 2,33$ mm) obserwowano u szczepu F171 należącego do gatunku *Pseudomonas arsenicoxydans*.

Rozpuszczanie fosforanu trójwapniowego badano w pożywce płynnej, oznaczając stężenie jonów PO_4^{3-} metodą spektrofotometryczną po 24h, 48h i 72h inkubacji w 28°C. Wśród rodzajów, które charakteryzowały się najwyższą zdolnością do rozpuszczania $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ znalazły się *Pseudomonas* (F33, F171, F321, F357, F431), *Paraburkholderia* (F331-2, F417), *Phyllobacterium* (F331-3), *Inquilius* (F289, F401), *Bacillus* (F257) i *Streptomyces* (F317). Najniższą zdolność do rozpuszczania fosforanu trójwapniowego wykazał szczep F115 należący do rodzaju *Inquilius*.

Diversification of the ability of phosphate solubilizing bacteria strains to dissolve calcium phosphate

In the study 27 strains of phosphate solubilizing bacteria from the collection of the Department of Agricultural Microbiology IUNG-PIB in Pulawy were used.

The ability of the isolated PSB strains to dissolve $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ was tested on Pikovskaya agar and liquid medium.

The conducted research showed that all isolates created bright spots on Pikovskaya medium, which proves the ability of these bacteria to dissolve phosphate and release phosphorus from its insoluble salt. According to the classification of Berraquero et al. [1976] five isolates were classified as intermediate ($2 < \text{SI} \leq 4$) solubilized strains, while the remaining twenty two were classified as low ($\text{SI} < 2$) phosphate solubilizers. The largest clearing zones ($\text{SI} = 2.33$ mm) were observed in the F171 strain belonging to the species *Pseudomonas arsenicoxydans*.

The dissolution of the tricalcium phosphate was tested in a liquid medium, determining the concentration of PO_4^{3-} by spectrophotometric method after 24h, 48h and 72h incubation at 28°C. Among the genera with the highest $\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$ solubilization ability were *Pseudomonas* (F33, F171, F321, F357, F431), *Paraburkholderia* (F331-2, F417), *Phyllobacterium* (F331-3), *Inquilius* (F289, F401), *Bacillus* (F257) and *Streptomyces* (F317). The F115 strain belonging to the genus *Inquilius* showed the lowest ability to dissolve tricalcium phosphate.

Badania były realizowane w ramach Statutowego Projektu Badawczego nr 1.22 (2018–2021)

Różnorodność gatunków genomowych i profil patogenności *Aeromonas* sp. serogrupy PGO1 izolowanych z tkanek ryb hodowlanych

MARIA KURZYLEWSKA, KATARZYNA DWORACZEK, ANNA TURSKA-SZEWCZUK

Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Wydział Biologii i Biotechnologii,
Instytut Nauk Biologicznych, Katedra Genetyki i Mikrobiologii

Celem badań było określenie występowania gatunków genomowych oraz charakterystyka profilu patogenności szczepów *Aeromonas* sp., serogrupy PGO1, dominującej wśród mezofilnych aeromonadów, izolowanych od ryb hodowlanych w Polsce.

Badaniami objęto 34 izolaty *Aeromonas* sp. Typowanie serologiczne przeprowadzono metodą aglutynacji i potwierdzono techniką Western blotting. Identyfikację gatunkową oparto na analizie sekwencji i polimorfizmu genu 16S rRNA (PCR-RFLP). Profil patogenności izolatów, obejmujący zdolność do syntezy toksyn i enzymów, określono na podstawie analizy fenotypu i genotypu.

Wyniki: Spośród 34 badanych szczepów *Aeromonas* sp., 6 izolatów należało do serogrupy PGO1. Szczepy te reprezentowały gatunki genomowe *A. veronii* bv. *sobria*, *A. encheleia*, *A. hydrophila* i *A. sobria*. U wszystkich izolatów potwierdzono występowanie przynajmniej jednego genu warunkującego syntezę toksyn, charakterystycznych dla aeromonadów (*aer*, *ser*, *alt*, *ast*, *act*, *gcaT*) oraz aktywność proteolityczną i hemolityczną.

Wnioski: W obrębie serogrupy PGO1 zidentyfikowano różne gatunki genomowe *Aeromonas* sp. charakteryzujące się odmiennymi profilami patogenności.

Diversity of genomic species and pathogenicity profile of *Aeromonas* sp. serogroup PGO1 isolated from tissues of farmed fish

The aim of the study was to determine the occurrence of genomic species and to characterize the pathogenicity profile of *Aeromonas* sp. strains, serogroup PGO1, prevailing among mesophilic aeromonads isolated from farmed fish in Poland.

The study included 34 of *Aeromonas* sp. isolates. Serological typing of the isolates was carried out with the agglutination method and confirmed by Western blotting. The species identification of the isolates was based on the sequence and polymorphism analysis of the 16S rRNA gene (PCR-RFLP). The pathogenicity profile of the isolates, including the ability to synthesize toxins and enzymes, was determined using phenotype and genotype analysis.

Results: Out of the 34 tested *Aeromonas* sp. strains, 6 isolates belonged to the PGO1 serogroup. These strains represented the genomic species of *A. veronii* bv. *sobria*, *A. encheleia*, *A. hydrophila*, and *A. sobria*. In all isolates, the presence of at least one of the toxin genes characteristic of aeromonads (*aer*, *ser*, *alt*, *ast*, *act*, *gcaT*) and proteolytic and haemolytic activities were confirmed.

Conclusions: Various genomic species of *Aeromonas* sp. with different pathogenicity profiles have been identified within the PGO1 serogroup.

Ograniczanie nawożenia azotowego zmienia sieci mikrobiomu w niszach rolniczej pod uprawą kukurydzy

AGNIESZKA KUŹNIAR¹, ANNA KRUCZYŃSKA¹, SARA JURCZYK³, ARTUR BANACH¹,
JACEK PODLEWSKI², ANDRZEJ SŁOMCZEWSKI², AGNIESZKA WOLIŃSKA¹

¹Department of Biology and Biotechnology of Microorganisms,
The John Paul II Catholic University of Lublin, Lublin, Poland

²Potulicka Foundation Economic Center, Wojnowo, Poland

³Department of Artificial Intelligence, The John Paul II Catholic University of Lublin, Poland

Przedmiot badań stanowiło zbadanie reakcji mikrobiomu rolniczego na 4 różne dawki azotu (0, 150, 200 i 250 kg/ha/rok) w glebie pozostającej pod uprawą kukurydzy w systemie orkowym i bezorkowym. Odpowiedź mikrobiomu rolniczego wyznaczono stosując technikę sekwencjonowania następnej generacji ampikonów 16S i ITS (MiSeq Illumina).

Wykazano, że zastosowane dawki nawożenia spowodowały zmianę sieci mikroorganizmów glebowych. Potwierdzono statystycznie istotny wpływ dawki azotu w stosunku do ilości odczytów ampikonów sklasyfikowanych do typu Verucomicrobia. Określono także istotny wpływ zredukowanego nawożenia na mykobiom, reprezentowany przez typ Ascomycota.

Podsumowując, wzbogacenie gleby azotem zmieniło sieć mikrobiomu w glebie, co może sugerować, że mikrobiom rolniczy jest ekologicznie współzależny od substratów zwartych w glebie, szczególnie od azotu.

Nitrogen fertilizer limitation alters agricultural microbiome networks under corn cultivation

In this study, the responses of the agricultural microbiome to 4 different applications of nitrogen treatments (0, 150, 200, and 250 kg/ha/year) in the soil remaining on the tillage and no-tillage systems of maize were examined. Next-generation sequencing (MiSeq Illumina) of 16S and ITS amplicons was used to investigate the responses of the agricultural microbiome.

It was found that the applied fertilization rates changed the soil microbial network. A statistically significant effect of nitrogen dose on the number of amplicon reads classified into Verucomicrobia type was demonstrated. The significant effect of reduced fertilization on mycobiomes, represented by the Ascomycota type, was also evidenced.

Summarising, nitrogen enrichment of soil altered the soil microbiome network, which may suggest that the agricultural microbiome is ecologically interdependent on soil compact substrates, especially on nitrogen.

Praca dofinansowana 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

Gleby industrioziemne jako źródło mikroorganizmów o potencjale biotechnologicznym

MAŁGORZATA MAJEWSKA*, KAMILA SITARZ, PIOTR ADAMCZUK, ARTUR NOWAK

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

*e-mail: malgorzata.majewska@mail.umcs.pl

Gmina Bolesław koło Olkusza leży na obszarze występowania złóż cynku i ołowiu eksploatowanych przez Zakłady Górniczo-Hutnicze “Bolesław”. Wiele hałd i zwałowisk w wyniku naturalnej sukcesji zostało zasiedlone przez roślinność, a inne zostały objęte programem rekultywacji środowiska. Materiał zgromadzony na tych hałdach zawiera kadm, ołów, cynk i żelazo w bardzo wysokim stężeniu (odpowiednio 235–396, 2917–5748, 43512–71451, 39511–79710 mg·kg⁻¹ SM gleby). Mimo tych ekstremalnie trudnych warunków jest to siedlisko bardzo bogate florystycznie i mikrobiologicznie. Ogólna liczebność mikroorganizmów zasiedlających warstwę powierzchniową gleby (0–15 cm) wynosiła 4,91·10⁷ jtk·g⁻¹ SM. W zespole bakterii dominował *Sphingobium aromaticiconvertens* (70%), *Arthrobacter* sp. (20%), *Bacillus* sp. (5%), *Streptomyces* sp. (3%) i *Brevundimonas aurantiaca* (1%). Najliczniej występującym przedstawicielem grzybów był *Clonostachys rosea*. Dominujące mikroorganizmy należą do rodzajów/gatunków o potencjale bioremediacyjnym (np. zdolnych do degradacji węglowodorów aromatycznych i/lub biotransformacji metali ciężkich). Ponadto wykazują właściwości promujące wzrost roślin oraz potencjalnie mogą indukować odporność i łagodzić stres abiotyczny u roślin.

Industrial soil as a source of microorganisms with biotechnological potential

The commune of Bolesław near Olkusz is located in the region of deposits of zinc and lead ores exploited by the “Zakłady Górniczo-Hutnicze Bolesław”. Many heaps and dumps, as a result of natural succession, have been colonized by numerous plants species originating from the surrounding ecosystems, and others have been included in an environmental regeneration program. The material deposited on these heaps contains cadmium, lead, zinc and iron in a very high concentration (235–396, 2917–5748, 43512–71451, 39511–79710 mg·kg⁻¹ DM of soil, respectively). Despite these extremely difficult conditions, the area is a floristically and microbiologically very rich habitat. The total number of microorganisms inhabiting the surface layer of the soil (0–15 cm) was 4,91·10⁷ jtk·g⁻¹ DM. *Sphingobium aromaticiconvertens* (70%), *Arthrobacter* sp. (20%), *Bacillus* sp. (5%), *Streptomyces* sp. (3%) and *Brevundimonas aurantiaca* (1%) dominated in the bacterial community. Whereas, *Clonostachys rosea* was the most abundant representative of fungi. The most numerous microorganisms isolated from the heap material belong to genera/species with bioremediation potential (e.g. degradation of aromatic hydrocarbons and/or transformation of heavy metals). In addition, they exhibit plant growth promoting properties and have the potential to induce immunity and alleviate abiotic stress in plants.

Charakterystyka jakościowa i ilościowa bakterii obecnych w glebie ekosystemu leśnego i rolniczego

ANNA MARZEC-GRZĄDZIEL¹, ANNA GAŁĄZKA¹, KAROLINA GAWRYJOLEK¹,
KAROLINA FURTAK¹, JAROSŁAW GRZĄDZIEL

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

Naturalne ekosystemy leśne pełnią wiele funkcji gospodarczych i społecznych, stąd ważne jest zachowanie ich różnorodnego składu gatunkowego. Gleba jest jednym z podstawowych elementów siedlisk leśnych a jej kluczowych elementem są mikroorganizmy.

Celem badań była charakterystyka jakościowa oraz ilościowa bakterii w glebie leśnej i uprawianej rolniczo. Materiał do badań stanowiły próby gleby pobrane z lasu i przyległego do niego pola uprawnego. Bioróżnorodność genetyczna określona została za pomocą technik NGS. Analiza bioinformatyczna pokazała różnice w składzie taksonomicznym bakterii w analizowanych próbkach. Nowe metody analiz pozwoliły także na charakterystykę funkcjonalną próbek.

Badania wykonano w ramach temat statutowego 1.27 IUNG-PIB „Charakterystyka strukturalna i funkcjonalna bioróżnorodności mikroorganizmów glebowych w ekosystemie leśnym i rolniczym”

Qualitative and quantitative characteristics of bacteria present in the soil of forest and agricultural ecosystems

Natural forest ecosystems perform many economic and social functions, hence it is important to maintain their diverse species composition. Soil is one of the basic elements of forest habitats and its key elements are microorganisms.

The aim of the study was qualitative and quantitative characterization of bacteria in forest and agriculturally cultivated soil. Soil samples taken from the forest and from the adjacent agricultural field constituted the material for the study. Genetic biodiversity was determined using NGS techniques. Bioinformatic analysis showed differences in the taxonomic composition of bacteria in the analyzed samples. New methods of analysis also allowed for functional characterization of the samples.

*The research was carried out within the statutory subject 1.27 of IUNG-PIB
“Structural and functional characterization of soil microorganisms biodiversity in forest
and agricultural ecosystems”*

Sekwencjonowanie pełnego genomu bakterii z rodzaju *Achromobacter* wyizolowanej z ryzosfery w uprawie kukurydzy

ANNA MARZEC-GRZĄDZIEL, ANNA GAŁĄZKA

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

Izolacja nowych szczepów bakteryjnych z naturalnego środowiska może doprowadzić do wykrycia mikroorganizmów o potencjalnym znaczeniu praktycznym. Charakterystyka takich mikroorganizmów może być prowadzona klasycznymi metodami mikrobiologicznymi, 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, charakterystyki fenotypowej. Połączenie analiz genomu z technikami mikromacierzy pozwala na dogłębną charakterystykę analizowanej bakterii.

Badania realizowano w ramach projektu prac przedwdrożeniowych Inkubator Innowacyjności 4.0; nr 1/ININ 4.0/IUNG-PIB/2021

Whole genome sequencing of an *Achromobacter* bacterium isolated from the rhizosphere in a maize crop

Isolation of new bacterial strains from the natural environment can lead to the detection of microorganisms of potential practical importance. Characterization of such microorganisms can be carried out by classical microbiological methods, molecular biology methods. Currently, the study of newly detected 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, phenotypic characteristics. The combination of genome analysis with microarray techniques allows for in-depth characterization of the bacterium under analysis.

