

54. Konferencja Mikrobiologiczna
**Mikroorganizmy Różnych
Środowisk**

ABSTRAKTY

Lublin 2021



UMCS

UNIwersytet Marii Curie-Skłodowskiej
w Lublinie

54. KONFERENCJA MIKROBIOLOGICZNA

20-21 września 2021

Lublin

MIKROORGANIZMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK

ABSTRAKTY

Redakcja

dr hab. Małgorzata Majewska

Projekt okładki

dr hab. Małgorzata Majewska

Zdjęcia

dr hab. Małgorzata Majewska

Wydawca

Wydział Biologii i Biotechnologii
Instytut Nauk Biologicznych
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej
ul. Akademicka 19
20-033 Lublin

KONFERENCJI PATRONUJĄ

prof. dr hab. Radosław Dobrowolski
REKTOR Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

prof. dr hab. Anna Jarosz-Wilkolazka
DYREKTOR Instytutu Nauk Biologicznych, UMCS, Lublin

dr hab. Joanna Czarnecka, prof. UMCS
DZIEKAN Wydziału Biologii i Biotechnologii, UMCS, Lublin

dr hab. Małgorzata Wójcik, prof. UMCS
PRODZIEKAN Wydziału Biologii i Biotechnologii, UMCS, Lublin



**POLSKIE TOWARZYSTWO
MIKROBIOLOGÓW
ODDZIAŁ LUBELSKI**



**POLSKIE TOWARZYSTWO
GENETYCZNE
ODDZIAŁ LUBELSKI**



**POLSKIE TOWARZYSTWO
MYKOLOGICZNE**

**POLSKIE TOWARZYSTWO
MYKOLOGICZNE
ODDZIAŁ LUBELSKI**



**POLSKIE TOWARZYSTWO
FITOPATOLOGICZNE**

KOMITET ORGANIZACYJNY

Przewodnicząca:

dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ściśeł, prof. UMCS

Sekretarz:

dr Artur Nowak

Członkowie:

dr hab. Małgorzata Majewska

dr Ewa Ozimek

mgr Anna Słomka

dr Renata Tyśkiewicz

Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej

Instytut Nauk Biologicznych
Wydział Biologii i Biotechnologii
Uniwersytet Marii Curie Skłodowskiej

KOMITET NAUKOWY KONFERENCJI

Przewodniczy:

prof. dr hab. Adam Jaworski

SAN, Łódź

V-ce Przewodniczy:

prof. dr hab. Wiesław Barabasz

PWSW, Przemyśl

Członkowie:

prof. dr hab. Mieczysław Błaszczyk

SGGW, Warszawa

prof. dr hab. Adam Choma

UMCS, Lublin

prof. dr hab. inż. Krystyna Cybulska

ZUT, Szczecin

prof. dr hab. inż. Jacek Dach

UP, Poznań

prof. dr hab. Hanna Dahm

UMK, Toruń

prof. dr hab. Magdalena Frąc

PAN, Lublin

prof. dr hab. Katarzyna Hrynkiewicz

UMK, Toruń

prof. dr hab. Monika Janczarek

UMCS, Lublin

prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka

PAN, Poznań

prof. dr hab. Dorota Kołodyńska

UMCS, Lublin

prof. dr hab. Teresa Kornilłowicz-Kowalska

UP, Lublin

prof. dr hab. Jacek Kozdrój

UR, Rzeszów

prof. dr hab. Jan Kucharski

UMW, Olsztyn

prof. dr hab. Wanda Małek

UMCS, Lublin

prof. dr hab. Stefan Martyniuk

IUNG-PIB Puławy

prof. dr hab. Agnieszka Mrozik

UŚ, Katowice

prof. dr hab. Zbigniew Paluszak

UTP Bydgoszcz

prof. dr hab. Stanisław Pietr

UP, Wrocław

prof. dr hab. Zofia Piotrowska-Seget

UŚ, Katowice

prof. Nataliya Romanyuk

LUN, Lwów

prof. dr hab. Anna Skorupska

UMCS, Lublin

prof. dr hab. Piotr Sobiczewski

IO, Skierniewice

prof. dr hab. Arkadiusz Telesiński

ZUT, Szczecin

prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska

UWM, Olsztyn

dr hab. Justyna Bohacz, prof. UP

UP, Lublin

dr hab. inż. Maria Chmiel, prof. UR

UR, Kraków

dr hab. inż. Sławomir Ciesielski, prof.

UWM, Olsztyn

dr hab. Anna Gałązka, prof. IUNG

IUNGPIB, Puławy

dr hab. Agnieszka Hanaka, prof. UMCS

UMCS, Lublin

dr hab. Iwona Komaniecka, prof. UMCS

UMCS, Lublin

dr hab. Ewa Król, prof. UP	UP, Lublin
dr hab. Piotr Krupa, prof. UJD	UJD, Częstochowa
dr hab. inż. Teresa Krzyśko-Łupicka, prof. UO	UO, Opole
dr hab. Alicja Niewiadomska, prof. UP	UP, Poznań
dr hab. Ewa Skórzyńska-Polit, prof. KUL	KUL, Lublin
dr hab. Anna Szafranek-Nakonieczna, prof. KUL	KUL, Lublin
dr hab. Magdalena Szczech, prof. IO	IO, Skierniewice
dr hab. Mariusz Trytek, prof. UMCS	UMCS, Lublin
dr hab. Adrian Wiater, prof. UMCS	UMCS, Lublin
dr hab. Jerzy Wielbo, prof. UMCS	UMCS, Lublin
dr hab. Danuta Wojcieszewska, prof. UŚ	UŚ, Katowice
dr hab. Małgorzata Wójcik, prof. UMCS	UMCS, Lublin
dr hab. Agnieszka Wolińska, prof. KUL	KUL, Lublin
dr hab. Anna Gajda	IUNG-PIB Puławy
dr hab. Patrycja Golińska	UMK, Toruń
dr hab. Urszula Guzik	UŚ, Katowice
dr hab. Katarzyna Hupert-Kocurek	UŚ, Katowice

CEL KONFERENCJI

Konferencja ma na celu omówienie najważniejszych zagadnień mikrobiologicznych i ekologicznych, ocenę najnowszych technik badania mikroorganizmów oraz wymianę opinii o możliwości i skuteczności ich stosowania i udoskonalania.

Konferencja stwarza możliwość integracji specjalistów zajmujących się mikrobiologią, genetyką, ekologią mikroorganizmów środowiskowych oraz fitopatologią, ze szczególnym naciskiem na poznanie mikroorganizmów wszystkich środowisk, ich izolację i wykorzystanie w różnych dziedzinach biotechnologii, ochronie środowiska (utylicacji odpadów, bioługowaniu, tworzeniu bioenergii, bioremediacji środowisk zdegradowanych i skażonych) oraz rolnictwie (biokontroli i nawożeniu).