The research was carried out as part of the pre-implementation project Innovation Incubator 4.0; no 1/ININ 4.0/IUNG-PIB/2021

Techniki sekwencjonowania nowej generacji stosowane w badaniach nad wpływem grzybów na wietrzenie biologiczne

ANNA MARZEC-GRZĄDZIEL¹, ANNA GAŁĄZKA¹, JAROSŁAW GRZĄDZIEL,
ŁUKASZ PAWLIK²

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

²Instytut Nauk o Ziemi 41-200 Sosnowiec, ul. Będzińska 60, Uniwersytet Śląski

Mikroorganizmy glebowe są ważnym składnikiem środowiska i pełnią w nim szereg pozytywnych funkcji. Grzyby mogą wpływać na wzrost i zdrowotność roślin, strukturę gleby i jej produktywność.

Głównym celem badań była ocena wpływu 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 grzybów określono za pomocą metod sekwencjonowania nowej generacji. Dogłębna analiza bioinformatyczna pozwoliła na określenie różnic w składzie mikrobiologicznym próbek pobranych z terenów biologicznie zwietrzałych w stosunku do kontroli negatywnych.

Badania wykonano w ramach projektu: NCN 2019/33/B/ST10/01009

New generation sequencing technics applied to research on fungal influence on biological weathering

Soil microorganisms are an important component of the environment and perform a number of positive functions in it. Fungi can affect the plant growth and health, soil structure and its productivity.

The main objective of this study was to evaluate the effect of fungi present in the environment on the biological weathering process. The area of sampling was in the Poprad River gorge in the southern part of the Beskidy mountains. Soil samples were collected in 2021. The determination of structural diversity of fungi was determined by new generation sequencing methods. In-depth bioinformatics analysis allowed us to plot differences in microbial composition in samples collected from biologically weathered sites against negative controls.

*The research was carried out as part of the implementation of the project:
NCN 2019/33/B/ST10/01009*

Ocena różnorodności genetycznej zbiorowisk bakterii w zdegradowanej glebie nawożonej fosforowym bionawozem

MATEUSZ MĄCIK¹, AGATA GRYTA¹, LIDIA SAS-PASZT², MAGDALENA FRĄC¹

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk,
ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

²Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach, ul. Pomologiczna 18, 96-100 Skierniewice

Poznanie mikrobiomów gleb uprawnych należy do najważniejszych wyzwań w kierunku rozwoju zrównoważonego i ekologicznego rolnictwa. Celem badań było określenie różnorodności genetycznej zbiorowisk bakterii w zdegradowanej glebie nawożonej fosforowym bionawozem. Doświadczenie polowe obejmowało dawkę optymalną bez wzbogacenia mikrobiologicznego (FC), dawkę optymalną zawierającą mikroorganizmy (FA100) oraz dawkę zredukowaną o 40% wzbogaconą mikrobiologicznie (FA60). Próbkę gleby pobrano w następujących terminach: czerwiec 2018 (J18), październik 2018 (O18), czerwiec 2019 (J19) i październik 2019 (O19). Różnorodność genetyczna zbiorowisk bakterii została określona z wykorzystaniem sekwencjonowania następnej generacji (NGS). Uzyskane wyniki wskazały na zmiany we względnej obfitości poszczególnych typów, klas i rzędów. Analiza PCoA wskazała na wyraźne grupowanie wariantów nawożenia w zależności od terminu poboru próbek gleby, natomiast analiza UPGMA pokazała, że głównym czynnikiem grupującym był sposób nawożenia. W wariantach FA60(J18), FA100-FA60(J19) oraz FA100(O19) zaobserwowano zwiększone wartości wskaźnika różnorodności Shannona.

Praca finansowana przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu BIOSTRATEG, numer umowy BIOSTRATEG3/347464/5/NCBR/2017

The evaluation of genetic diversity of bacterial communities in the degraded soil amended with phosphorus biofertilizer

Exploring the microbiomes of arable soils is among the most important challenges in the development of sustainable and organic agriculture. The aim of the study was to determine the genetic diversity of bacterial communities in the degraded soil amended with phosphorus biofertilizer. The field experiment included an optimal dose of fertilizer without microbial enrichment (FC), an optimal dose containing microorganisms (FA100) and 40% reduced dose containing microorganisms (FA60). Soil samples were collected on the following dates: June 2018 (J18), October 2018 (O18), June 2019 (J19) and October 2019 (O19). The bacterial genetic diversity was determined using Next Generation Sequencing (NGS). The obtained results indicated changes in the relative abundance of different phyla, classes and orders. PCoA analysis indicated a clear clustering of treatments according to the soil sampling time, while UPGMA analysis showed that the main clustering factor was the fertilization method. The increased values of Shannon diversity index were observed in FA60(J18), FA100-FA60(J19) and FA100(O19).

This paper was financed by The National Centre for Research and Development in frame of the project BIOSTRATEG, contract number BIOSTRATEG3/347464/5/NCBR/2017

Wpływ egzopolimerów (EPS) uzyskanych z hodowli *Penicillium paneum* Pp7 na aktywność enzymów antyoksydacyjnych (CAT, APX, GPX) w tkankach pszenicy

ARTUR NOWAK¹, RENATA TYŚKIEWICZ², EWA OZIMEK², JOLANTA JAROSZUK-Ścisiel¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, UMCS; ²Laboratorium Analityczne, Sieć Badawcza Łukasiewicz–Instytut Nowych Syntezy Chemicznych

Grzyby z rodzaju *Penicillium* występują w środowisku naturalnym głównie jako saprofitry, jednak często uznawane są za patogeny różnych gatunków roślin. Grzyby te wytwarzają szeroką gamę metabolitów wtórnych o ważnym znaczeniu środowiskowym, w tym egzopolimery (EPS). Ze względu na swoją budowę, substancje te są rozpoznawane przez receptory roślinne i mogą pełnić rolę elicytorów, czyli induktorów odpowiedzi obronnej. Szczep *Penicillium paneum* Pp7, wyizolowany z gleb Spitsbergenu, wykazał zdolność do syntezy EPS. EPS uzyskano z podłoża CzapekDox (3% sacharoza i 0,75% pepton). EPS podzielono na dwie frakcje: nieoczyszczoną (L) i oczyszczoną (odbiałanie, dializa) (LP). Uzyskanym EPS inokulowano nasiona pszenicy przez 5 i 10 dni, a następnie oznaczono aktywność enzymów markerowych szlaków odporności (katalazy – CAT, peroksydazy askorbinianowej – APX i peroksydazy glutationowej – GPX) w łodygach i korzeniach rośliny. Uzyskane frakcje EPS powodowały przyrost świeżej masy łodyg i korzeni o ponad 10%. Ponadto EPS L i LP powodował 2-4-krotny wzrost aktywności CAT i GPX w korzeniach w 10 dniu wzrostu siewek oraz 3-krotny wzrost aktywności APX w łodygach pszenicy. EPS L oddziaływał natomiast silniej na aktywność GPX w korzeniach 5. dnia inkubacji oraz aktywność CAT w łodygach rośliny 10. dnia inkubacji.

Badania zostały sfinansowane z subwencji statutowej UMCS

Influence of exopolymers (EPS) obtained from *Penicillium paneum* Pp7 cultures on the activity of antioxidant enzymes (CAT, APX, GPX) in wheat tissues

Fungi of the genera *Penicillium* occur in the natural environment mainly as saprotrophs, but are also recognized as plant pathogens. These fungi produce a wide range of environmentally important secondary metabolites, including exopolymers (EPS). Due to their structure, these substances are recognized by plant receptors and can act as elicitors, i.e. inducers of the defense response. The *Penicillium paneum* Pp7 strain, isolated from Spitsbergen soils, showed the ability to synthesize EPS. EPS was obtained from Czapek Dox medium (3% sucrose and 0.75% peptone) and divided into two fractions: crude (L) and purified (deproteinization, dialysis) (LP). The obtained EPS was inoculated with wheat seeds for 5 and 10 days, and then the activity of defense enzymes (catalase – CAT, ascorbate peroxidase – APX and glutathione peroxidase – GPX) in the stems and roots was determined. The obtained EPS fractions increased the fresh weight of stems and roots by more than 10%. Moreover, EPS L and LP caused a 2-4-fold increase in CAT and GPX activity in roots on the 10th day of incubation, and a 3-fold increase in APX activity in wheat stems. The EPS L had a stronger effect on the activity of GPX in the roots on the 5th day of incubation and the activity of CAT in the stems on the 10th day of incubation.

The research was funded by the UMCS statutory subsidy

Działanie specyficznych metabolitów wtórnych *Solidago virgaurea* przeciw *Fusarium oxysporum* i *Neosartorya fischeri*

MARTA OLESZEK^{1,2}, SOLOMIIA KOZACHOK¹, ŁUKASZ PECIO^{1,3}, KAROLINA OSZUST²,
MAGDALENA FRĄC²

¹Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Państwowy Instytut Badawczy,
Czartoryskich 8, 24-100 Puławy, Polska

²Instytut Agrofizyki, Polskiej Akademii Nauk, Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, Polska

³Uniwersytet Medyczny, Chodźki 1, 20-093 Lublin, Polska

Nawłóć pospolita, *Solidago virgaurea* L. (Asteraceae) jest rośliną wieloletnią, rosnącą naturalnie w Europie. Jej części naziemne zawierają znaczne ilości specyficznych metabolitów wtórnych o działaniu biologicznie aktywnym z grup: saponin, glikozydowych pochodnych kwasu benzoowego, flawonoidów, kwasów fenolowych.

W doświadczeniu zbadano aktywność biologiczną ekstraktu z *S. virgaurea*, a także frakcji ekstraktu stanowiących poszczególne grupy związków biologicznie czynnych, przeciwko *Fusarium oxysporum* i *Neosartorya fischeri*. Dokonano charakterystyki fitochemicznej badanych preparatów za pomocą Waters ACQUITY UPLC TQD-MS. Testy mikrobiologiczne zostały wykonane przy użyciu szybkiej i dokładnej metody mikropłytkowej (Biolog MT2).

Wyniki badań wskazują na istotną inhibicję wzrostu badanych grzybów przez związki obecne w ekstrakcie. Jak wykazała analiza wpływu poszczególnych frakcji, najbardziej skuteczna przeciwko *N. fischeri* okazała się frakcja zawierająca glikozydy kwasu benzoowego, takie jak leikarposyd i virgaureosyd. Najsilniejszą inhibicję wzrostu *F. oxysporum* zaobserwowano po zastosowaniu frakcji saponinowej.

The activity of specific metabolites of *Solidago virgaurea* against *Fusarium oxysporum* and *Neosartorya fischeri*

European goldenrod, *Solidago virgaurea* L. (Asteraceae) is perennial plant, native in Europe. Aerial part of *S. virgaurea* contains significant amount of specific metabolites with biological activity from various chemical groups: saponins, benzyl benzoate glycosides, flavonoids, phenolic acids.

The biological activity of the extract and its fractions composed of structurally related metabolites derived from *S. virgaurea* has been tested against *Fusarium oxysporum* and *Neosartorya fischeri*. Phytochemical characteristic of the tested preparations (extract and fractions) has been performed using Waters ACQUITY UPLC TQD-MS system, and microbiological assays using fast and accurate microplate method (Biolog MT2).

The results showed significant inhibition of fungal growth caused by compounds contained in the extract. As shown by the analysis of the impact of individual fractions, the most effective against *N. fischeri* was fraction containing benzyl benzoate glycosides such as leikarposide and virgaureoside. The strongest inhibition of *F. oxysporum* was observed after the application of the saponin fraction.

Wpływ wybranych barwników redoks na funkcjonalność izolatów z rodzajów *Verticillium* i *Trichoderma* – aspekt metodyczny

KAROLINA OSZUST¹, FLAVIA PINZARI², MAGDALENA FRĄC¹

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk

ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin k.oszust@ipan.lublin.pl, m.frac@ipan.lublin.pl

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

Celem badań było określenie rodzaju barwnika redoks oraz jego stężenia, który powtarzalnie reaguje na aktywność oddechową *Verticillium* spp. i *Trichoderma* spp. w obecności przykładowego źródła azotu ((NH₄)NO₃). Przetestowano następujące barwniki redoks: komercyjne mieszaniny barwników Biolog® D, E i F oraz zawiesiny TTC, INT MTT. Odnotowano efekt konsumpcji/toksyczności wybranych wariantów barwników. Barwniki Biolog®: F w stężeniu 1% i D 0,5% uznano za najbardziej odpowiednie do zastosowania do rozszerzonej oceny funkcjonalnej izolatów z rodzaju *Verticillium* i *Trichoderma* z wykorzystaniem płytek azotowych PM Biolog®

Praca współfinansowana przez Narodowe Centrum Nauki w ramach programu MINIATURA, numer umowy 2021/05/X/NZ9/00341

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

The influence of selected redox dyes on the functionality of *Verticillium* and *Trichoderma* genera – a methodical aspect

The research goal was to determine the redox dye type and its concentration that reasonably and comparably reacts to the respiratory activity of *Verticillium* spp. and *Trichoderma* spp. isolates in the presence of a model nitrogen source ((NH₄)NO₃). Therefore, the commercial D, E and F Biolog® redox dyes, and TTC, INT MTT suspensions were evaluated in selected concentrations and their nutritive/toxic effects were described. The 1% F and 0.5% D Biolog® dyes were found to be the most appropriate for the functional evaluation of isolates belonging to *Verticillium* and *Trichoderma* genus, using Biolog® PM-nitrogen plate respiratory assays, for their extended functional evaluation.

This paper was co-financed by The National Science Centre in the frame of the MINIATURA scientific activity, contract number 2021/05/X/NZ9/00341

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

Wpływ kontaminacji gleby patogenem na skład mykobioty ryzosfery wybranych odmian ziemniaka

JACEK PANEK^{1*}, MAGDALENA FRĄC¹, KRZYSZTOF TREDER², ANNA PAWŁOWSKA²,
DOROTA MICHAŁOWSKA², STEFANIE N. VINK³, JOANA FALCÃO SALLES³

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk
ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

²Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy,
Pracownia Diagnostyki Molekularnej i Biochemii, 76-009 Bonin

³Department of Microbial Ecology, Center for Evolutionary and Ecological Studies,
University of Groningen, 9700 CC, Groningen, The Netherlands

*j.panek@ipan.lublin.pl

Ziemniak jest jedną z najpowszechniej uprawianych roślin na świecie, a Polska znajduje się wśród krajów o najwyższej produkcji tej rośliny w Europie. W ostatnich latach obserwuje się znaczny wzrost powierzchni upraw ziemniaków.

Celem badań było określenie wpływu kontaminacji gleby patogenem ziemniaka *Rhizoctonia solani* na skład mykobioty ryzosfery wybranych odmian ziemniaka. Próbkę ryzosfery pobrano po 19 tygodniach wzrostu w wazonach. Doświadczenie prowadzono w wariancie kontrolnym oraz wariancie, w którym gleba została zakażona patogenem, w 3 powtórzeniach. Zsekwencjonowano region markerowy ITS2 badanych próbek z wykorzystaniem technologii Illumina MiSeq.