SPONSOR



Nasza firma Eurofins Genomics została założona w 1990 roku i jest częścią Eurofins Scientific Group, firmy zajmującej się naukami przyrodniczymi, posiadającej laboratoria w ponad 50 krajach i zatrudniającej ponad 50 000 pracowników. Jesteśmy międzynarodowym dostawcą usług genomicznych a do głównych linii biznesowych należą: sekwencjonowanie nowej generacji (m.in. analiza mikrobiomu, metagenomu, sekwencjonowanie genomowe czy analiza transkryptomu), sekwencjonowanie DNA metodą Sangera, synteza oligonukleotydów, syntezy genów i fragmentów genów. Działamy na całym świecie poprzez sieć ponad 600 utalentowanych pracowników przygotowanych do obsługi zarówno rynków wschodzących, jak i ustabilizowanych. Cały nasz zespół niestrudzenie pracuje nad ustanowieniem nowych standardów w świecie genomiki. Jeśli chcesz dowiedzieć się więcej o naszej ofercie, zapraszamy Cię odwiedzenia naszej strony internetowej i do kontaktu.

www.eurofinsgenomics.eu

Spis treści

Wykłady

Katarzyna Araucz, Dominika Fila, Dorota Kołodyńska, Jerzy Gęga, Zbigniew Hubicki Ługowanie jonów metali ciężkich ze szczególnym uwzględnieniem pierwiastków ziem rzadkich ze źródeł odpadowych	2
Iryna Bodnaruk, Katarzyna Kasperkiewicz, Zofia Piotrowska-Seget Pęcherzyki błony zewnętrznej bakterii Gram-ujemnych	3
Katarzyna Hrynkiewicz Endofity <i>Salicornia europaea</i> L.: różnorodność, funkcje, zastosowanie.....	4
Małgorzata Jędrzycka Aeromycologia rolnicza i medyczna - wczoraj, dziś i jutro.....	5
Nataliya Romanyuk, Orysia Makar Plants and Plant Growth Promoting Endophytes in Action.....	6
Piotr Sobiczewski Bakterie w środowisku roślin – wrogowie i sprzymierzeńcy	7

Referaty

Wiesław Barabasz, Anna Pikulicka Jak to z fermentacją było?.....	9
Anna Baturo-Cieśniewska, Katarzyna Patejuk, Wojciech Puszczyński Identyfikacja grzybów typu Ascomycota na podstawie sekwencji regionu ITS i genów metabolizmu podstawowego	11
Sławomir Borymski, Anna Markowicz, Anna Nowak, Sławomir Sułowicz Odpowiedź zespołów mikroorganizmów glebowych na nanocząstki cynku i miedzi w doświadczeniu typu mesocosm	12
Dominika Chmolewska, Alica Chroňáková, Mohammad Bahram, Szymon Zubek Zmiany w strukturze prokariotów i mikro-eukariotów w glebie po przeniesieniu wilgotnych łąk do terenu przemysłowego.....	13
Andrzej Dziuba, Tadeusz Krężelewski, Stefan Russel Mikrobiologiczne aspekty odzysku fosforu ze ścieków komunalnych	14
Iwona Komaniecka, Adam Choma, Andrzej Mazur, Kamil Żebracki, Katarzyna Suśniak, Justyna Seredyn, Patryk Wójcik, Anita Swatek Wielokierunkowa charakterystyka mutantu <i>Agrobacterium tumefaciens</i> C58 defektywnego w syntezie fosfatydyloetanolaminy	15
Beata Kowalska, Magdalena Szczech Jakość mikrobiologiczna zielonych warzyw liściowych dostępnych w polskich supermarketach.....	16

Agnieszka Nowak, Katarzyna Rupik, Urszula Guzik Wpływ wybranych jodowych środków kontrastowych na różnorodność funkcjonalną osadu czynnego	17
Monika Nowak, Sylwia Różalska Akumulacja i eliminacja insektycydu neonikotynoidowego – acetamiprydu przez grzyby entomopatogenne z rodzaju <i>Metarhizium</i>	18
Monika Nowak, Patrycja Szymajda, Sylwia Różalska Wpływ insektycydów chemicznych na żywotność grzybów entomopatogennych wyizolowanych z gleby	20
Ewa Oleńska, Valeria Imperato, Wanda Małek, Tadeusz Włostowski, Małgorzata Wójcik, Izabela Święcicka, Jaco Vangronsveld, Sofie Thijs Mikrobiom hodowalny ryzosfery i tkanek wegetatywnych konicyny białej zasiedlającej stare hałdy Zn-Pb-Cd południowej Polski	22
Magdalena Pacwa-Płociniczak, Agata Czopka, Sara Gobetti, Tomasz Płociniczak Fitoremediacja gleby ko-zanieczyszczonej metalami ciężkimi i węglowodorami wspomagana szczepem ZCR6 oraz dodatkiem mączki kostno-mięsnej	23
Agnieszka Richert, Urszula Jankiewicz, Grażyna B. Dąbrowska Ocena podatności na biodegradację folii z polilaktydu i polikaprolaktону zawierających dziegieć	24
Lidia Sas-Paszt, Paweł Trzcński, Sławomir Głuszek, Krzysztof Górnik, Anna Lisek, Edyta Derkowska, Beata Sumorok, Mateusz Frąc, Michał Przybył, Krzysztof Weszczak Zastosowanie pożytecznych mikroorganizmów w uprawach roślin ogrodnich ograniczających stosowanie chemicznych środków produkcji roślin	26
Anna Sikora Wieloetapowe systemy beztlenowego rozkładu biomasy od strony mikrobiologicznej i aplikacyjnej	28
Krzysztof Skowron, Karolina Jadwiga Skowron, Katarzyna Grudlewska-Buda, Natalia Wiktorczyk-Kapischke Promieniowa jonizacja katalityczna w walce z drobnoustrojami - aktualny stan wiedzy na podstawie badań własnych i dostępnego piśmiennictwa	29
Krzysztof Skowron, Karolina Jadwiga Skowron, Katarzyna Grudlewska-Buda, Natalia Wiktorczyk-Kapischke Procedura „challenge test” w produkcji żywności - studium przypadku <i>Listeria monocytogenes</i> wg wytycznych: EURL Lm TECHNICAL GUIDANCE DOCUMENT for conducting shelf-life studies on <i>Listeria monocytogenes</i> in ready-to-eat foods	30
Sławomir Sułowicz, Anna Markowicz, Mateusz Dulski, Anna Nowak, Sławomir Borymski Nanofungicydy a mikroorganizmy glebowe niebędące celem ich działania	31
Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski Właściwości biologiczne gleby zanieczyszczonej bisfenolem A, bisfenolem F i bisfenolem S	32

Referaty - sesja "Młodzi Naukowcy"