Nie zaobserwowano istotnych różnic we wskaźniku bioróżnorodności pomiędzy wariantem kontrolnym, a infekowanym patogenem, jednakże występowały zauważalne różnice w składzie mykobioty ryzosfery między innymi odmian takimi jak Pasja Pomorska, czy Salto.

Praca finansowana przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu ERA-NET
SusCrop, numer umowy SUSCROP/I/POTATOMETABIOME/01/2019

Impact of contamination of soil by pathogen on mycobiome composition of selected potato cultivars

Potato is one of the most commonly cultivated plant in the world and Poland is one of the largest potato producer in Europe.

Aim of the study was to determine changes in mycobiome composition of rhizosphere of selected potato cultivars in soil contaminated by *Rhizoctonia solani* pathogen. Rhizosphere samples were collected after 19 weeks of growth in pots. Study was conducted in control and infected variants in 3 replications. ITS2 marker gene was sequenced with Illumina MiSeq. We observed no significant differences between ENS biodiversity factor between groups, however we observed cultivars that presented significant shifts in mycobiome composition.

This paper was financed by The National Centre for Research and Development in frame
of the ERA-NET SusCrop, contract number SUSCROP/I/POTATOMETABIOME/01/2019

Wpływ octu drzewnego (łac. *acetum pyro-lignosum*) na wzrost grzyba fitopatogenicznego *Botrytis cinerea*

GIORGIA PERTILE, MAGDALENA FRĄC

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk
ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, e-mail: g.pertile@ipan.lublin.pl, m.frac@ipan.lublin.pl

Udział Polski w europejskiej produkcji truskawek stanowi około 40% powierzchni zbiorów i plonów w porównaniu z 27 krajami europejskimi (FAOSTAT). Ze względu na obserwowane w ostatnich latach zmiany klimatyczne obserwowany jest wzrośnięty wzrost występowania patogenów roślin. *Botrytis cinerea* jest grzybem strzępkowym i częstym patogenem plantacji truskawek. Europejskie i światowe kierunki produkcji roślinnej kładą nacisk na konieczność rozwoju uprawy ekologicznej, przyjaznej ochronie środowiska, klimatu, zdrowia ludzi i zwierząt, jakości gleb i bioróżnorodności. Celem przeprowadzonych badań była ocena wpływu różnych stężeń octu drzewnego, naturalnej substancji ciekłej powstającej w wyniku pirolizy drewna, na wzrost grzybów *B. cinerea*. Przeprowadzone badania wykazały skuteczność wszystkich testowanych stężeń octu drzewnego w inhibicji wzrostu badanych fitopatogenów. Jednakże efekt hamujący był zróżnicowany pomiędzy badanymi izolatami grzybów.

Badania współfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach programu Miniatura-5, numer umowy DEC-2021/05/X/NZ9/01672 i Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu BIOSTRATEG, numer umowy BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

The influence of pyroligneous acid (lat. *acetum pyro-lignosum*) application on the growth of *Botrytis cinerea* phytopathogen

Poland contributes ca. 40% to the area harvest and the yield of the European production of strawberry, compared to the 27 European countries (FAOSTAT). Due to the climate changes observed in recent years, a greater increase in occurrence of plant pathogens is observed. *Botrytis cinerea* is a filamentous fungus and a common pathogen of strawberry plantations. European and global directions of plant production emphasize the need to develop organic farming that is friendly to the protection of the environment, climate, human and animal health, soil quality and biodiversity. The aim of the research was to evaluate the influence of various concentrations of pyroligneous acid, a natural liquid substance formed as a result of wood pyrolysis, on the growth of *B. cinerea* fungi. The results showed the effectiveness of all tested pyroligneous acid concentrations in inhibiting the growth of the tested phytopathogens. However, the inhibitory effect was varied between tested fungal isolates.

This work was co-supported by The National Science within the framework of the Miniatura-5, contract number DEC-2021/05/X/NZ9/01672 and The National Centre for Research and Development, the BIOSTRATEG programme, contract number BIO-STRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Wpływ konsorcjum bakterii *Arthrobacter* sp., *Pseudomonas* sp. i *Rhodococcus* spp. na skład taksonomiczny zbiorowisk grzybów zasiedlających ryzosferę i fylosferę malin w doświadczeniu wazonowym

MICHAŁ PYLAK, KAROLINA OSZUST, JACEK PANEK, MAGDALENA FRĄC

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk
ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, e-mail: m.pylak@ipan.lublin.pl, m.frac@ipan.lublin.pl

Preparaty mikrobiologiczne są coraz częściej wykorzystywanym sposobem walki z patogenami w nowoczesnym rolnictwie, zarówno ekologicznym jak i konwencjonalnym. Tego typu biopreparaty mogą również stymulować systemiczną odporność roślin, poprawiać jakość mikrobiologiczną gleb oraz zwiększać dostępność dla roślin mikro- i makro-elementów. Konsorcjum bakterii pożytecznych składające się z 4 izolatów należących do rodzajów *Arthrobacter*, *Pseudomonas* i *Rhodococcus* zaaplikowano w doświadczeniu wazonowym uwzględniając 3 strategie naturalizacji. Ponadto w doświadczeniu zastosowano 5 wariantów zakażenia częstymi patogenami owoców miękkich. Analizę różnorodności mikroorganizmów glebowych wykonano z wykorzystaniem sekwencjonowania następnej generacji (NGS). Przeprowadzone analizy pozwoliły określić skład taksonomiczny zbiorowisk bakterii i grzybów zasiedlających fylosferę i ryzosferę malin. Aplikacja inokulum bakteryjnego wpłynęła m.in. na zmniejszenie wartości wskaźnika bioróżnorodności Shannona dla grzybów zasiedlających fylosferę malin.

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

Influence of the consortium of *Arthrobacter* sp., *Pseudomonas* sp. and *Rhodococcus* spp. bacteria on the taxonomic composition of fungal communities inhabiting rhizosphere and raspberry phyllosphere in the pot experiment

Microbiological biopreparations are more and more common way of plant protection in modern agricultural practices both in conventional and organic farming. This type of products may also induce plant systemic resistance, enhance the microbiological soil quality and enhance bioavailability of nutrients in soil. Bacterial consortium consisted of 4 isolates belonging to *Arthrobacter*, *Pseudomonas* and *Rhodococcus* genera were applied in three ways allowing to compare different naturalization strategies. Furthermore 5 variants of infection with common fungal soft fruits pathogens were included in the experiment. The analysis of the biodiversity of soil microbiota was performed with the use of next generation sequencing (NGS) resulting in the determination of the taxonomical composition of microbial communities colonizing raspberry plants. Application of bacterial inoculum resulted *inter alia* in the decrease of the Shannon's diversity index value of fungal communities inhabiting the phyllosphere.

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

Metanotrofia w agroekosystemach – wpływ praktyk rolniczych na skład mikrobiomów glebowych

ANNA PYTLAK¹, ANNA WALKIEWICZ¹, ADAM KUBACZYŃSKI¹,
ANNA SZAFRANEK-NAKONIECZNA²

¹Zakład Biogeochemii Środowiska Przyrodniczego, Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk,
ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

²Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów, Wydział Nauk Ścisłych i Nauk o Zdrowiu
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1i, 20-708 Lublin

Metan należy do najważniejszych gazów szklarniowych obecnych w atmosferze. Obserwowany w ostatnich latach dynamiczny wzrost stężenia tego gazu uważany jest za jedną z głównych przyczyn postępujących zmian klimatycznych. Czynnikiem obniżającym poziom atmosferycznego metanu jest aktywność bakterii metanotroficznych zasiedlających środowiska glebowe, która jest regulowana przez wiele parametrów fizyko-chemicznych.

Celem pracy jest podsumowanie dotychczasowej wiedzy na temat wpływu na społeczności glebowych bakterii metanotroficznych zabiegów agrotechnicznych, z uwzględnieniem różnego sposobu użytkowania rolniczego gleb.

Praca powstała częściowo w wyniku realizacji projektu badawczego nr 2021/41/B/NZ9/03130, finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki oraz projektu ReLive współfinansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu ERA-NET 2021 Joint Call on Circularity.

Methanotrophy in agroecosystems – the influence of agricultural practices on the composition of soil microbiome

¹Department of Biogeochemistry of the Natural Environment, Institute of Agrophysics,
Polish Academy of Sciences, 4 Doświadczalna St., 20-290 Lublin

²Department of Biology and Biotechnology of Microorganisms, Faculty of Science and Health
Sciences, John Paul II Catholic University of Lublin, Konstantynów 1i, 20-708 Lublin

Methane is one of the most important greenhouse gases present in the atmosphere. The dynamic increase in the concentration of this gas observed in recent years is considered as one of the main causes of the progressing climate change. The factor reducing the level of atmospheric methane is the activity of methanotrophic bacteria inhabiting soil environments, which are regulated by many physic-chemical properties.

The aim of the study is to summarise existing knowledge on the effect of agrotechnical measures on the soil community of methanotrophic bacteria, considering different agricultural land uses.

This work is partly the result of the implementation of research project No. 2021/41/B/NZ9/03130 funded by the National Science Centre and ReLive project founded by the National Centre for Research and Development within ERA-NET 2021 Joint Call on Circularity Programme.

Efekt odporności na nicianie entomopatogeniczne a skład mikrobioty jelitowej na przykładzie larw z rodziny *Scarabaeidae*

EWA SAJNAGA¹, MARCIN SKOWRONEK¹, AGNIESZKA KALWASIŃSKA²,
MAGDALENA LIS¹, WALDEMAR KAZIMIERCZAK¹, MONIKA ELŻBIETA JACH³

¹ Katedra Biomedycyny i Nauk o Środowisku, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

² Katedra Mikrobiologii Środowiskowej i Biotechnologii, Uniwersytet Mikołaja w Toruniu

³ Katedra Biologii Molekularnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

Larwy owadów z rodziny *Scarabaeidae* są żerującymi w glebie szkodnikami roślin, które zwalczą się m.in. przy użyciu nicieni entomopatogenicznych (EPN) jako biopreparatów. Wydaje się, że niektóre bakterie wchodzące w skład mikrobioty jelitowej owada mogą wpływać na odporność owadów na EPN, aczkolwiek mało jest badań na ten temat. W oparciu o hipotezę, że skład mikrobioty żywiciela może mieć związek z cechą odporności na EPN, porównaliśmy mikrobiotę bakteryjnej jelita środkowego larw odpornych na EPN i larw kontrolnych dwóch gatunków chrząszczy stosując sekwencjonowanie nanoporowe. Mikrobiota bakteryjna jelita środkowego osobników odpornych w stosunku do kontroli wykazywała niższy lub niezmienny wskaźnik bioróżnorodności w przypadku, odpowiednio, *Amphimallon solstitiae* i *Melolontha melolontha*. U obydwu badanych gatunków stwierdzono także różnice w strukturze społeczności bakteryjnej jelita, co dotyczyło głównie zmian w ilości niektórych rodzajów bakterii. Przeprowadzane badania mają charakter wstępny i wymagają kontynuacji, jednak wskazują na przydatność analiz metataksonomicznych do badania związków między mikrobiotą owadów a odpornością na EPN, co w przyszłości może zaowocować opracowaniem lepszych metod biokontroli szkodliwych owadów.

The effect of resistance to entomopathogenic nematodes and the gut microbiota composition in *Scarabaeidae* larvae

Scarabaeidae larvae are soil-dwelling pest, while entomopathogenic nematodes (EPN) have been used as a biocontrol agent against them. It seems that some insect gut residents may influence the course of EPN infection; however, little is known in this field. In our study, we focus on comparison of the midgut bacterial microbiota of EPN-resistant insects to control ones in two scarab species using nanopore sequencing. We hypothesized that resistance to EPN may be attributed to changes in the microbiota composition. Compared to the control, the resistant insect microbiota demonstrated lower or equal α -diversity indices in *Amphimallon solstitiae* and *Melolontha melolontha*, respectively. Additionally, the analyses revealed significant differences in the community structure, mostly changes in the abundance of some bacterial genera. This study is preliminary; however, it proves the potential of metataxonomic methods in elucidation of the relationships between insect microbiota and resistance to EPN, which may lead to development of novel methods of pest biocontrol in future.

Selekcja szczepów bakterii do hydroponicznej uprawy sałaty rzymskiej

LIDIA SAS-PASZT, PAWEŁ TRZCIŃSKI, ANNA LISEK, SŁAWOMIR GŁUSZEK,
KRZYSZTOF GÓRNIK, BEATA SUMOROK, EDYTA DERKOWSKA, MATEUSZ FRĄC,
MICHAŁ PRZYBYŁ, KRZYSZTOF WESZCZAK

Instytut Ogrodnictwa-Państwowy Instytut Badawczy, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3,
96-100 Skierniewice

Celem badań była selekcja szczepów bakterii przeznaczonych do stymulacji plonowania oraz do ochrony przed wybranymi patogenami sałaty rzymskiej uprawianej w technologii akwaponicznej. Spośród 153 izolatów bakterii wyselekcjonowano 15 najlepszych szczepów z gleby ryzosferowej sałaty rzymskiej, o właściwościach: wytwarzania biofilmu i biomasy w obecności chlorku amonu, zdolności do ograniczania patogena *Phytophthora cactorum*. Na podstawie analizy genu 16S rRNA określono przynależność izolatów bakterii do rodzajów: *Amnimonas*, *Paenibacillus*, *Klebsiella*, *Nocardia*, *Chryseobacterium*, *Sediminibacterium*, *Gemmobacter*, *Ancylobacter*, *Bacillus*, *Priestia*, *Glutamicibacter*, *Cytobacillus*, *Rhodococcus*, *Streptomyces*. Wyselekcjonowane najbardziej wartościowe szczepy bakterii są komponentami konsorcjów mikrobiologicznych do akwaponicznej uprawy sałaty rzymskiej.

Projekt współfinansowany przez Unię Europejską z Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój 2014-2020.

*Działanie 1.1 Umowa nr POIR.01.01.01-00-0579/19-00 z dnia 26.11.2019 Tytuł projektu:
„Plantlab – innowacyjny system całorocznej produkcji sałaty rzymskiej oraz ryb słodkowodnych przy wykorzystaniu technologii aquaponicznej.”*

Selection of bacterial strains for hydroponic cultivation of romaine lettuce

The aim of the research was to select bacterial strains intended to stimulate yielding and to protect against selected pathogens of romaine lettuce grown in aquaponic technology. From among 153 bacterial isolates, 15 best strains were selected from rhizosphere soil of romaine lettuce, with the following properties: biofilm and biomass production in the presence of ammonium chloride, and the ability to reduce the pathogen *Phytophthora cactorum*. Based on the analysis of the 16S rRNA gene, the affiliation of bacterial isolates to the genera: *Amnimonas*, *Paenibacillus*, *Klebsiella*, *Nocardia*, *Chryseobacterium*, *Sediminibacterium*, *Gemmobacter*, *Ancylobacter*, *Bacillus*, *Priestia*, *Glutamicibacter*, *Cytobacillus*, *Rhodococcus*, *Streptomyces* was determined. Selected the most valuable bacterial strains are components of microbiological consortia for aquaponic cultivation of romaine lettuce.