Alicja Blank

Zdolność do produkcji biofilmu wśród szczepów *Pseudomonas aeruginosa* 34

Paweł Foksiński

Czynniki wirulencji *Pseudomonas aeruginosa* 35

Aleksandra Góralczyk-Bińkowska, Andrzej Długoński, Przemysław Bernat, Anna Jasińska, Jerzy Długoński

Eliminacja amin aromatycznych z toksycznych odcieków składowiskowych przez mikroskopowego grzyba strzępkowego *Nectriella pironii* 36

Aleksandra Góralczyk-Bińkowska, Andrzej Długoński, Przemysław Bernat, Anna Jasińska, Jerzy Długoński

Ocena oporności grzyba *Nectriella pironii* IM 6443 wobec toksycznych odcieków składowiskowych 37

Bożena Kowalczyk, Katarzyna Pawlik, Jacek Tarasiuk, Marta Palusińska-Szys

Hopanoidy - jako marker diagnostyczny komórek *Legionella fallonii* 38

Monika Kozieł, Anna Gałązka

Porównanie profili wykorzystania substratów (test Biolog GenIII) przez zidentyfikowane genetycznie bakterie z rodzaju *Azotobacter* 39

Oliwia Metryka, Daniel Wasilkowski, Agnieszka Mrozik

Ocena przeciwdrobnoustrojowego działania inżynierskich nanomateriałów metalicznych 40

Michał Możejko, Justyna Bohacz, Teresa Kornilłowicz-Kowalska

Wpływ niektórych czynników ekologicznych na występowanie grzybów zasiedlających resztki keratynowe w glebie 41

Dominika Raś, Tomasz Wielkoszyński, Agnieszka Mrozik

Krętki *Borrelia burgdorferi* jako bakterie dwóch środowisk a diagnostyka laboratoryjna 42

Ewelina Sobolewska, Anna Koziróg, Anna Otlewska

Bakterie halofilne vs mikroorganizmy zanieczyszczające zboża 43

Magdalena Świecimska, Patrycja Golińska, Magdalena Wypij, Michael Goodfellow

Nowe gatunki promieniowców wyizolowane z kwaśnej gleby leśnej i ich aktywność przeciwbakteryjna i przeciwgrzybowa 45

Postery

Małgorzata Baćmaga, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski, Agata Borowik

Właściwości mikrobiologiczne i biochemiczne gleb Nadleśnictwa Stare Jabłonki 47

Artur Banach, Agnieszka Kuźniar, Anna Marzec-Grządziel, Anna Gałązka, Agnieszka Wolińska

Różnorodność funkcjonalna mikroorganizmów tworzących mikrobiom *Azolla filiculoides* L. 48

Jakub Baranek, Mateusz Pluskota, Adam Kaznowski, Justyna Wiland-Szymańska Aktywność owadobójcza izolatów <i>Bacillus thuringiensis</i> pozyskanych ze szklarni tropikalnych ogrodu botanicznego.....	49
Sandra Barańczyk, Adam Polilejko, Jonasz Strzoda, Zuzanna Zielińska, Zuzanna Jagiełło, Alejandro Lopez Garcia, Ryszard Koczura, Joanna Mokracka Plazmidowo kodowana oporność na kolistynę u szczepów <i>Enterobacterales</i> izolowanych od bociana białego (<i>Ciconia ciconia</i>) w Polsce i Hiszpanii.....	50
Justyna Bauza-Kaszewska, Barbara Breza-Boruta, Anna Piotrowska, Barbara Bereda Aktywność enzymatyczna tlenowych bakterii przetrwalnikujących izolowanych z różnych poziomów gleb uprawnych.....	51
Aleksandra Błachut Wpływ mutacji w sekwencji promotora genu <i>amiA</i> na wirulencję pałeczek <i>Salmonella</i> Enteritidis	52
Kalisa Bogati, Maciej Walczak Impact of drought stress on agricultural soil microbial communities and their enzyme activities	54
Justyna Bohacz, Małgorzata Majewska, Teresa Kornilowicz-Kowalska, Jolanta Jaroszuk-Ściśeł, Michał Możejko Zmiany aktywności i różnorodności metabolicznej mikroorganizmów glebowych po wprowadzeniu biopreparatu keratynowego	55
Edyta Boros-Lajsner, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski Wrażliwość bakterii glebowych oraz <i>Brassica napus</i> na działanie Ni^{2+} , Co^{2+} i Cd^{2+}	56
Agata Borowik, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski Reakcja mikrobiomu i wybranych gatunków traw na zanieczyszczenie gleby produktami ropopochodnymi	57
Barbara Breza-Boruta, Anna Piotrowska-Długosz, Jacek Długosz Aktywność mikrobiologiczna, enzymatyczna oraz właściwości chemiczne gleb zróżnicowanych typologicznie i intensywnie użytkowanych rolniczo	58
Daria Chlebek, Valeriia Grebtsova, Katarzyna Hupert-Kocurek <i>Serratia proteamaculans</i> KP32 w biokontroli grzybowych patogenów roślin .	59
Maria J. Chmiel, Aleksandra Jaracz, Gabriela Drzymała Zanieczyszczenie mikrobiologiczne powietrza sali ćwiczeń w normalnym trybie zajęć i po wprowadzeniu ograniczeń Covid19	60
Magdalena Frąc, Agata Gryta, Anna Piotrowska-Długosz Różnorodność genetyczna mikroorganizmów w profilu gleby płowej typowej pod uprawą pszenicy i lucerny	61
Karolina Furtak, Anna Gałązka Porównanie profilu metabolicznego mikroorganizmów glebowych w warunkach symulowanej powodzi oraz naturalnego zjawiska hydrologicznego	62