The project is co-financed by the European Union from the European Regional Development Fund under the Intelligent Development Operational Program 2014-2020. Action 1.1 Agreement no. POIR.01.01.01-00-0579 / 19-00 of November 26, 2019 Project title: „Plantlab – an innovative system for year-round production of lettuce and freshwater fish using aquaponic technology.”

Zmiany w strukturze taksonomicznej bakterii i genach lekooporności w glebie nawożonej osadem ściekowym

LILIANA SERWECIŃSKA¹, MAGDALENA URBANIAK^{1,2}, ELŻBIETA MIERZEJEWSKA²,
WOJCIECH TOŁOCZKO³

¹ Europejskie Regionalne Centrum Ekohydrologii Polska Akademia Nauk,
ul. Tylna 3, 90-364 Łódź, Polska

² Katedra UNESCO Ekohydrologii i Ekologii Stosowanej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, Banacha 12/16, 90-237 Łódź, Polska

³ Katedra Gleboznawstwa i Geoekologii, Wydział Geografii, Uniwersytet Łódzki,
ul. Narutowicza 88, 90-139 Łódź, Polska

We wstępnych badaniach metagenomowych, stanowiących część szerszego projektu, stwierdzono znaczne zmiany w charakterystyce taksonomicznej gleby nawożonej osadami ściekowymi w porównaniu do próbek kontrolnych. Po upływie 6 tygodni od dodania osadów (w dawce 9 t/ha) utrzymywała się zmieniona struktura taksonomiczna mikrobiomu gleby wzbogaconej w porównaniu do gleby kontrolnej. Stwierdzono znaczny wzrost liczebności Proteobakterii, uważanych za tę grupę mikroorganizmów, wśród której występuje wiele patogenów ludzi i zwierząt. W glebie nawożonej wzrosła też znacznie liczebność Spirochaetes, a także Bacteroidetes będących głównym składnikiem flory jelitowej. Z kolei znacząco zmalała liczebność takich taksonów jak Planctomycetes, Actinobacteria i Chloroflexi, pełniących ważne funkcje biologiczne w środowisku glebowym. Wyniki Analizy Głównych Składowych (PCA) wskazują na różnice w zawartości niektórych genów kodujących oporność na leki antybakteryjne, takie jak tetracyklina, wankomycyna, erytromycyna, β -laktamy, sulfonamidy czy trimetoprim w glebie wzbogaconej osadami w porównaniu do próbki gleby kontrolnej.

Changes in the taxonomic structure of bacteria and in antibiotic resistance genes in the soil fertilized with sewage sludge

In preliminary metagenomics studies, as the part of a larger project, significant changes were found in the taxonomic characteristics of the soil fertilized with sewage sludge compared to the control samples. Six weeks after adding the sludge (at a dose of 9 t/ha), the changed taxonomic structure of the enriched soil microbiome was maintained compared to the control soil. A significant increase in numbers of Proteobacteria, considered to be the group of microorganisms which includes many human and animal pathogens was noted. The number of Spirochaetes and Bacteroidetes, which are the main components of the intestinal flora, also increased significantly in the fertilized soil. In turn, the number of such taxons as Planctomycetes, Actinobacteria and Chloroflexi, which perform important biological functions in the soil environment, significantly decreased. Principal Component Analysis (PCA) results indicate differences in the content of some genes encoding resistance to antibacterial drugs, such as tetracycline, vancomycin, erythromycin, β -lactams, sulfonamides or trimethoprim in soil enriched with sediments compared to the control soil sample.

Aktywność mikrobiologiczna i plon roślin w glebie z dodatkiem egzogennej materii organicznej

SYLWIA SIEBIELEC¹, GRZEGORZ SIEBIELEC¹, ALEKSANDRA UKALSKA-JARUGA¹,
ANNA GAŁĄZKA¹, MONIKA PECIO¹, EMILIA GRZĘDA¹, MONIK KOZIEL¹,
MAGDALENA URBANIAK²

¹Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

²Europejskie Regionalne Centrum Ekohydrologii – Polskiej Akademii Nauk

Egzogenna materia organiczna (EOM) to wszelkiego rodzaju materiał organiczny pochodzenia biologicznego stosowany do gleby głównie w celu poprawy środowiska glebowego lub zapobiegania stratom materii organicznej w glebach rolniczych. Celem niniejszej pracy była ocena wpływu dodatku różnych rodzajów obornika, komunalnych osadów ściekowych i osadów dennych na aktywność biochemiczną i plon roślin w doświadczeniu wazonowym. Rośliną testowaną w doświadczeniu była gorczyca (*Sinapis alba* L.), należąca do rodziny kapustowatych. Do gleby zaaplikowano obornik oraz osady w dwóch dawkach, odpowiadających 20 i 40 tonom suchej masy nawozu na ha. Testowane partie obornika pochodziły z różnych gospodarstw produkcyjnych zlokalizowanych w województwie lubelskim. Kontrolę stanowiła gleba nawożona saletrą amonową w ilości odpowiadającej 170 kg N na ha. Eksperyment obejmował 2 różne warianty tych samych kombinacji nawożenia: bez roślin oraz z rośliną testową. Wyniki przeprowadzonego doświadczenia wazonowego wskazują, że dodatek egzogennej materii organicznej do gleb stymuluje wskaźniki mikrobiologiczne oraz plon roślin.

Realizacja w ramach tematu statutowego 2.41/1.03 IUNG-PIB. „Ocena skutków środowiskowych wykorzystania egzogennych źródeł materii organicznej w rolnictwie.

Microbiological activity and yield of plants in soil with the addition of exogenous organic matter

Exogenous organic matter (EOM) is any type of organic material of biological origin applied to the soil to improve the soil environment or to prevent loss of organic matter in agricultural soils. The aim of this study was to evaluate the effect of the addition of various types of manure, municipal sewage sludge and bottom sediment on the biochemical activity and yield of plants in the pot experiment. The plant tested in the experiment was mustard (*Sinapis alba* L.). Manure, sludge and sediments were applied to the soil in two doses, corresponding to 20 and 40 tons of dry matter of biofertilizer per ha. The tested portions of manure came from various production farms located in the Lubelskie Voivodeship. The control was the soil fertilized with ammonium nitrate in the amount corresponding to 170 kg N per ha. The experiment consisted of 2 different variants of the same fertilization combinations: without plants and with a test plant. The experimental data shows that the addition of exogenous organic matter to the soil stimulates microbiological indicators and the yield of plants.

Implementation as part of the statutory topic 2.41/1.03 IUNG-PIB. “Assessment of the environmental effects of the use of exogenous sources of organic matter in agriculture.

Opracowanie innowacyjnej technologii wytwarzania wzbogaconych mikrobiologicznie bionawozów wspomagających odporność warzyw w uprawie polowej na suszę – KOMPO-MIK

SYLWIA SIEBIELEC¹, GRZEGORZ SIEBIELEC¹, JACEK DACH², DAMIAN JANCZAK²,
JAKUB MAZURKIEWICZ²

¹Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

²Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Udział gospodarstw dotkniętych suszą w najbardziej niekorzystnych sezonach wegetacyjnych jest niezwykle duży a udział gmin, w których wykazywana jest susza, sięga w krytycznych okresach 90%. W najbardziej niekorzystnych latach spadek plonu niektórych roślin może wynosić kilkadziesiąt procent. Ilość gospodarstw rolnych wynosi obecnie 1 425 tys., co stanowi bardzo duży potencjalny rynek odbiorców bionawozów, zakładając, że większość producentów rolnych jest zainteresowana utrzymaniem poziomu materii organicznej w glebie i żyzności gleb. W odniesieniu do bionawozów dedykowanych uprawom warzyw selerowatych i papryki, w Polsce w przeciągu ostatnich 15 lat produkcja papryki rozwinęła się na szeroką skalę. Paprykę w gruncie (ok. 500 ha) uprawia się na Lubelszczyźnie, w rejonie Sandomierza i Grudziądza a „zagłębienie paprykowe” znajduje się w rejonie radomskim, np. gminy Przytyk i Potworów. Z uwagi na wysoką towarowość produkcji oraz wrażliwość na niedobór wody u obu roślin, producenci tych warzyw będą mogli być potencjalnie zainteresowani nowoczesnymi technologiami produkcji bionawozów.

Realizacja i finansowanie badań w ramach Programu „Inkubator Innowacyjności 4.0”

Development of innovative technology for producing microbially enriched bio-fertilisers supporting resistance of vegetables to drought – KOMPO-MIK

The share of farms affected by drought in the most unfavorable growing seasons is extremely high, and the share of municipalities in which drought is reported reaches 90% in critical periods. In the most unfavorable years, the yield decline of some crops may reach several dozen percent. The number of farms in Poland is approx. 1,425,000, which is a very large potential market for bio-fertilizers, assuming that most agricultural producers are interested in maintaining the level of organic matter in soil and soil health. With regard to bio-fertilizers dedicated to the celery vegetables and peppers, in the last 15 years the production of peppers in Poland has substantially increased. Peppers in the ground (approx. 500 ha) are grown in the Lublin region, in the region of Sandomierz and Grudziądz, and the “peppers basin” is located in the Radom region, for example in the communes of Przytyk and Potworów. Due to the high marketability of production and sensitivity to water shortage in both plants, producers of these vegetables will be potentially interested in modern technologies for the production of bio-fertilizers.

Research within the project: Implementation and financing of research under the “Innovation Incubator 4.0”

Opracowanie innowacyjnej technologii wytwarzania wzbogaconych mikrobiologicznie bionawozów wspomagających zrównoważoną produkcję roślinną i jej adaptację do zmian klimatu – INNO-MIK

SYLWIA SIEBIELEC¹, GRZEGORZ SIEBIELEC¹, ALEKSANDRA-UKALSKA JARUGA¹,
MAŁGORZATA WOŹNIAK¹, ANDRZEJ LEWICKI², JAKUB PULKA², SZYMON SZUFA³,
PIOTR PIERSA³, ŁUKASZ ADRIAN³

¹Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

²Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

³Politechnika Łódzka

Celem głównym projektu jest opracowanie technologii wytwarzania bionawozów na bazie odpadów organicznych i bakterii, wspomagających zrównoważony rozwój produkcji roślinnej, szczególnie w odniesieniu do przeciwdziałania suszy, jako wsparcie dla rozwoju gospodarki odpadami w cyklu zamkniętym oraz strategii adaptacji i mitygacji zmian klimatu w rolnictwie. Opracowane zostaną technologie otrzymywania trzech rodzajów bionawozów na bazie: płynnego pofermentu, kompostu i biowęgla o wysokiej zawartości fitohormonów. Bionawozy będą nośnikami mikroorganizmów wspomagających rozwój roślin w warunkach suszy. Aparatura w postaci reaktorów wiernie odzwierciedlających warunki fermentacji, kompostowania i toryfikacji w skali przemysłowej zostanie zastosowana do wyprodukowania substratów zawierających maksymalnie wysokie zawartości fitohormonów oraz służących jako nośniki dedykowanym bakteriom.

Realizacja i finansowanie badań w ramach projektu: „Opracowanie innowacyjnej technologii wytwarzania wzbogaconych mikrobiologicznie bionawozów wspomagających zrównoważoną produkcję roślinną i jej adaptację do zmian klimatu – INNO-MIK.

Nr LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021.

Development of innovative technology for producing microbially enriched bio-fertilisers supporting sustainable crop production and its adaptation to climate change

The main objective of the project is to develop technology of biofertiliser production based on biodegradable waste and microorganisms, supporting development of sustainable crop production, especially to counteract drought conditions, as support for waste circular management and adaptation of agriculture to climate change. The technologies for producing three types of biofertilizers based on liquid digestate, compost and biochar and containing high level of phytohormones will be developed. Biofertilizers will be carriers of microorganisms supporting plant growth in drought conditions. The reactors faithfully reflecting the conditions of fermentation, composting and torrefication on an industrial scale will be used to produce substrates maximally rich in phytohormones and serving as carriers of consortia of dedicated bacteria.

Research within the project: “Development of innovative technology for producing microbially enriched bio-fertilisers supporting sustainable crop production and its adaptation to climate change.

Nr LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021.

Rola mikroorganizmów w immobilizacji i fitoekstrakcji pierwiastków ziem rzadkich

SYLWIA SIEBIELEC, GRZEGORZ SIEBIELEC, DOMINIKA GMUR

¹Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Pierwiastki ziem rzadkich (REE) to grupa 17 pierwiastków chemicznych, w tym 15 lantanowców oraz itr i skand. REE zostały zidentyfikowane jako pierwiastki krytyczne ze względu na ich specjalne właściwości (np. katalityczne, metalurgiczne, jądrowe, elektryczne, magnetyczne i luminescencyjne) oraz różne zastosowania w wielu nowoczesnych technologiach i wielu sektorach gospodarki. Wzrastające zapotrzebowanie na strategiczne zasoby, np. REE wywołane rozwojem technologicznym społeczeństwa, powodują wzrost intensywności ich wydobycia i przeróbki. W konsekwencji coraz większe ilości tych pierwiastków są uwalniane do środowiska przyrodniczego. Może to stanowić potencjalne zagrożenie dla jakości środowiska, a nawet zdrowia ludzi. Istnieją również przesłanki o pozytywnym znaczeniu pierwiastków ziem rzadkich dla plonu i rozwoju roślin. Jednocześnie z uwagi na ich ograniczone zasoby należy opracowywać skuteczne sposoby ich odzyskiwania. Z punktu widzenia zagadnień mikrobiologicznych głównym celem naszych badań jest ocena aktualnego stanu i zmian w czasie zawartości pierwiastków ziem rzadkich w reprezentatywnych glebach i odpadach i ich wpływ na życie biologiczne gleby oraz ocena roli mikroorganizmów w fitoremediacji REE.

*Realizacja i finansowanie badań w ramach projektu: „Badanie środowiskowych skutków występowania pierwiastków ziem rzadkich oraz antymonu i wanadu w glebach i odpadach”;
2019/35/B/ST10/03244.*

The role of microorganisms in the immobilization and phytoextraction of rare earth elements

Rare earth elements (REE) are a group of 17 elements, including 15 lanthanides, plus Yttrium and Scandium. REE have been identified as critical elements due to their special properties (e.g., catalytic, metallurgical, nuclear, electrical, magnetic, and luminescent) and various applications in many modern technologies, covering various economic areas. The increasing demand for strategic resources, such as REE caused by the technological development of society, increases the intensity of their extraction and processing. Consequently, greater amounts of these elements are released into the natural environment. This can pose a potential risk to the quality of the environment and even human health. There are also indications of the positive role of REE on yield and development of plants. At the same time, due to their limited resources, effective ways of their recovery should be developed. From the microbiological point of view, the main goal of our research is to assess the current state and changes over time in the content of REE in representative soils and waste and their effect on soil biology, and to assess the role of microorganisms in REE phytoremediation.