Anna Gałązka, Karolina Gawryjolek, Jarosław Grządziel, Jarosław Ciepiał, Anna Marzec-Grządziel, Marcin Przybyś, Janusz Smagacz Wpływ wieloletniego użytkowania słomy na mikrobiom gleby, potencjał metaboliczny i plon roślin.....	63
Anna Gałązka, Jarosław Grządziel, Anna Marzec-Grządziel, Łukasz Pawlik Aktywność mikrobiologiczna pod drzewami jako wskaźnik potencjalnego wietrzenia biologicznego i formowania gleby – w kierunku lepszego zrozumienia dynamiki systemu Ziemi	64
Anna Gałązka, Jarosław Grządziel, Jacek Niedźwiecki, Anna Marzec-Grządziel, Karolina Gawryjolek Bioróżnorodność bakterii i potencjał metaboliczny w ryzosferze olszy czarnej (<i>Alnus glutinosa</i>), brzozy brodawkowatej (<i>Betula pendula</i>) i sosny zwyczajnej (<i>Pinus sylvestris</i>) - Badania wstępne	65
Karolina Gawryjolek, Anna Gałązka, Jarosław Grządziel Identyfikacja genetyczna oraz charakterystyka potencjału metabolicznego szczepów bakterii wyizolowanych z ryzosfery roślin rosnących w niekorzystnych warunkach środowiska	66
Karolina Gawryjolek, Anna Gałązka, Karolina Furtak, Agnieszka Rutkowska Zawartość ogólnych oraz łatwoekstrahowalnych białek glebowych spokrewnionych z glomalinami w doświadczeniu z trzema bionawozami wzbogaconymi mikrobiologicznie w uprawie kukurydzy na ziarno	67
Hubert Głos, Artur Mikiciński, Katarzyna Góralska, Marcin Oleszczak, Joanna Puławska Pożyteczne mikroorganizmy jako nowa możliwość zwalczania szarej pleśni w uprawie winorośli	68
Martyna Godzieba, Olga Zając, Monika Żubrowska-Sudoł, Sławomir Ciesielski Porównanie populacji bakterii tworzących biofilm i osad czynny w reaktorze hybrydowym IFAS-MBSBBR.....	69
Katarzyna Góralska, Sylwia Marek, Małgorzata Hałat-Łaś, Marcin Oleszczak, Artur Mikiciński, Hubert Głos, Monika Michalecka, Magdalena Ptaszek, Piotr Sobiczewski, Joanna Puławska Mikroorganizmy wyzwaniem w procesie projektowania oraz formułowania bioproduktów	70
Urszula Guzik, Robert Surma, Danuta Wojcieszynska Wpływ immobilizacji komórek <i>Pseudomonas moorei</i> KB4 na degradację paracetamolu	71
Małgorzata Hałat-Łaś, Marcin Oleszczak, Magdalena Jopek, Ilona Kafel Ocena właściwości izolatów z rodzaju <i>Bacillus</i> i <i>Paenibacillus</i> potencjalnie przydatnych do stosowania w biopreparatach dedykowanych dla rolnictwa ...	72
Agnieszka Hanaka, Emilia Reszczyńska, Ewa Ozimek, Wiesław Gruszecki Modyfikacje białkowo-barwnikowe u fasoli wywołane obecnością szczepu <i>Serratia plymuthica</i>	73

Agnieszka Hanaka, Emilia Reszczyńska, Artur Nowak, Ewa Ozimek, Małgorzata Majewska, Sławomir Dresler, Jolanta Jaroszuk-Ścisiel Aktywność enzymów antyoksydacyjnych i zawartość kwasów organicznych w fasoli w obecności szczepu <i>Serratia plymuthica</i>	74
Jamal Harchi, Przemysław Charzyński, Aleksandra Burkowska-But, Maciej Walczak Bioróżnorodność funkcjonalna i aktywność mikroorganizmów w glebach skażonych siarką	75
Łukasz Jałowiecki, Jakub Hubeny, Monika Harnisz, Ewa Korzeniewska, Grażyna Płaza Strukturalna różnorodność mikrobiomu ścieków dopływających i odpływających z oczyszczalni ścieków oraz wód odbiornika: analiza metagenomu	76
Agnieszka Jamiolkowska, Barbara Skwaryło-Bednarz, Marek Kopacki, Weronika Kursa Laboratoryjna ocena warunków wzrostu wybranych izolatów <i>Colletotrichum coccodes</i> (Wallr.) Hughes, zasiedlających rośliny psiankowate	78
Daniel Jamrozik, Maja Wiśniewska, Ewelina Zelek, Weronika Borymska, Ilona Kaczmarczyk-Sedlak Olejki eteryczne stosowane przeciw patogennym mikroorganizmom skóry	79
Tomasz Janicki, Andrzej Długoński, Mariusz Krupiński, Jerzy Długoński Ekotoksykologiczna ocena procesów degradacji <i>p</i> -kumylofenolu, nonylofenolu i 4- <i>t</i> -oktylofenolu oraz fenoli lotnych obecnych w odciekach ze składowiska odpadów przez grzyb <i>Umbelopsis isabellina</i>	80
Wacław Jarecki Wpływ otoczkowania i/lub inokulacji nasion siewnych na plonowanie soi zwyczajnej	81
Wiktoria Jarecka, Aleksandra Walaszczyk, Andrzej Długoński, Przemysław Bernat, Katarzyna Paraszek Identyfikacja cyklicznych lipopeptydów wytwarzanych przez ryzosferowe szczepy <i>Bacillus</i> wyizolowane ze składowiska odpadów niebezpiecznych	82
Jolanta Joniec, Edyta Kwiatkowska, Cezary Kwiatkowski Ocena rocznego oddziaływania na środowisko glebowe podłoża popieczarkowego, przy użyciu wybranych parametrów aktywności enzymatycznej	83
Michał Kalita, Sylwia Wdowiak-Wróbel, Monika Marek-Kozaczuk, Wojciech Sokołowski Identyfikacja hodowalnej frakcji mikrobiomu brodawek korzeniowych <i>Trifolium rubens</i>	84
Monika Kałużna, Joël F. Pothier Kompletne sekwencje genomów i charakterystyka <i>Xanthomonas arboricola</i> , sprawcy bakteryjnej plamistości liści borówki amerykańskiej	85

Arletta Kochańska-Jeziorska, Urszula Jankiewicz, Magdalena Tarnawczyk, Łukasz Uzarowicz, Wojciech Kwasowski, Artur Pędziwiatr Różnorodność funkcjonalna zespołów mikroorganizmów w glebach technogenicznych Tatrzańskiego Parku Narodowego	87
Edyta Konecka, Agata Winnicka, Adam Kaznowski Aktywność owadobójcza mieszanin białek krystalicznych <i>Bacillus thuringiensis</i> z substancjami pochodzącymi z <i>Litsea cubeba</i>	88
Marek Kopacki, Barbara Skwaryło-Bednarz, Agnieszka Jamiołkowska, Joanna Pawłat Wpływ plazmy niskotemperaturowej na bioróżnorodność grzybów zasiedlających sadzonki wierzby <i>Salix</i> sp.....	89
Jacek Kozdrój, Krzysztof Frączek Identyfikacja bakterii w bioaerozolu z wykorzystaniem techniki MALDI-TOF MS	90
Adam Kubaczyński, Anna Walkiewicz, Anna Pytlak, Jarosław Grządziel, Anna Gałązka, Małgorzata Brzezińska Wpływ biowęgla na utlenianie metanu i strukturę społeczności bakterii metanotroficznych w glebie.....	91
Wojciech Filip Kucaj, Krystyna Cybulska Wpływ dodatku polepszacza glebowego na kiełkowanie i wczesny wzrost wybranych roślin	92
Maria Kurzylewska, Patrycja Madej, Karolina Pityńska, Katarzyna Dworaczek, Jolanta Kutkowska, Anna Turska- Szewczuk Fenotypowe i genotypowe podstawy mechanizmu Quorum Sensing (QS) u <i>Aeromonas</i> sp.....	93
Jolanta Kutkowska, Aleksandra Pomarańska, Joanna Kulik, Teresa Urbanik-Sypniewska Fitotosyczność środowiskowych szczepów <i>Escherichia coli</i>	94
Małgorzata Majewska, Agnieszka Hanaka, Anna Słomka Synteza sideroforów przez bakterie wyizolowane z gleb rejonu subpolarnego (testy <i>in vitro</i>).....	95
Małgorzata Majewska, Agnieszka Hanaka, Ewa Ozimek Solubilizacja fosforanu wapnia przez bakterie pochodzące z gleb rejonu subpolarnego	96
Dominika Grażyna Malarczyk, Jacek Panek, Magdalena Frąc Czy skład mykobiomu próbek roślin i gleby z plantacji truskawek jest identyczny dla odmian Honeoye, Aprica i Dipred?	97
Anna Marzec-Grządziel, Anna Gałązka, Karolina Furtak, Karolina Gawryjolek, Jarosław Grządziel Porównanie charakterystyki genetycznej i fenotypowej grzybów obecnych w ekosystemie leśnym i rolniczym	98

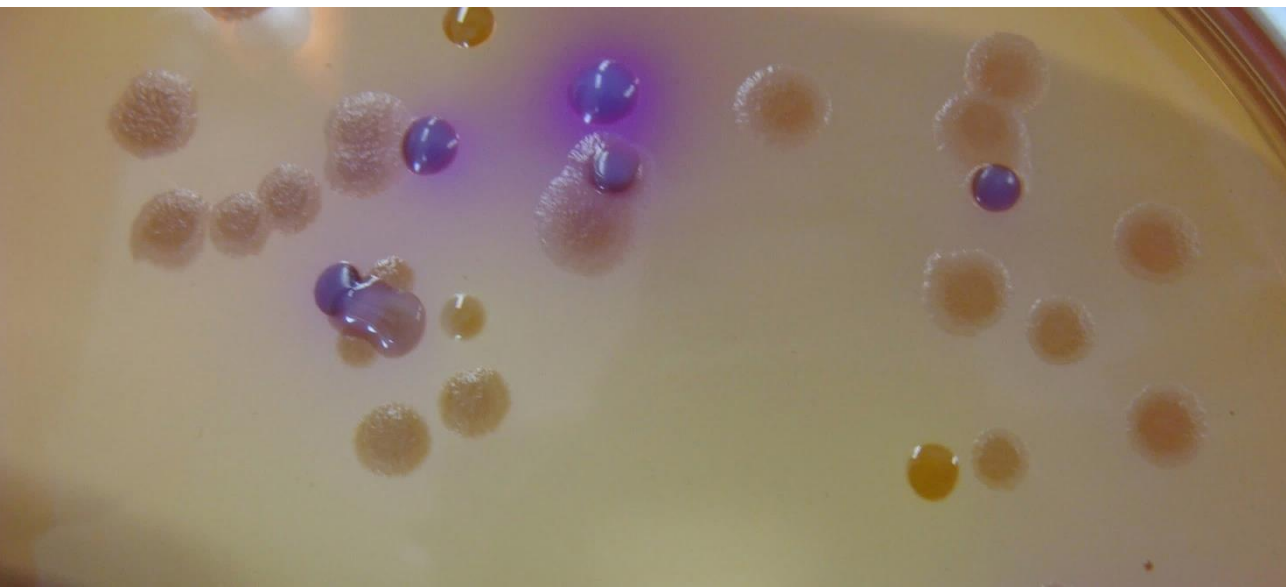
Mateusz Mącik, Agata Gryta, Lidia Sas-Paszt, Magdalena Frąć Zróżnicowanie funkcjonalne zbiorowisk grzybów w glebie zdegradowanej nawożonej fosforowym bionawozem	99
Artur Mikiciński, Hubert Głos, Joanna Puławska, Piotr Sobiczewski Uniwersalne właściwości bakterii antagonistycznych w ochronie jabłoni przed chorobami	100
Agnieszka Mocek-Płóćniak, Waldemar Spychalski, Artur Głowacki, Dariusz Kayzer Właściwości mikrobiologiczne i biochemiczne gleb ukształtowanych z gruntów pogórniczych	102
Alicja Niewiadomska, Hanna Sulewska, Agnieszka Wolna -Maruwka, Karolina Ratajczak, Dorota Swędryńska Wpływ biostymulatorów i nawozów dolistnych na parametry mikrobiologiczne i agronomiczne w uprawie łubinu białego (<i>Lupinus albus</i> L.)	103
Artur Nowak, Wiktoria Portka, Jolanta Jaroszuk-Ścisiel Metabolity mykopasożytniczego szczepu <i>Trichoderma koningiopsis</i> i fitopatogenicznego szczepu <i>Fusarium culmorum</i> w obecności metali ciężkich (Cd, Zn, Pb) w podłożu	104
Izabella Olejniczak, Ewa Górską, Dariusz Gozdowski, Paweł Boniecki, Edyta Hewelke, Anna Prędecka Wpływ pożarów pochodzenia antropogenicznego na wzajemne relacje między mikroorganizmami i mezofauną	105
Daria Olkiewicz, Maciej Walczak Wpływ aldehydu cynamonowego i geraniolu na aktywność metaboliczną <i>Staphylococcus aureus</i> i <i>Escherichia coli</i>	106
Karolina Oszust, Michał Pylak, Magdalena Frąć Biopreparat na bazie izolatów grzybów z rodzaju <i>Trichoderma</i> do naturalizacji ryzosfery malin	108
Ewa Ozimek, Jolanta Jaroszuk-Ścisiel, Justyna Bohacz, Agnieszka Hanaka, ¹ Małgorzata Majewska, Anna Słomka, Artur Nowak Określenie przynależności gatunkowej i aktywności metabolicznej szczepów <i>Mortierella antarctica</i>	109
Jacek Panek, Magdalena Frąć, Krzysztof Treder, Anna Pawłowska, Dorota Michałowska, Stefanie N. Vink, Joana Falcão Salles Wpływ suszy na zmiany mykobioty ryzosfery wybranych odmian ziemniaka	110
Anna Pastuszka, Iwona Komaniecka, Wojciech Sokołowski, Sylwia Wdowiak-Wróbel, Adam Choma Wstępne badania lipopolisacharydów bakterii metylotroficznych izolowanych z różnych gatunków roślin	111