Research within the project: “Study of the environmental effects of rare earth elements, antimony and vanadium in soils and waste”; 2019/35/B/ST10/03244.

Porównanie metod do określania różnicowej obfitości mykobioty w ekologicznej uprawie truskawki

DOMINIKA SIEGIEDA, JACEK PANEK, MAGDALENA FRĄC

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN

Strategia Unii Europejskiej na rzecz różnorodności biologicznej do roku 2030 koncentruje się na zwiększeniu powierzchni upraw ekologicznych i ograniczeniu stosowania pestycydów. Jedną z metod bioinformatycznych, która może pomóc w opracowaniu nowych, zrównoważonych rozwiązań dla rolnictwa, jest poszukiwanie mikroorganizmów, których obfitość różni się statystycznie pomiędzy zdrowymi i zaatakowanymi przez patogeny roślinami.

W celu porównania różnych metod analizy różnicowej obfitości, wyizolowaliśmy DNA z gleby i roślin truskawki oraz przeprowadziliśmy amplifikację i sekwencjonowanie fragmentu grzybowego markera ITS1 na platformie MiSeq firmy Illumina. Następnie przetworzyliśmy dane w środowisku QIIME 2 i porównaliśmy metody różnicowej obfitości: Limma-Voom, MaAsLin2, edgeR, ANCOM-BC i Deseq2 w RStudio.

Różne metody pozwoliły na wyodrębnienie zróżnicowanej liczby taksonów grzybowych różniących się statystycznie obfitością pomiędzy próbkami zdrowymi i chorymi. Ogółem, dla próbek gleby określono 15 rodzajów grzybów wspólnych dla wszystkich metod, oraz 2 dla próbek części nadziemnych. W przypadku analizy obfitości różnicowej warto rozważyć wykonanie więcej niż jednej analizy, aby zmniejszyć wpływ wyników fałszywie dodatnich na uzyskane rezultaty.

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

Comparing Differential Abundance (DA) methods of mycobiome in organic cultivation of strawberry

European Union's Biodiversity Strategy for 2030 focuses on increasing the area of organic farming and reducing pesticide usage. One of the bioinformatical methods that can help to develop new sustainable solutions for agriculture is finding differentially abundant taxa between healthy and diseased plants.

In order to compare different methods of Differential Abundance analysis, we isolated the DNA from soil and strawberry plants and amplified and sequenced fungal marker ITS1 fragment with Illumina MiSeq platform. We then processed the data in QIIME 2 environment and compared Limma-Voom, MaAsLin2, edgeR, ANCOM-BC and Deseq2 DA methods in RStudio.

Different DA methods found different number of differentially abundant taxa between healthy and unhealthy samples. Overall, for soil samples we found 15 genera that were differentially abundant across all methods and 2 for shoot samples. When performing differential abundance test, one should consider performing more than one method to reduce impact of false positives on the analysis.

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

Wpływ presji antropogenicznej na bioróżnorodność gleb leśnych i ornych w Polsce

MATEUSZ SZADZIUL, AGATA GORYLUK-SALMONOWICZ, MAGDALENA ZALEWSKA,
MAGDALENA POPOWSKA

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

Oporność na środki przeciwdrobnoustrojowe (AMR, ang. *antimicrobial resistance*) zarówno w środowisku klinicznym, jak i naturalnym, jest przedmiotem wielu prac badawczych, traktujących ten problem jednak dość wybiórczo. Według Światowej Organizacji Zdrowia rozwiązanie problemu AMR wymaga holistycznego podejścia, tzw. „One Health”, które wskazuje na powiązanie i wzajemne oddziaływanie na siebie trzech sfer: ludzkiej, weterynaryjnej i środowiskowej. Jest to istotne w kontekście zwiększonej urbanizacji oraz uprzemysłowienia rolnictwa, prowadzących do zanieczyszczenia i degradacji środowiska. Różnorodność biologiczna ekosystemów glebowych może mieć kluczowe znaczenie dla ograniczania rozprzestrzeniania się AMR w środowisku. Ta hipoteza zostanie sprawdzona poprzez badania prowadzone w ramach projektu międzynarodowego pt. „ANTIVERSA – Bioróżnorodność jako ekologiczna bariera dla rozprzestrzeniania się istotnej klinicznie oporności na antybiotyki w środowisku”. W niniejszej pracy zaprezentowane zostaną początkowe wyniki badań obrazujące różnorodność taksonów bakteryjnych występujących w wybranych glebach leśnych i ornych, pobranych w 2020 roku na terenie kraju. Analizy przeprowadzono w oparciu o izolację DNA z prób środowiskowych, ukierunkowane sekwencjonowanie metagenomowe i analizę uzyskanych sekwencji DNA z wykorzystaniem oprogramowania QIIME 2.

Badania finansowane w ramach grantu międzynarodowego, NCN, nr umowy 2019/32/Z/NZ8/00011

Influence of anthropogenic pressure on the biodiversity of forest and arable soils in Poland

Antimicrobial resistance (AMR), both in clinical and environmental settings, is the subject of many studies that deal with this issue, however, quite selectively. According to World Health Organization, tackling AMR requires a holistic approach called “One Health”, which indicates the connection and interaction of three spheres: human, veterinary and environmental. This is important in the context of increased urbanization and agriculture industrialization, which lead to pollution and degradation of the environment. Biodiversity of soil ecosystems might be crucial in limiting the spread of AMR in the environment. This hypothesis will be tested through research conducted as part of an international project entitled “ANTIVERSA – Biodiversity as an ecological barrier for the spread of clinically relevant antibiotic resistance in the environment”. In the presented study preliminary results of the project will be shown – diversity of bacterial taxa occurring in selected forest and arable soils collected in 2020 in Poland. The analyses were performed based on DNA isolation from environmental samples, targeted metagenomic sequencing and analysis of the obtained DNA sequences using QIIME 2 software.

*Research financed by an international grant, National Center of Science,
grant no. 2019/32/Z/NZ8/00011*

Diagnostyka molekularna grzybów z rodzaju *Pezicula* – kluczowych patogenów jabłek

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,

*e-mail: k.oszust@ipan.lublin.pl

Grzyby powodujące gorzką zgniliznę (należące do rodzaju *Pezicula sensu lato*, synonim: *Neofabrea* sp., *Gleosporium* sp.) uważane są za kluczowe patogeny jabłoni. Zarodniki *Pezicula* spp. atakują korę jabłoni oraz jej owoce. Ze względu na latentny charakter choroby trudno jest ocenić jakość plonów jabłek podczas zbioru. Wiadomo, że do zakażenia dochodzi kilka miesięcy wcześniej, jeszcze w czasie wzrostu owoców. Źródłem infekcji są zarodniki, przenoszone na zranione owoce i korę. Pierwsze objawy choroby na jabłkach są widoczne w postaci małych, brunatnych plam, które powiększają się i łączą ze sobą. Dokonano przeglądu literatury na temat metod diagnostyki molekularnej grzybów należących do rodzaju *Pezicula*. Analiza dostępnej literatury wskazuje na potrzebę opracowania sposobu wczesnej detekcji tego patogenu w jabłkach, tj. przy braku objawów choroby.

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

Molecular diagnostics of fungi of the genus *Pezicula* – key pathogens of apples

Fungi cause bitter rot (belonging to the genus *Pezicula sensu lato*, synonym: *Neofabrea* sp., *Gleosporium* sp.) are considered as key pathogens of apple trees. The spores of *Pezicula* spp. attack the apple cortex and its fruit. Due to the latent nature of the disease, it is difficult to assess the quality of the apple crop during harvest. The infection occurs a several months earlier, while the fruit is still growing. The source of infection are spores, transferred to the injured fruit and cortex. The first symptoms of the disease on apples are visible as small, brown spots that grow larger and merge with each other. A review of the literature on the methods of molecular diagnostics of fungi belonging to the genus of *Pezicula* was done. Literature analysis indicates the need to develop a method of early detection of this pathogen in apples, i.e. in the absence of disease symptoms.

This paper was financed by The National Centre for Research and Development in frame of the project LIDER XII, contract number LIDER/7/0054/L-12/20/NCBR/2021

Ocena rozwoju grzybów *Trichoderma* spp. w podłożu pieczarkowym poddanym dezynfekcji gazowym dwutlenkiem chloru

JOANNA SZUMIGAJ-TARNOŃSKA¹, JOANNA AUGUSTYŃIAK¹, ZBIGNIEW ULIŃSKI¹,
WIESŁAW HRECZUCH²

¹Instytut Ogrodnictwa-Państwowy Instytut Badawczy, Skierniewice

²Mexeo Instytut Technologiczny, Kędzierzyn-Koźle

Uprawa pieczarki prowadzona jest w warunkach wysokiej wilgotności i temperatury, co sprzyja występowaniu wielu chorób grzybowych. Grzyby z rodzaju *Trichoderma* w uprawie pieczarki mogą powodować tzw. zielone pleśnie, które przyczyniają się wysokich strat plonów. Największe straty wywoływane są przez agresywne szczepy *T. aggressivum*, gdy rozwój zielonej pleśni nastąpi po wysiewie grzybni pieczarki do podłoża. Produkcja podłoża pieczarkowego i zapobieganie rozwojowi choroby jest bardzo ważnym elementem w uprawie pieczarki. Obecnie jednym z zabiegów ograniczającym ryzyko infekcji podłoża przez grzyby *Trichoderma* jest dezynfekcja kompostowni i pieczarkarni. Celem pracy była ocena wpływu zabiegu gazowania dwutlenkiem chloru podłoża pieczarkowego II fazy na rozwój zielonej pleśni. Podłoże pieczarkowe po wsianiu grzybni pieczarki i zainfekowaniu zarodnikami poddano zabiegowi gazowania. Określano też szybkość rozwoju różnych izolatów grzybów *Trichoderma* spp. Wykazano, że gazowanie podłoża zainfekowanego pieczarkowego nie ograniczyło rozwoju zielonej pleśni. Stopień porażenia podłoża pieczarkowego przez grzyby *Trichoderma* spp. zależał od biotypu izolatu.

Badania zrealizowano w ramach projektu pt.: Innowacyjna, mykoselektywna okrywa oraz podłoże do uprawy pieczarek” współfinansowanego ze środków EFRR.

Development of *Trichoderma* spp. in mushroom compost disinfected with chlorine dioxide gasous

The white button mushroom is susceptible to many fungal diseases which cause significant crop losses. The most severe diseases are the so-called green moulds, are associated with aggressive strains of *T. aggressivum*. The infection occurs after spawning mycelium into the mushroom substrate. The compost production and the prevention of disease development is a very important element in mushrooms cultivation. One of the treatments limiting the risk of compost infection by *Trichoderma* is disinfection of the compost facilities and mushroom farms. The aim of this study was to evaluate the disinfection effect of the chlorine dioxide gas on the development of green mould in the mushroom compost phase II. After spawning mushroom mycelium and the substrate infection, the trials were gassed. The growth of various isolates of *Trichoderma* spp. in mushroom compost was examined. The chloride dioxide gas was ineffective in reducing of the development of green moulds. The severity of disease symptoms in the mushroom substrate depended on the isolate biotype.

The research was carried out as part of the project: “Innovative, mycoselective casing soil and mushroom compost for mushrooms cultivation” co-financed by the ERDF

Indukcja odporności pszenicy przez wyizolowane z ryzosfery *Scorzonera hispanica* L. szczepy należące do trzech gatunków *Trichoderma*: *T. velutinum*, *T. brevicompactum*, *T. koningiopsis*

RENATA TYŚKIEWICZ¹, ARTUR NOWAK², EWA OZIMEK², ELŻBIETA PATKOWSKA³,
JOLANTA JAROSZUK-ŚCISEL²

¹Laboratorium Analityczne, Sieć Badawcza Łukasiewicz,
Instytut Nowych Syntezy Chemicznych w Puławach,

²Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie,

³Katedra Ochrony Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Wyizolowane z ryzosfery *Scorzonera hispanica* szczepy *Trichoderma*: *T. velutinum* TvSk68 *T. brevicompactum* TbSk5, *T. koningiopsis* TkSk356 (numery sekwencji ITS odpowiednio MH 651384, MH651383, MH651382) wytwarzały kwas indoliloctowy i giberelinowy oraz posiadały aktywność deaminazy ACC. Okazały się mykopasożytami fitopatogenicznych dla pszenicy grzybów *Fusarium* (*F. culmorum*, *F. graminearum* i *F. oxysporum*) i odznaczały się wysoką aktywnością chitynolityczną i glukanolityczną w hodowlach ze ścianą komórkową *F. culmorum*. Indeks NOI wyliczony w teście BiologFF wskazywał na wspólne zasiedlanie niszy z tym patogenem. W łodygach i korzeniach siewek pszenicy po inokulacji nasion szczepami *Trichoderma* spp. wykrywano wyższą niż w kontroli wodnej i z komercyjnymi elicytorami (BTH, kwasem salicylowym, laminaryną i chitozanem) aktywność enzymów markerowych indukcji odporności: liazy fenyloalaninowej, liazy tyrozynowej, peroksydazy gwajakolowej i askorbinianowej i glukanaazy. Szczepy *Trichoderma* spp. silnie hamowały *in vitro* wzrost *Fusarium* spp. a *in vivo* wybrany szczep TvSk68 stymulował wzrost i ograniczał liczebność *F. culmorum* w ryzosferze i ryzoplanie siewek pszenicy.

Badania zostały sfinansowane z subwencji statutowej UMCS

Induction of wheat resistance by strains isolated from the rhizosphere of *Scorzonera hispanica* L. belonging to three species of *Trichoderma*: *T. velutinum*, *T. brevicompactum*, *T. koningiopsis*

Trichoderma strains isolated from the rhizosphere of *Scorzonera hispanica*: *T. velutinum* TvSk68 *T. brevicompactum* TbSk5, *T. koningiopsis* TkSk356 (ITS sequence numbers MH 651384, MH651383, MH651382, respectively), produced indoleacetic and gibberellic acids and had ACC deaminase activity. These strains proved to be mycoparasites of *Fusarium* strains (*F. culmorum*, *F. graminearum* and *F. oxysporum*) phytopathogenic for wheat and were characterized by high chitinolytic and glucanolytic activity cultures with cell wall of *F. culmorum*. The NOI index calculated in the BiologFF test indicated a common colonization of a niche with this pathogen. In the stems and roots of wheat seedlings obtained after seed inoculation with *Trichoderma* spp. strains, higher than in water control and controls with commercial elicitors (BTH, salicylic acid, laminarin and chitosan) activity of plant induced resistance marker enzymes: phenylalanine lyase, tyrosine lyase, guaiacolic and ascorbate peroxidase and glucanase was detected. Strains of *Trichoderma* spp. strongly inhibited *in vitro* growth of *Fusarium* spp. strains, and the TvSk68 strain selected for *in vivo* studies stimulated growth and limited the abundance of *F. culmorum* in the rhizosphere and rhizoplane of wheat seedlings.