Janusz Podleśny, Jerzy Wielbo, Anna Podleśna, Andrzej Perzyński, Karolina Smytkiewicz, Dominika Kidaj Ocena przydatności preparatu czynników Nod do usprawnienia procesu biologicznej redukcji azotu atmosferycznego.....	112
Adam Polilejko, Jonasz Strzoda, Julia Bilińska, Joanna Mokracka, Ryszard Koczura Integrony i geny oporności na antybiotyki bakterii obecnych w powietrzu miejskim	113
Michał Pylak, Karolina Oszust, Jacek Panek, Magdalena Frąć Zmiany mikrobioty glebowej w wyniku naturalizacji ryzosfery malin bakteriami wyizolowanymi z roślin dzikorosnących	114
Anna Pytlak , Agnieszka Kasprzycka, Anna Szafranek-Nakonieczna, Jarosław Grządziel, Adam Kubaczyński , Kinga Proc, Paulina Onopiuk, Anna Walkiewicz, Cezary Polakowski, Anna Gałązka , Justyna Lalak-Kańczugowska , Zofia Stępniewska , Andrzej Bieganski Wpływ biowęgla na produkcję metanu w procesie fermentacji wysłodków buraczanych	115
Kamila Rybczyńska-Tkaczyk Możliwość zastosowania immobilizowanej grzybni <i>Bjerkandera adusta</i> CCBAS 930 do usuwania antybiotyków antracyklinowych	116
Kacper Rygielski, Krystyna Cybulska Wpływ autoszczepienia gleby na zmiany ilości biomasy żywych mikroorganizmów	117
Ewa Sajnaga, Marcin Skowronek, Agnieszka Kalwasińska, Waldemar Kazimierczak, Magdalena Lis Charakterystyka mikrobioty jelitowej guniaka czerwczyka, <i>Amphimallon solstitiale</i> , pod kątem oporności na niczenie entomopatogeniczne	119
Marek Selwet Monitoring wybranych genów wirulencji u izolatów <i>Campylobacter</i> spp. pozyskanych od koni	121
Barbara Skwaryło-Bednarz, Agnieszka Jamiolkowska, Marek Kopacki Wpływ ołowi na aktywność dehydrogenaz w glebie pod uprawą amarantusa	122
Karolina Smytkiewicz, Janusz Podleśny, Jerzy Wielbo, Anna Podleśna, Dominika Kidaj Wpływ czynników Nod na parametry wymiany gazowej i plonowanie grochu siewnego	123
Justyna Starzyk, Marcin Spychała Efektywność oczyszczania ścieków bytowych z zastosowaniem filtra włókninowego.....	124
Anita Swatek, Katarzyna Broda , Maciej Wasilewski, Iwona Komaniecka, Katarzyna Kasperkiewicz, Zofia Seget-Piotrowska, Adam Choma Wstępna charakterystyka chemiczna LPS i lipidów błonowych z endofitycznych bakterii z rodzaju <i>Pseudomonas</i> i <i>Rhizobium</i>	125

Dorota Swędrzyńska, Arkadiusz Swędrzyński, Waldemar Zielewicz, Alicja Niewiadomska, Agnieszka Wolna-Maruwka Czy biostymulatory modyfikują aktywność enzymatyczną gleby?	126
Anna Szafranek-Nakoneczna, Anna Pytlak, Weronika Goraj, Ewelina Tokarz, Artur Banach, Andrzej Górski, Anna Sochaczewska, Danuta Urban Mikroorganizmy odpowiedzialne za degradację materii organicznej w profilu gleby torfowej	127
Katarzyna Szałabska-Rapała, Weronika Borymska, Ilona Kaczmarczyk-Sedlak Lignany roślinne a mikroorganizmy jelitowe – wzajemne oddziaływanie i potencjalne korzyści zdrowotne	128
Joanna Szumigaj-Tarnowska, Joanna Augustyniak, Zbigniew Uliński Typ ziemi okrywowej a patogeniczność <i>Pseudomonas tolaasii</i> w uprawie pieczarki.....	129
Magdalena Świecimska, Patrycja Golińska, Michael Goodfellow <i>Streptomyces</i> sp. nov. wyizolowany z osadu oceanu Antarktycznego i jego właściwości przeciwdrobnoustrojowe.....	130
Kinga Włodarczyk, Agnieszka Kuźniar, Jarosław Grządziel, Anna Gałązka, Agnieszka Wolińska Rozpoznanie mikrobiomu endofitów zasiedlających tkanki pszenicy orkiszowej (<i>Triticum spelta</i> L.)	131
Danuta Wojcieszewska, Joanna Żur, Urszula Guzik Wrażliwość wybranych szczepów bakterii na obecność diklofenaku w środowisku	132
Agnieszka Wolińska, Anna Gałązka, Jacek Podlewski Sezonowa zmienność aktywności funkcjonalnej mikroorganizmów zasiedlających osady denne Stawu Kardynalskiego w Ślesinie.....	133
Agnieszka Wolna-Maruwka, Alicja Niewiadomska, Tomasz Piechota, Aleksandra Grzyb, Dorota Swędrzyńska Wpływ nawozu organicznego na bazie biowęgla na strukturę społeczności bakteryjnej oraz plon kukurydzy (<i>Zea mays</i> L.)	134
Małgorzata Woźniak, Anna Gałązka Aktywność hydrolityczna bakterii eofitycznych roślin uprawnych i chwastów	135
Katarzyna Zamłyńska, Adam Choma, Dorota Samborska Wpływ <i>Methylobacterium oryzae</i> CBMB20 na wegetację <i>Arabidopsis thaliana</i>	136
Weronika Zenelt , Krzysztof Krawczyk, Natasza Borodynko-Filas Bioróżnorodność i zakres endofitycznych i fitopatogennych gatunków bakterii zidentyfikowanych w próbkach roślin badanych w laboratorium Kliniki Chorób Roślin.....	137

Joanna Żur-Pińska, Ariel Marchlewicz, Danuta Wojcieszynska, Urszula Guzik	
Indukcja stresu oksydacyjnego przez paracetamol - atypowy NLPZ.....	138

WYKŁADY



Ługowanie jonów metali ciężkich ze szczególnym uwzględnieniem pierwiastków ziem rzadkich ze źródeł odpadowych

Katarzyna Araucz¹, Dominika Fila¹, Dorota Kołodyńska¹, Jerzy Gęga²,
Zbigniew Hubicki¹

¹Instytut Nauk Chemicznych, Katedra Chemii Nieorganicznej, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Pl. Marii Curie-Skłodowskiej 2, 20-031 Lublin, ²Wydział Inżynierii Produkcji i Technologii Materiałów, Politechnika Częstochowska, Al. Armii Krajowej 19, 42-201 Częstochowa

Pierwiastki ziem rzadkich (REE), według Unii Europejskiej, należące do surowców krytycznych, są niezbędne w produkcji sprzętu elektrycznego i elektronicznego. Globalna sytuacja kryzysowa na rynku pierwiastków ziem rzadkich jest spowodowana szybkim rozwojem technologii elektronicznych oraz opanowaniem technologii pozyskiwania REE przez Chiny. Dlatego nadrzędnym celem pracy było określenie możliwości zastosowania komercyjnie dostępnych wymienników jonowych zawierających iminodietowe, aminofosfonowe, sulfonowe, fosfonowe i karboksylowe grupy funkcyjne oraz sorbentów typu low-cost w procesie sorpcji jonów metali wchodzących w skład akumulatorów nikielowo-wodorkowych (Ni-MH), takich jak m.in. La(III) i Ni(II) w środowisku kwasu azotowego(V) lub kwasu cytrynowego.

Projekt został sfinansowany ze środków NCBiR zgodnie z decyzją nr. POIR.04.01.01-00-0040/17-00.

Projekt zostały sfinansowane ze środków NCN zgodnie z decyzją nr 2019/35/N/ST8/01390.

Leaching of heavy metal ions with particular interest of rare earth elements from waste sources

According to the European Union, rare earth elements (REEs), which belong to the critical raw materials, are indispensable in the production of electrical and electronic equipment. The global REE crisis situation is caused by the rapid development of electronic technology and Chinese mastery of REE extraction market. Therefore, the main purpose was to determine the applicability of commercially available ion exchangers containing iminodiacetic, aminophosphonic, sulfonic, phosphonic or carboxyl functional groups and low-cost sorbents in the sorption process of metal ions, such as La(III) and Ni(II) ions, included in nickel-metal hydride (Ni-MH) batteries. The studies were carried out in the nitric(V) and citric acid media.

The project was financed by the NCBiR in accordance with the decision no. POIR.04.01.01-00-0040/17-00.

The project was financed by the NCN in accordance with the decision no. 2019/35/N/ST8/01390.

Pęcherzyki błony zewnętrznej bakterii Gram-ujemnych

Iryna Bodnaruk, Katarzyna Kasperkiewicz, Zofia Piotrowska-Seget

Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Śląski w Katowicach

Wszystkie bakterie Gram-ujemne uwalniają, ze swej powierzchni, do środowiska zewnątrzkomórkowego pęcherzyki (OMVs, *outer membrane vesicles*), których rozmiary mieszczą się w granicach 20-300 nm. Ich struktura jest ściśle uzależniona od budowy osłon komórkowych bakterii. OMVs zawierają białka (lipoproteiny, fosfolipazy, proteazy), fosfolipidy i lipopolisacharydy oraz peryplazmę. Produkcja pęcherzyków jest specyficzną strategią bakterii umożliwiającą im sekrecję białek, lipidów i kwasów nukleinowych. OMVs mogą uczestniczyć w formowaniu biofilmu, horyzontalnym transferze genów, odpowiedzi bakterii na stres, komunikacji pomiędzy bakteriami, transporcie toksyn i innych molekuł, immunomodulacji, łączeniu się z komórkami gospodarza i oporności bakterii na antybiotyki. Pęcherzyki mogą również transportować gatunkowo specyficzne cargo, do których zaliczamy związki sygnałowe oraz czynniki wirulencji. Wewnątrz pęcherzyków cargo jest chronione przed degradacją i uwalniane jest dopiero wtedy, gdy OMVs osiągną cel i są rozpoznane przez receptory na powierzchni komórek gospodarza. Poziom produkcji pęcherzyków jest różny i zależy od szczepu bakterii oraz czynników środowiska takich jak: temperatura, obecność antybiotyków i toksyn, dostępność tlenu oraz dostępność związków odżywczych. Celem naszego projektu jest ocena zdolności pęcherzyków produkowanych przez bakterie endofityczne do stymulowania indukowanej odpowiedzi systemicznej u roślin.

Badania finansowane są przez NCN w ramach projektu OPUS (2020/37/B/NZ8/00855)

Outer membrane of Gram-negative bacteria

All Gram-negative bacteria constitutively release outer membrane vesicles (OMVs), ranging in size from 20 nm to 300 nm in diameter, into the extracellular milieu. Their structure is closely connected to the architecture of cell envelope. OMVs contain proteins (lipoproteins, phospholipases, proteases), phospholipids, lipopolysaccharides and encapsulated periplasm. Vesiculation represent one of the bacterial strategies which enables the secretion of proteins, lipids and nucleic acids. OMVs might be also involved in biofilm formation, horizontal gene transfer, stress response, intra- and interspecies communication, the delivery of toxins and other biomolecules, immunomodulation, adherence to host cells, and resistance to antibiotics. OMVs may carry a strain-specific cargo which might include signaling molecules and virulence factors. Inside the vesicles, the cargo is protected from degradation until reaching the target site where OMVs surface structures may be recognized by receptors. The levels of OMVs formation differ depending on the strain and growth conditions, such as variations in temperature, exposure to antibiotics, toxins, the presence of oxygen, and nutrient availability. The aim of our project is to assess the ability of OMVs to trigger induced systematic resistance in plants, which remains an open question.

The project is financed by NCN in a frame of OPUS (2020/37/B/NZ8/00855)

Endofity *Salicornia europaea* L.: różnorodność, funkcje, zastosowanie

Katarzyna Hrynkiewicz

Katedra Mikrobiologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Salicornia europaea (herbacea) L. (Amaranthaceae) należy do obligatoryjnych halofitów gromadzących sól w swoich tkankach i cieszy się ogromnym zainteresowaniem ze względu na swoje unikalne właściwości i możliwości zastosowania w praktyce. Halofity rozwinęły wiele podstawowych mechanizmów adaptacyjnych, które pozwalają na ich wzrost i rozwój na terenach charakteryzujących się wysokim zasoleniem. Wtórnymi mechanizmami, które mogą łagodzić stres solny u roślin w niesprzyjających warunkach, mogą być związane z nimi endofity i tworzone przez nie unikalne mikrobiomy. Bliska interakcja endofitów i roślin może bezpośrednio wpływać na właściwości gospodarza roślinnego, szczególnie w warunkach stresowych. Wymienione powyżej aspekty badawcze są szczegółowo badane przez pracowników naukowych naszego zespołu, którzy wybrali *S. europaea* jako gatunek modelowy do badania mechanizmów tolerancji na zasolenie w aspekcie jej mikrobiomu i zastosowania endofitów w nowoczesnym rolnictwie.

Badania zostały sfinansowane z projektu Narodowego Centrum Nauki (DEC-2012/07/B/NZ9/01801 i DEC-2019/33/B/NZ9/02803) oraz programu European Union's Horizon 2020 research and innovation, Marie Skłodowska-Curie (No. 676480).

Endophytes of *Salicornia europaea* L.: diversity, functions and applications

Salicornia europaea (herbacea) L. (Amaranthaceae) is one of the obligatory halophytes that accumulate salt in their tissues and is very popular due to its unique properties and practical application. Halophytes have developed many basic adaptation mechanisms that allow them to grow and develop in areas characterized by high salinity. Secondary mechanisms that can alleviate salt stress in plants under unfavorable conditions may be endophytes associated with them and their unique microbiomes. The close interaction of endophytes and plants can directly influence the properties of the plant host, especially under stressful conditions. The above-mentioned research aspects are studied in detail by the scientists of our team, who chose *S. europaea* as a model species to study the mechanisms of salinity tolerance in terms of its microbiome and the use of endophytes in modern agriculture.