Analiza filogenetyczna endofitycznych szczepów rodzaju *Pseudomonas*, wyizolowanych z brodawek korzeniowych *Chamaecytisus albus*

SYLWIA WDOWIAK-WRÓBEL, MONIKA MAREK-KOZACZUK, MAGDALENA KARAŚ,
MICHAŁ KALITA, WOJCIECH SOKOŁOWSKI

Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Instytut Nauk Biologicznych,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

Bakterie promujące wzrost i rozwój roślin (PGPB) zasiedlają ryzosferę, mogą także żyć na powierzchni systemu korzeniowego oraz ewentualnie funkcjonować wewnątrz tkanek roślinnych, jako endofity. Do najliczniejszych grupy endofitów zaliczamy między innymi bakterie z rodzaju *Pseudomonas*. Szczepy *Pseudomonas* wyizolowane z materiału roślinnego mogą być źródłem wielu nowych związków bioaktywnych, co czyni je ważnymi kandydatami do wykorzystania w zrównoważonym i organicznym rolnictwie, jako biologiczne środki przeciwko fitopatogenom.

Szczodrzeniec zmienny (*Chamaecytisus albus*) jest gatunkiem krytycznie zagrożonym wyginięciem, objętym ścisłą ochroną na obszarze Polski. Jedyne naturalne stanowisko tej rośliny znajduje się w okolicach Hrubieszowa (województwo lubelskie), w południowo-wschodniej Polsce. Badaniami objęto trzy izolaty bakteryjne wyizolowane z brodawek korzeniowych szczodrzenia zmiennego. W oparciu o analizę porównawczą sekwencji genu 16S rRNA szczepy zostały zaklasyfikowane do rodzaju *Pseudomonas* (dane nie prezentowane). Na podstawie analizy porównawczej sekwencji genów metabolizmu podstawowego (*gyrB*, *rpoB*, *recA*) potwierdzono przynależność izolatów do bakterii rodzaju *Pseudomonas*. Dodatkowo stwierdzono, że wykazują one największe podobieństwo do bakterii gatunku *Pseudomonas chlororaphis*.

Phylogenetic analysis of endophytic *Pseudomonas* strains isolated from root nodules of *Chamaecytisus albus*

Plant growth-promoting bacteria (PGPB) inhabit the rhizosphere; they can also live on the surface of the root system and inside plant tissues as endophytes. The most numerous group of endophytes includes, among others, bacteria of the genus *Pseudomonas*. *Pseudomonas* strains isolated from plant material can be a source of many new bioactive compounds, making them important candidates for use in sustainable and organic agriculture as biological agents against phytopathogens.

The *Chamaecytisus albus* species is critically endangered with extinction and is strictly protected in Poland. The only natural habitat of this plant is located in the vicinity of Hrubieszów (Lublin Province) in south-eastern Poland. The study included three bacterial isolates isolated from the root nodules of *Chamaecytisus albus*. Based on the sequence analysis of the 16S rRNA gene, the strains were classified into the genus *Pseudomonas* (data not shown). Based on the comparative analysis of housekeeping gene sequences (*gyrB*, *rpoB*, *recA*), it was confirmed that the studied isolates represented bacteria of the genus *Pseudomonas*. In addition, it was found that they show the greatest similarity to *Pseudomonas chlororaphis* bacteria.

Wpływ insektycydów na mikrobiom larw *Oulema* spp.

BEATA WIELKOPOLAN¹, ALICJA SZABELSKA-BERĘSEWICZ², KRZYSZTOF KRAWCZYK³,
ALEKSANDRA OBRĘPAŁSKA-STĘPŁOWSKA¹

¹Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań,

²Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań,

³Instytut Włókien Naturalnych i Roślin Zielarskich, Plewiska

Bakterie związane z owadami są bardzo ważne dla ich owadziego gospodarza, ponieważ uczestniczą m.in. w interakcji roślina-owad, detoksykacji ksenobiotyków i rozwoju odporności na insektycydy. Rola bakterii w adaptacji ich owadziego gospodarza do insektycydów jest słabo poznana dla wielu gatunków owadów, w tym dla *Oulema melanopus* – ważnego szkodnika zbóż. Celem naszych badań było sprawdzenie, czy skład bakterii związanych z larwami *O. melanopus* ulega zmianom w odpowiedzi na zabiegi insektycydowe.

W celu zbadania wpływu insektycydów na społeczność bakteryjną związaną z *O. melanopus*, larwy tego szkodnika potraktowano różnymi dawkami trzech badanych substancji czynnych insektycydów (należących do różnych klas chemicznych i o różnym sposobie działania) oraz wodą (kontrola). Profil bakteryjny larw z każdego wariantu doświadczenia scharakteryzowano poprzez sekwencjonowanie genu 16S rRNA w regionie V3-V4. Analizę taksonomiczną uzyskanych odczytów DNA wykonano przy użyciu algorytmu Kraken 2 zaimplementowanego w oprogramowaniu OmicsBox. Otrzymane dane przeanalizowano z wykorzystaniem szerokiej gamy metod statystycznych. Uzyskane wyniki wskazują na istotne różnice w poziomie bioróżnorodności w zależności od insektycydu. Uzyskana wiedza pozwoli zrozumieć udział bakterii w metabolizmie insektycydów oraz ich rolę w rozwoju oporności na pestycydy.

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

Effect of insecticides on the microbiome of *Oulema* spp. larvae

Insect-associated bacteria are very important for their insect host because they participate e.g., in the plant-insect interaction, xenobiotics detoxification, and the development of insecticide resistance. The role of bacteria in the adaptation of their insect host to insecticide is poorly known for many insect species, including for *Oulema melanopus* - a serious cereal pest. The objective of our study was to test whether the composition of bacteria associated with *O. melanopus* larvae changes in response to insecticide treatments.

To test the effect of insecticides on the bacterial community associated with *O. melanopus*, larvae of this pest were treated with different doses of the three tested active substances of insecticide (belonging to different chemistry classes and with different modes of action), and with water (control). The bacterial profile of larvae from each experimental variant was characterized by sequencing the 16S rRNA gene in the V3-V4 region. Taxonomic analysis of the obtained DNA reads was performed using the Kraken2 algorithm implemented in OmicsBox software. The obtained data were analysed with a wide range of statistical tests. The results indicate significant differences in the biodiversity level with respect to the insecticide. The acquired knowledge will allow us to understand the contribution of bacteria to the insecticide metabolism and their role in the development of pesticide resistance.

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

Zróżnicowanie genetyczne populacji rizobiów funkcjonujących w warunkach wysokiej lub niskiej konkurencji międzyszczepowej

KAROLINA WŁODARCZYK, JERZY WIELBO

Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie,
ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

Z gleby zawierającej $1,67 \times 10^6$ komórek *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii*/ gleby pozyskano 2 grupy szczepów żyjących w warunkach niskiej konkurencji (izolowane z gleby oraz izolowane z roślin zakażonych wyciągiem glebowym o niskiej zawartości rizobiów), oraz 2 grupy szczepów żyjących w warunkach wysokiej konkurencji (izolowane z roślin zakażonych wyciągiem glebowym o wysokiej zawartości rizobiów oraz izolowane z roślin rosnących na tej glebie).

Analiza zróżnicowania genetycznego wykonana metodą BOX-PCR dla 77 izolatów wykazała że badane szczepy można pogrupować w 3 kłady. W dwóch z nich większość (odpowiednio 61% i 69%) stanowiły szczepy pochodzące z populacji żyjących w warunkach niskiej konkurencji, natomiast w trzecim – szczepy funkcjonujące w warunkach wysokiej konkurencji (74% szczepów kładu).

Otrzymany wynik skłania do poszukiwania genetycznych determinant właściwości kompetycyjnych rizobiów wyrażających się podczas kolonizacji brodawek roślinnego gospodarza, oraz przypuszczenia że determinanty takie mogłyby zostać wskazane po zsekwencjonowaniu i wykonaniu analizy porównawczej genomów badanych rizobiów.

Genetic diversity of rhizobial populations isolated from environments with high or low competition between strains

Two groups of rhizobial strains living under low-competition conditions (in rhizosphere soil or in nodules of plants inoculated with low number of rhizobia), as well as two groups of strains living under high-competition conditions (in nodules of plants inoculated with high number of rhizobia or in nodules of plants grown on unsterile soil) were isolated from soil containing $1,67 \times 10^6$ cfu of *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii*/g of soil.

The analysis of genetic diversity of 77 strains performed using BOX-PCR method revealed that studied strains could be divided into three clades. Two of them were mainly (61% and 69% of strains grouped in clade, respectively) composed of strains originating from low-competition conditions, whereas most of strains of the third clade (74%) originated from populations living under high-competition conditions.

Such result suggests that searching for genetic determinants of rhizobial competitive properties which are important during nodule colonization is feasible, perhaps using whole-genome sequencing.

Bakterie symbiotyczne roślin z terenów nieuprawianych rolniczo jako źródło genów i funkcji metabolicznych przydatnych w promowaniu wzrostu roślin

MAGDALENA WÓJCIK, PIOTR KOPER, KAMIL ŻEBRACKI, MAŁGORZATA MARCZAK,
ANDRZEJ MAZUR

Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Instytut Nauk Biologicznych,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

Globalny wzrost liczby ludności wymusza zwiększanie produkcji roślin. Poprawę produktywności plonów można osiągnąć m. in. poprzez zwiększenie tolerancji roślin na niekorzystne warunki. Ważnym elementem tej strategii jest promowanie korzystnych relacji rośliny-mikroorganizmy. Symbiotyczne rizobia będąc ważnym składnikiem mikrobiomu ryzosfery rośliny bobowatych, wykorzystywanych do produkcji żywności dla ludzi jak i pasz zwierzęcych, uniezależniają je od nawożenia azotowego.

Celem pracy była weryfikacja hipotezy, że rizobia wyizolowane z roślin rosnących na nieuprawianych rolniczo terenach, mogą wykazywać pewne unikalne cechy metaboliczne, które nie uległy przekształceniu w skutek praktyk rolniczych. Takie bakterie lub ich aktywne metabolicznie geny mogą być użyteczne w perspektywie ich zastosowania w promowaniu wzrostu roślin.

Profil metaboliczny bakterii wyizolowanych z brodawek korzeniowych takich roślin, ich zdolność wykorzystywania różnych źródeł energii, tolerancja na stres oraz zdolność promowania wzrostu roślin wydają się potwierdzać zaproponowaną hipotezę badawczą.

*Sfinansowano ze środków projektu badawczego dla młodych naukowców
Instytutu Nauk Biologicznych UMCS MN/2021/4*

Symbiotic bacteria of plants nodules from non-farmed area as a source of genes and metabolic functions useful in promoting of plant growth

Global human population growth forces increasing plant production. Improvement of crops yield may be achieved, e.g. by increasing the plants tolerance to unfavorable conditions. An important element of this strategy is to promote beneficial relations between plants and microorganisms. Symbiotic rhizobia, being an important component of the rhizosphere microbiome of the legumes, used for the production of human food and animal feed, makes them independent of nitrogen fertilization.

The aim of the study was to verify the hypothesis that Rhizobia isolated from plants growing in non-farmed land may exhibit some unique metabolic features that have not been changed by agricultural practices. Such bacteria or their metabolically active genes may be useful in terms of their use in promoting plant growth.

The metabolic profile of bacteria isolated from the root nodules of such plants, their ability to use a variety of energy sources, tolerance to stress, and the ability to promote plant growth seem to confirm the proposed research hypothesis.

Potencjał bakterii endofitycznych do produkcji deaminazy ACC

MAŁGORZATA WOŹNIAK^{1*}, RENATA TYŚKIEWICZ², ANNA MARZEC-GRZĄDZIEL¹,
ANNA GAŁĄZKA¹, JOLANTA JAROSZUK-ŚCISEŁ³

¹Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy,

²Laboratorium Analityczne, Łukasiewicz-INS,

al. Tysiąclecia Państwa Polskiego 13a, 24-110 Puławy,

³Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

*e-mail: m.wozniak@iung.pulawy.pl

Alternatywą dla szeroko stosowanych agrochemikaliów są endofityczne interakcje między roślinami i bakteriami, które poprzez synergistyczne oddziaływania oraz różne mechanizmy obronne wpływają na zwiększenie metabolicznej zdolności roślin do radzenia sobie ze stresami środowiskowymi. Celem niniejszego badania była wstępna selekcja szczepów bakterii endofitycznych produkujących enzym deaminazę ACC (kwasu 1-aminocyklopropa-1-karboksylowego), który reguluje poziom inhibitora wzrostu roślin — etylenu i zwiększa tolerancję roślin na stres. Wstępną selekcję szczepów wykonano w oparciu o klasyczną technikę płytek agarowych na podłożu zawierającym ACC jako jedyne źródło azotu. Następnie przeprowadzono amplifikację genu *acdS* (kodującego deaminazę ACC) techniką real-time PCR. Na podstawie otrzymanych wyników stwierdzono obecność genu *acdS* u wszystkich testowanych szczepów, natomiast na podłożu agarowym z ACC, 5 izolatów nie wykazało cech wzrostu. Wyselekcjonowane szczepy bakterii endofitycznych mogą zatem posiadać wysoki potencjał promujący wzrost roślin w warunkach stresów środowiskowych oraz stanowić aktywny składnik preparatów biostymulujących.

Badania sfinansowano z tematu badawczego 1.21 realizowanego w ramach działalności Statutowej IUNG-PIB oraz tematu UMCS BS-P-11-010-18-2-06

The potential of endophytic bacteria for the production of ACC deaminase

An alternative to the widely used agrochemicals are endophytic interactions between plants and bacteria, which, through synergistic relationships and various defense mechanisms, increase the metabolic capacity of plants to cope with environmental stresses. The aim of this study was to pre-select endophytic bacteria strains producing the ACC deaminase enzyme (1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid), which regulates the level of the plant growth inhibitor — ethylene and increases plant tolerance to stress. The preliminary selection of the strains was performed based on the classic agar plate technique on a medium containing ACC as the sole nitrogen source. Then, the amplification of *acdS* gene (encoding ACC deaminase) was performed by real-time PCR. On the basis of the obtained results, the presence of the *acdS* gene was found in all tested strains, whereas on the agar medium with ACC, 5 isolates did not show any growth characteristics. Therefore, selected strains of endophytic bacteria may have a high potential to promote plant growth under environmental stress conditions and constitute an active ingredient of biostimulating preparations.

This research was supported by the project nr 1.21 (2017–2019) the statutory activity of IUNG-PIB in Pulawy and partly by UMCS BS-P-11-010-18-2-06

Spójności endofitów bakteryjnych związanych z liśćmi bioenergetycznych drzew – *Paulownia elongata* x *fortunei*

MAŁGORZATA WOŹNIAK^{1*}, ANNA MARZEC-GRZĄDZIEL¹, ANNA GAŁĄZKA¹,
MAGDALENA FRĄC²

¹Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy,

²Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

*e-mail: m.wozniak@iung.pulawy.pl;

Paulownia to bioenergetyczne drzewo liściaste, które w sprzyjających warunkach osiąga wysokie tempo wzrostu (gatunek szybko rosnący). Wszystkie żywe organizmy, w tym rośliny, są skolonizowane przez różnorodną i złożoną populację mikroorganizmów. Analiza struktury i funkcji mikrobiomu endofitycznego pozwala na poznanie ekologii mikroorganizmów oraz może stanowić podstawę do opracowania strategii zarządzania uprawami bioenergetycznymi. Celem niniejszych badań była ocena struktury i funkcjonalnej różnorodności zbiorowisk bakterii endofitycznych związanych z liśćmi *Paulownia elongata* x *fortunei* w oparciu o sekwencjonowanie fragmentów V5-V7 genu 16S rRNA oraz analizę Biolog EcoPlates. Bakterie sklasyfikowane do typu Proteobacteria i Actinobacteria stanowiły dominujące typy mikrobiomu liści *Paulownia*. Mikrobiom rdzeniowy obejmował 9 rodzajów bakterii. Analiza profili metabolicznych na podstawie Biolog EcoPlatesTM wykazała, że społeczności bakterii endofitycznych charakteryzowały się najwyższą aktywnością metaboliczną w stosunku do kwasów karboksylowych i aminokwasów. Otrzymane wyniki stanowią innowacyjne podejście do badań społeczności bakterii pochodzących z endosfery liści *P. elongata* x *fortunei*.

Badania finansowano ze środków projektu NCN-Preludium, nr projektu UMO-2016/23/N/NZ9/02157.

Endophytic bacterial communities associated with leaves of bioenergetic trees – *Paulownia elongata* x *fortunei*

Paulownia is a bioenergetics deciduous tree that, under favorable conditions, achieves a high growth rate (fast-growing species). All living organisms, including plants, are colonized by a diverse and complex array of microorganisms. The analysis of the structure and functions of the endophytic microbiome allows the recognition of the ecology of microorganisms and can be the basis for the development of a bioenergy crop management strategy. The objective of the present study was to assess the structure and functional diversity of endophytic bacterial communities associated with *Paulownia elongata* x *fortunei* leaves based on sequencing of V5-V7 fragments of the 16S rRNA gene and analysis of Biolog EcoPlates. Bacteria classified as Proteobacteria and Actinobacteria were the dominant types of the *Paulownia* leaves microbiome. The core microbiome included 9 bacterial genera. The analysis of the metabolic profiles based on Biolog EcoPlatesTM revealed that endophytic bacterial communities showed the highest metabolic activity towards to carboxylic acids and amino acids. The obtained results constitute an innovative approach to the study of the community of bacteria derived from the endosphere of *P. elongata* x *fortunei* leaves.

Badania finansowano ze środków projektu NCN-Preludium, nr projektu UMO-2016/23/N/NZ9/02157.

Różnorodność mikrobiomu w glebie zanieczyszczonej bisfenolem A obsianej rzepakiem jarym i kukurydzą

MAGDALENA ZABOROWSKA, JADWIGA WYSZKOWSKA, AGATA BOROWIK,
JAN KUCHARSKI

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

Bisfenol A (BPA) uznawany jest za najczęściej produkowaną substancję chemiczną na świecie. Określenie toksyczności tego związku fenolowego na środowisko i zdrowie ludzi zyskało w ciągu ostatniej dekady dużo zasłużonej uwagi. Trend ten jednak nie koresponduje z wiedzą na temat wpływu BPA na kondycję gleby. Spektrum zaburzeń homeostazy gleby oceniono na podstawie strukturalnej różnorodności jej mikrobiomu. Stres biotyczny związany z ingerencją BPA wywołał zróżnicowane reakcje, zarówno wśród bakterii jak i grzybów. Analiza metagenomiczna wykazała, że *Proteobacteria* były dominującym phylum bakterii, a *Ascomycota* grzybów. W glebie obsianej kukurydzą BPA zwiększał licznosc OTU *Proteobacteria* o 22%, a w kompilacji z rzepakiem jarym o 20%. Niezależnie od gatunku uprawianej rośliny, związek fenolowy zmniejszał obfitosc OTU *Actinobacteria*. Wyłoniono również mikroorganizmy o potencjale bioremediacyjnym w stosunku do BPA, do których należą bakterie z rodzaju *Novosphingobium* i *Sphingomonas*, oraz grzyby z rodzaju *Penicillium*. Reprezentantami mikroorganizmów najwrażliwszych na presję związku fenolowego okazały się *Stenotrophomonas* i *Cellulosimicrobium* wśród bakterii i *Chaetomium* wśród grzybów.

Diversity of the microbiome in soil contaminated with bisphenol A, sown with spring oilseed rape and maize

Bisphenol A (BPA) is regarded as the most widely produced chemical compound worldwide. Determining the toxicity of this phenolic compound on the environment and human health has gained much deserved attention in the past decade. However, this trend does not correspond to the knowledge on the impact of BPA on soil condition. A range of soil homeostasis disturbances was assessed on the basis of the structural diversity of the soil microbiome. The biotic stress caused by BPA soil contamination caused different responses among both bacteria and fungi. Metagenomic analysis showed that *Proteobacteria* were the dominant phylum of bacteria in soil, and *Ascomycota* were the prevalent fungal phylum. BPA in soil cropped with maize increased the OTU richness of bacteria from the phylum *Proteobacteria* by 22% and in the compilation with spring oilseed rape by 20%. Irrespective of the plant species grown, BPA decreased the OTU richness of *Actinobacteria*. Microorganisms with potential to biodegrade BPA were also distinguished. These are bacteria of the genera *Novosphingobium* and *Sphingomonas*, and fungi of the genus *Penicillium*. The representatives of microorganisms most sensitive to the pressure of the phenolic compound were *Stenotrophomonas* and *Cellulosimicrobium* among bacteria and *Chaetomium* among fungi.

Aktywacja elongacji korzeni *A. thaliana* z udziałem szczepu *Sporobolomyces ruberrimus* jako przykład roli endofitów w promowaniu wzrostu roślin

MAGDALENA ZYLIK, AGNIESZKA DOMKA, PIOTR ROZPĄDEK

Małopolskie centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

Istotne znaczenie dla wzrostu rośliny ma system korzeniowy roślin, którego kształtowanie jest uwarunkowane nie tylko genetycznie, ale również przez abiotyczne i biotyczne czynniki środowiska. Przedmiotem badań było oddziaływanie endofitycznego szczepu *Sporobolomyces ruberrimus*, na wzrost roślin. Wykazano stymulujące oddziaływanie endofita na proces elongacji komórek korzeni *Arabidopsis thaliana* (ekotyp Col-0), w tym komórek włosnikowych. Proces elongacji włosników podlega regulacji fitohormonalnej. Wykorzystując mutanty *A. thaliana* oraz inhibitory biosyntezy etylenu (ET) i transporterów auksyn (IAA) wykazano, że mechanizm oddziaływania endofita jest zależny od IAA oraz/lub ET. Analiza porównawcza 190 ekotypów *A. thaliana* wykazała, że u ekotypu Ler-0 nie dochodzi do indukcji elongacji włosników przez endofita, co może mieć związek z niższą wrażliwością tego ekotypu na IAA oraz ET. Na poziomie ekspresji genów również wykazano zróżnicowaną odpowiedź ekotypów na inokulację. Tylko u ekotypu Col-0 dochodzi do dodatkowej regulacji ekspresji ET- i IAA-zależnych RSL2 oraz RSL4. Regulacja ekspresji tych genów wydaje się potwierdzać istotną rolę sygnalizacji zależnej od ET i/lub IAA w oddziaływaniu endofita na wzrost komórek korzenia.

Badania finansowane z grantu NCN, OPUS-17, 2019/33/B/NZ9/01372

Activation of *Arabidopsis thaliana* root elongation by *Sporobolomyces ruberrimus* strain as an role of the endophytes in plant growth promotion

The root system of plants is important for plant growth. Its development is determined not only genetically but also by abiotic and biotic environmental factors. The aim of this study was to examine the influence of the endophytic strain *Sporobolomyces ruberrimus* on plant growth. The stimulatory effect of the endophyte on the elongation process of *Arabidopsis thaliana* root cells (ecotype Col-0), including root hair cells (RHs), was demonstrated. The process of RHs elongation is regulated by phytohormones. Using *A. thaliana* mutants and inhibitors of ethylene (ET) biosynthesis and auxin (IAA) transporters, the mechanism of endophyte action was shown to be IAA and/or ET-dependent. Comparative analysis of 190 ecotypes of *A. thaliana* showed that in Ler-0 ecotype is no responsive to inoculation, possibly due to lower sensitivity of this ecotype to IAA and ET. At the level of gene expression, the response of ecotypes was also differentiated; only in Col-0 ecotype, the expression of RSL2 and RSL4 was up-regulated upon inoculation, while in Ler-0 the expression of these genes remained unchanged. The regulation of the expression of these genes seems to confirm the important role of ET and/or IAA-dependent signaling in the effects of the endophyte on root cell growth.

Globalna odpowiedź transkryptomu *Rhizobium leguminosarum* na stres środowiskowy

KAMIL ŻEBRACKI, PIOTR KOPER, MAGDALENA WÓJCIK, MAŁGORZATA MARCZAK,
ANDRZEJ MAZUR

Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Instytut Nauk Biologicznych,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

Rizobia to bakterie bytujące w glebie w postaci wolno żyjącej oraz symbiotycznej – w brodawkach korzeniowych roślin bobowatych. Warunki w glebie często ograniczają wzrost mikroorganizmów, a do głównych stresorów należą: temperatura, pH, zasolenie, wilgotność oraz niska zawartość składników odżywczych. Odpowiedź transkryptomu *R. leguminosarum* bv. *trifolii* TA1 (RtTA1) na stres określono w analizie typu RNA-Seq. RNA wyizolowano z komórek RtTA1 rosnących w podłożach minimalnym i pełnym o różnym odczynie pH: neutralnym (pH 7) i kwaśnym (pH 5) dla każdej z pożywek.

Wykazano, że każdy z wariantów hodowli skutkował istotną zmianą poziomu ekspresji dużej liczby genów (DEG, ang. *differentially expressed genes*), które w większości uległy represji. Klasyfikacja funkcjonalna DEG w kategoriach COG (ang. *Clusters of Orthologous Genes*) wykazała, że wśród nadreprezentowanych kategorii znajdują się geny związane z transportem i metabolizmem węgla, aminokwasów, związków nieorganicznych, transdukcją sygnałów oraz regulacją transkrypcji. Odpowiedź komórek RtTA1 na stres zachodzi na drodze przestawienia metabolizmu podstawowego i regulacji ekspresji związanych z tym genów na poziomie transkrypcji. Duża liczba DEG uczestniczących w tej odpowiedzi była ulokowana w pozachromosomalnym genomie RtTA1.

Badania sfinansowano ze środków Wewnętrznego Projektu Badawczego UMCS nr ZB/2021/2

The global response of the *Rhizobium leguminosarum* transcriptome to environmental stress

Rhizobia are soil bacteria that exhibit both free-living and symbiotic lifestyles. Conditions in the soil often limit the growth of microorganisms, and the main stressors are temperature, pH, salinity, humidity, and low nutrient content. The transcriptome response of *R. leguminosarum* bv. *trifolii* TA1 (RtTA1) to stress was determined using RNA-Seq. RNA was isolated from RtTA1 cells growing in minimal and complete media with different pH: neutral (pH 7) and acidic (pH 5) for each of the media.

It was shown that each of the culture variants resulted in a significant change in the expression level of a large number of differentially expressed genes (DEGs), most of which were repressed. The functional classification of DEGs in the COG categories (Clusters of Orthologous Genes) showed that among the overrepresented categories there are genes related to the transport and metabolism of carbon, amino acids, inorganic compounds, signal transduction, and regulation of transcription. The stress response of RtTA1 cells occurs by a significant alteration of the basic metabolism and expression regulation of related genes at the level of transcription. A large number of DEGs participating in this response were located in RtTA1 extrachromosomal genome.



FIRMY



At **Analityk 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.

<https://emea.illumina.com/>



A&A BIOTECHNOLOGY

innovating life science

A&A Biotechnology jest polską firmą biotechnologiczną, która opracowuje i wytwarza innowacyjne produkty dla branży life science. Została założona w 1993 roku przez obecnego dyrektora naczelnego dr Adama Burkiewicza. Firma posiada własne laboratoria badawcze i zakłady produkcyjne.

Oferta A&A Biotechnology obejmuje zestawy do izolacji DNA i RNA, PCR i odczynniki do odwrotnej transkrypcji, odczynniki do klonowania i transformacji oraz odczynniki i usługi do biologii molekularnej. Firma posiada również urządzenia umożliwiające produkcję dużych ilości enzymów stosowanych w biologii molekularnej.

Produkty i usługi A&A Biotechnology są wykorzystywane przez laboratoria naukowe i diagnostyczne na uniwersytetach i w instytutach badawczych, laboratoria weterynaryjne, w służbie zdrowia, laboratoriach analiz środowiskowych, laboratoriach kryminalistycznych i innych firmach z branży life science.

Ponadto, dysponując własnym działem badawczo-rozwojowym i produkcyjnym, jesteśmy w stanie dostosować nasze produkty i rozwiązania do indywidualnych potrzeb klienta.



A.G.A. ANALYTICAL działa na polskim rynku od ponad 25 lat. Zajmujemy się dystrybucją najwyższej jakości sprzętu laboratoryjnego oraz aparatury naukowo-badawczej. Służymy fachową pomocą w doborze wyposażenia laboratorium.

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 Haier, suszarki rozpyłowe UNOPEX, homogenizatory firmy Omni International oraz drobny sprzęt laboratoryjny firm GILSON®, Benchmark, SiliCycle i Scilogex.

Wieloletnia współpraca z producentami pozwala nam dostarczać dedykowane rozwiązania sprzętowe w konkurencyjnych cenach. Jesteśmy firmą nastawioną na długotrwałą współpracę, dlatego dobre relacje z Klientami i ich zaufanie stawiamy na pierwszym miejscu. Nasza oferta stale się rozwija i dostosowuje do wymagań branży naukowo-badawczej. Naszą wiedzę techniczną, branżową i sprzętową budujemy od lat. Tym samym, w kontaktach z Klientami stawiamy na wieloletnie relacje i wspólny rozwój. Z doświadczenia naszych specjalistów korzystają uniwersytety, uczelnie techniczne, instytuty naukowo-badawcze, jednostki budżetowe i zakłady przemysłowe z sektora energetycznego, chemicznego, farmaceutycznego, spożywczego, kosmetycznego oraz ochrony środowiska. Wśród naszych Klientów znajduje się również większość polskich uniwersytetów, uczelni technicznych oraz wiele instytutów badawczych.

Współpraca z nami to także kompleksowa obsługa serwisowa – nasi inżynierowie zapewniają użytkownikowi wszechstronną pomoc. Oferujemy pełną opiekę gwarancyjną i pogwarancyjną dostarczanego do naszych Klientów sprzętu.



BioMaxima S.A. to polski producent podłoży mikrobiologicznych, suplementów oraz szerokiej gamy odczynników i aparatury do diagnostyki *in vitro*. Spółka jest również dystrybutorem produktów uznanych światowych firm diagnostycznych takich jak: Accelerated Diagnostics, Nova Biomedical, Mitsubishi Chemical, Technoclone, Kabe oraz Biolog.

Spółka posiada Certyfikaty Systemu Zarządzania Jakością ISO 9001:2015 oraz ISO 13485:2016. Produkty BioMaxima S.A. są znakowane CE i spełniają wymagania Dyrektywy Europejskiej 98/79/WE.

Dzięki szerokiej ofercie produktów, BioMaxima S.A. jest znaczącym partnerem dla wielu klientów z rynku medycyny laboratoryjnej, weterynaryjnej oraz przemysłowej. Zaopatruje odbiorców w Polsce, jak i na rynkach międzynarodowych współpracując z ponad 60 dystrybutorami na czterech kontynentach.



Eppendorf to międzynarodowy koncern biotechnologiczny, powstały w Hamburgu w 1945 r. Poprzez otwarcie w 2011r. firmy Eppendorf Poland Sp. z o.o., grupa realizuje strategię pozostawania w najbliższym kontakcie ze swoimi odbiorcami – środowiskiem naukowym, medycznym, farmaceutycznym i przemysłem biotechnologicznym oraz z partnerami biznesowymi. Asortyment Eppendorf obejmuje pipety i automatyczne systemy pipetowania, dozowniki, wirówki, miksery, spektrometry i sprzęt do amplifikacji DNA, a także ultraniskotemperaturowe zamrażarki, fermentory, bioreaktory, inkubatory CO₂, wytrząsarki i systemy manipulacji komórkami, jak również materiały zużywalne, takie jak końcówki do pipet, probówki, płytki.

Produkty Eppendorf są wykorzystywane w akademickich i komercyjnych laboratoriach badawczych, w firmach farmaceutycznych i biotechnologicznych, a także w przemyśle chemicznym i spożywczym. Są one również przeznaczone dla klinicznych i środowiskowych laboratoriów analitycznych, dla kryminalistyki i laboratoriów przemysłowych zajmujących się analizą procesów, produkcją i zapewnieniem jakości.



EURx Sp. z o.o. jest prywatną firmą biotechnologiczną o profilu produkcyjno-badawczym, z siedzibą w Gdańsku. Od ponad 20 lat uczestniczymy w rozwoju polskiego sektora biotechnologicznego. Dostarczamy wysokiej jakości odczynniki dla społeczności naukowej. Nasza grupa badawczo-rozwojowa wywodzi się z kręgów akademickich, większość ma za sobą długoletnie doświadczenie w branży biotechnologicznej. EURx rygorystycznie przestrzega kontroli jakości i standardów produkcji aby zapewnić wysoką jakość i powtarzalność produktów. Równocześnie stale udoskonalamy i rozwijamy naszą ofertę, wychodząc naprzeciw oczekiwaniom naszych klientów. Mamy bogate doświadczenie w fermentacji, klonowaniu i inżynierii białkowej, oczyszczaniu białek i DNA, a także w amplifikacji DNA.

EURx produkuje szeroką gamę zestawów do izolacji i oczyszczania kwasów nukleinowych, a także polimerazy, odwrotne transkryptazy, wzorce wielkości DNA i białek oraz różnego typu nukleazy, białka modyfikujące DNA, enzymy restrykcyjne i wiele innych odczynników niezbędnych w biologii molekularnej.

Chcemy, aby nasze produkty pomagały Państwu realizować własne cele naukowe. Swoją misję realizujemy w oparciu o nasz główny obszar działalności jakim jest tworzenie i sprzedaż preparatów i odczynników biotechnologicznych. Prowadzimy intensywne badania z wykorzystaniem tradycyjnych, jak również najnowszych technologii, co pozwala nam wytwarzać najwyższej jakości produkty. Zadowolenie naszych Klientów oraz jakość naszych produktów to podstawa naszego działania.

Jesteśmy dumni, że możemy przyczyniać się do sukcesu wielu naszych Klientów.



Novogene is a leading provider of genomic services and solutions with cutting edge NGS and bioinformatics expertise. With one of the leading sequencing capacities in the world, Novogene utilises scientific excellence, a commitment to customer service and unsurpassed data quality to help our clients realise their research goals in the rapidly evolving world of genomics. With over 2,000 employees, multiple locations around the world, 37 NGS related patents, and over 670 publications in top tier journal such as Nature and Science, the company has rapidly become a world-leader in NGS services.

In addition, we have become a top PacBio sequencing center equipped with 20 Sequel Systems, and have opened a new chapter in third generation sequencing with multiplex new technologies. In this conference, we will exhibit the latest genome sequencing solutions.



GENOMED OFERTA: Genomed oferuje wszelkie typy analizy sekwencji DNA, w tym analizę polimorfizmu („Gene Scan”), sekwencjonowanie materiału genetycznego w technologii Sangera i NGS (ang. Next-Generation Sequencing), syntezę oligonukleotydów standardowych (wysalanych i oczyszczanych HPLC), oligonukleotydów modyfikowanych oraz znakowanych podwójnie sond.

PRZYKŁADOWE ZASTOSOWANIA SEKWENCJONOWANIA NGS:

- pełna metagenomika typu „shotgun”,
- metabarcoding – sekwencjonowanie i analiza regionów hiperzmiennych (16S rDNA – skład bakteryjny oraz sekwencji ITS – populacja grzybów) z puli DNA środowiskowego,
- sekwencjonowanie *de novo* całych genomów prokariotycznych i eukariotycznych,
- resekwencjonowanie wybranych fragmentów genomów i amplikonów,
- sekwencjonowanie eksomów,
- sekwencjonowanie całego genomu po reakcji z wodorosiarczynem (WGBS),
- sekwencjonowanie transkryptomów (RNA-Seq),
- sekwencjonowanie małych RNA.

PRZYKŁADOWA ANALIZA BIOINFORMATYCZNA W USŁUGACH METAGENOMICZNYCH:

- plik excel z % udziałem taksonów w próbce + raport pdf,
- analiza różnorodności (alpha- i beta- diversity),
- konstrukcja drzew podobieństwa gatunkowego,
- analiza głównych składowych (PCA) i analiza głównych współrzędnych (PcoA),
- konstrukcja drzew filogenetycznych dla bakterii/grzybów,
- porównanie grup eksperymentalnych,
- przedstawienie graficzne wyników (wykresy słupowe, kołowe oraz typu heat tree).

ICLab

ICLab to przede wszystkim świetni specjaliści w dziedzinie mikroskopii optycznej konfokalnej i superrozdzielczej STED, biologii molekularnej i komórkowej. Droga, którą podążamy pozwoliła nam na utworzenie własnego laboratorium komercyjnego w niecałe 12 miesięcy, a wszystkie etapy tego procesu, zaowocowały doświadczeniem, które procentuje przy współpracy z innymi jednostkami badawczymi. Zaufanie Klientów zdobywane na przestrzeni lat pozwala nam łączyć działalność badawczą z dystrybucją urządzeń laboratoryjnych. Posiadamy szeroką ofertę nowoczesnych i czułych czytników mikroplątek, luminometrów, spektrofotometrów od europejskich producentów t.j. Byonoy (Niemcy), Hidex Oy (Finlandia), SAFAS (Monako) oraz mikroskopów superrozdzielczych STED firmy Abberior Instruments GmbH.

Duże zaplecze praktyczne oraz korzystne warunki współpracy sprawiają, że z powodzeniem dostarczamy sprzęt z najwyższej półki do laboratoriów w całym kraju. Do grona naszych odbiorców należą wiodące ośrodki badawcze oraz firmy prywatne m.in. Mabion S.A., Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Uniwersytet Jagielloński i inne.

Co Nas wyróżnia? Wiedza i doświadczenie... a dla Państwa przede wszystkim możliwość bezpłatnego przetestowania i sprawdzenia sprzętu pod kątem konkretnych zastosowań.

Firma ICLab posiada własne laboratorium w Krakowie, w którym świadczymy także usługi obrazowania superrozdzielczego STED z rozdzielczością rzędu 30–40 nm. Pomagamy w procesie przygotowania i optymalizacji barwienia próbek do takiego obrazowania jak również oferujemy możliwość obróbki i analizy obrazów w oprogramowaniu Huygens.

W ICLab wierzymy, że stwarzając naszym Partnerom optymalne warunki pracy, uwalniamy ich pełen potencjał, razem przyczyniając się do odkrywania rzeczy wielkich.



INTERMAG jest polskim producentem innowacyjnych biostymulatorów, nawozów specjalistycznych, agrochemikaliów i produktów prozdrowotnych, które przeznaczone są do stosowania w profesjonalnej uprawie roślin i hodowli zwierząt.

Od 1988 roku INTERMAG jest pionierem w badaniach i rozwoju produktów opartych o mikroelementy i pierwiastki funkcjonalne takie jak tytan i krzem. Naszymi flagowymi markami są: TYTANIT, OPTYSIL oraz PLONVIT. Od 2015 roku rozszerzamy ofertę o zaawansowane preparaty mikrobiologiczne. Naszą mocną stroną są unikalne technologie chronione patentami.

Skuteczność produktów INTERMAG została potwierdzona na około 40 rynkach na świecie. Ponad 30-letnie doświadczenie uczyniły z nas ekspertów w nowoczesnym nawożeniu. Rozwiązania proponowane przez INTERMAG przyczyniają się do upowszechniania praktyk rolniczych, które są przyjazne środowisku naturalnemu oraz umożliwiają produkcję zdrowej żywności. Opracowane przez nas kompleksowe technologie uprawy roślin i profilaktyki zdrowotnej zwierząt spełniają wymagania profesjonalnych gospodarstw rolnych. Celem firmy jest wspieranie rolników w zrównoważonej i dochodowej produkcji rolnej.



Promega jest jedną z największych firm działających na globalnym rynku Life Science. Zatrudnia ponad 1400 pracowników i oferuje ponad 4000 produktów z dziedziny biologii molekularnej, analizy ekspresji i interakcji białek, analizy komórek, poszukiwania nowych leków, diagnostyki molekularnej, jak i kryminalistyki oraz badań pokrewieństwa. Promega jest liderem w dziedzinie innowacyjnych rozwiązań i wsparcia technicznego dla naukowców w środowisku akademickim, przemysłowym i instytucjach państwowych. Spółka ma oddziały w 16 krajach oraz ponad 50 globalnych dystrybutorów w 100 krajach.

Od 1997 roku zatrudniająca ponad 80 pracowników spółka Promega GmbH, jednostka zależna Promega Corp., odpowiada za dystrybucję produktów Promega w Niemczech, Austrii, Polsce oraz Europie Wschodniej.

Sprzedajemy nasze produkty bezpośrednio na rynku polskim. Umożliwia nam to kompleksową obsługę polskich klientów, indywidualne rozwiązania oraz konkurencyjne ceny.

Promega GmbH posiada certyfikaty ISO 9001:2008, Euro Hub ISO 12385:2003.

PATRON MEDIALNY

Laboratorium

PRZEGLĄD OGÓLNOPOLSKI

„Laboratorium – Przegląd Ogólnopolski” jest czasopismem branżowym podejmującym zagadnienia związane z praktycznymi aspektami funkcjonowania wszelkiego rodzaju laboratoriów: przemysłowych, środowiskowych, naukowych, kontrolnych i innych. Interdyscyplinarna tematyka czasopisma łączy w sobie zagadnienia z różnych dziedzin nauki i techniki: chemii, biochemii, mikrobiologii, metrologii, inżynierii, a także prawa, zarządzania i finansów.

Tematy poszczególnych wydań adresujemy do kadry zarządzającej i pracowników laboratoriów. Na łamach pisma prezentujemy wywiady z przedstawicielami świata nauki i biznesu, publikujemy specjalistyczne artykuły ukazujące prace laboratoriów z terenu całej Polski oraz przeglądy produktów.

Misją czasopisma jest dostarczanie fachowej wiedzy i praktycznych rozwiązań problemów spotykanych w codziennej pracy laboratoryjnej.

Roczna prenumerata pozwoli Ci zyskać dostęp do aktualnych artykułów oraz do wszystkich archiwalnych wydań od 2012 roku. Przygotowane przez nas e-booki z zakresu m.in.: zarządzania i akredytacji, rozwiązań aparaturowych, bezpieczeństwa żywności czy ochrony środowiska, stanowią kompendium wiedzy w danych obszarach praktyki laboratoryjnej.

Zapoznaj się z ofertą:

<https://dlaspecjalistow.pl/pl/c/Laboratorium-Przegląd-Ogólnopolski/81>



Biotechnologia.pl

To jedyne w Polsce medium branżowe dedykowane sektorowi Life Science, istniejące nieprzerwanie od 1998 r. Jest liderem mediów w Polsce w dziedzinie biotechnologii, kosmetologii, farmacji, medtechu i innowacyjnego bio-biznesu. Użytkownik odnajdzie tutaj newsy naukowe, wywiady z przedstawicielami branży oraz specjalistyczne artykuły uznanych członków redakcji.

To, co wyróżnia portal, to unikalny katalog firm oraz bogata baza gromadząca informacje na temat produktów i usług oferowanych w branży Life Science. Biotechnologia.pl to również wiele interesujących ofert pracy.

Portal obecnie odwiedza blisko 200 tys. unikalnych użytkowników miesięcznie. Są to głównie naukowcy, przedstawiciele firm z branży Life Science, parków technologicznych, centrów transferu technologii, pracownicy laboratoriów, działów R&D, kontroli jakości i produkcji, studenci oraz doktoranci kierunków medycznych i nauk o życiu.

Poza portalem, firma jest wydawcą branżowego Kwartalnika Biotechnologia.pl, aktywnie udziela się też w mediach społecznościowych (Twitter, LinkedIn, Facebook, YouTube, Instagram). W ramach swojej szeroko zakrojonej działalności związanej z produkcją filmową redaktor naczelny portalu Adam Zalewski przeprowadza wywiady z ekspertami z branży, prowadzi autorskie formaty, panele dyskusyjne, relacje z kluczowych wydarzeń.