This study was financially supported by a grant from the National Science Centre (Poland) (DEC-2012/07/B/NZ9/01801 and DEC-2019/33/B/NZ9/02803) and from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under the Marie Skłodowska-Curie grant agreement No. 676480.

Aeromykologia rolnicza i medyczna - wczoraj, dziś i jutro

Małgorzata Jędryczka

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań

Celem prezentacji jest przybliżenie historii rozwoju nauk aerobiologicznych, w tym szczególnie badań związanych z przemieszczaniem się w powietrzu zarodników grzybów stanowiących zagrożenie dla zdrowia ludzi i roślin uprawnych. Procesy chorobowe w dużej mierze zależą od warunków infekcji, w tym pogody, i są w związku z tym zmienne w czasie i przestrzeni. Wizualizacja stanu obecnego oraz zmian stężenia zarodników w powietrzu możliwa jest dzięki wykorzystaniu odpowiedniego sprzętu, dedykowanego do badań aeromykologicznych, takich jak pułapki typu Hirsta (Burkard, Lanzoni), Chemvoll, MicroBio, Taubera, pułapki typu cyklon lub modele wirnikowe, i wiele innych. W zależności od celu doświadczenia i przewidywanego stężenia patogenów w powietrzu do poszczególnych badań stosowane są różne rodzaje pułapek. Współcześnie działające modele wykorzystują detekcję kwasów nukleinowych lub białek (pułapki serologiczne). Podczas prelekcji zapoznamy się z warsztatem aeromykologa oraz wynikami najnowszych badań, prowadzonych obecnie w różnych lokalizacjach na świecie.

Agricultural and medical aeromycology - yesterday, today and tomorrow

The aim of the presentation is to show the history of the development of aerobiological sciences, especially research related to the movement of fungal spores in the air, which pose a threat to human health and agricultural crops. Disease progress largely depends on the conditions of infection, including weather, and therefore it is variable in time and space. Visualization of the current state and changes in the concentration of spores in the air is possible due to the use of appropriate equipment, dedicated to aeromycological studies, such as Hirst-type traps (Burkard, Lanzoni), Chemvoll, MicroBio, Tauber, cyclone, rotorod traps, and many others. Depending on the purpose of the research and the expected concentration of fungal spores in the air the traps chosen for particular studies use different modes of operation. Modern samplers are usually based on the detection of nucleic acids or proteins (serological traps). During the lecture the listeners will get acquainted with the methods used for different aerobiological studies. There will be also examples of the latest research results in the aeromycological studies that are currently carried out at various locations around the world.

Plants and Plant Growth Promoting Endophytes in Action

Nataliya Romanyuk, Orysia Makar

Plant Physiology and Ecology Department, Ivan Franko National University of Lviv

Plant growth promoting (PGP) endophytic microorganisms, bacteria and fungi, called „plant probiotics”, are widely accepted as biofertilizers, biostimulants, and biocontrol agents. As a result of a long-term plant-microbial co-evolution, the bacterial PGP endophytes possess ability to improve plant mineral nutrition (nitrogen, phosphate, zinc, and other essential elements), water uptake, increase biotic and abiotic stress tolerance. In recent years, the use of PGP microorganisms for enhancing grains mineral nutritional quality (biofortification) in stable crops, such as wheat, maize, rice, has attracted much attention. The PGP endophytes 1) produce essential phytohormones (indoleacetic acid (IAA), cytokinins (CTK), gibberellins (GA), abscisic acid (ABA)), and melatonin; 2) improve signal transduction, modulate ethylene biosynthesis; 3) produce antibiotics, lipopeptides, volatile compounds; 4) produce siderophores, hydrolytic enzymes etc. Up to now the majority of commercial bacterial products are composed of *Pseudomonas* and *Bacillus* cultured strains, efficacy as biocontrol agent for *Pantoea* is under considerable attention. Advances in high-throughput sequencing technologies (especially, simultaneous dual transcriptome analysis) and culture-dependent methods provide valuable information about microbial diversity and functionality of plant-associated endophytic communities, it is a predisposition to develop new technologies based on their commercial application.

Bakterie w środowisku roślin – wrogowie i sprzymierzeńcy

Piotr Sobiczewski

Instytut Ogrodnictwa - Państwowy Instytut Badawczy, 96-100 Skierniewice

Mikrobiom środowiska roślin, w skład którego wchodzi m.in. bakterie, jest determinowany zarówno pod względem jakościowym, jak i ilościowym warunkami występującymi w danym ekosystemie. Spośród poznanych dotychczas ponad 10000 hodowlanych gatunków bakterii ponad 150 powoduje choroby roślin. Ze względu na ich objawy fitopatogeny bakteryjne dzieli się na nekrogeny, macerogeny i onkogeny. Niektóre z nich wykazują także zdolność zakażenia organizmów spoza królestwa roślin, w tym człowieka. Poważnym zagrożeniem jest także kontaminacja roślin i gleby przez wyłączone patogeny człowieka i/lub zwierząt. Są to głównie bakterie jelitowe. W środowisku roślin występują również bakterie korzystnie oddziałujące na ich zdrowotność, wzrost i plonowanie. Bakterie takie dysponują mechanizmami, które umożliwiają bezpośrednie i/lub pośrednie ograniczanie sprawców chorób, wykazując wobec nich aktywność antagonistyczną, a możliwie także indukując odporność roślin na porażenie. Ich zastosowanie w praktyce wymaga jednak przeprowadzenia szczegółowych badań, bowiem nawet te same szczepy mogą korzystnie oddziaływać na rośliny, a jednocześnie stanowić różnego rodzaju zagrożenia. I chociaż ochrona roślin metodą biologiczną jest obiecującą perspektywą, to ważne jest, aby mieć w polu widzenia jej możliwy, bezpośredni lub pośredni, negatywny wpływ na środowisko i zdrowie ludzi.

Bacteria in the plant environment - enemies and allies

The microbiome of the plant environment, which includes, among others bacteria, is determined both qualitatively and quantitatively by the conditions in a given ecosystem. Of more than 10,000 cultivable species of bacteria known so far, more than 150 cause plant diseases. Bacterial phytopathogens are divided into necrogens, macerogens and oncogenes according to the symptoms they induce in plants. However, some of them are also capable of infecting organisms outside the plant kingdom, including humans. Contamination of plants and soil by the exclusive human and/or animal pathogens is also a serious threat, particularly as they are mainly intestinal bacteria. Nevertheless, there are also some bacteria living in the plant environment that have a beneficial effect on plants health, growth and yield. These bacteria possess mechanisms that allow the direct and/ or indirect control of disease agents, showing antagonistic activity and possibly inducing mechanisms of plant resistance against pathogens' infection. Their use in practice as biological plant protection agents, however, requires in-depth research, since the same strain inducing a beneficial effect on plants can pose various types of threats. Although biological plant protection is a promising prospect, it is important to have possible direct or indirect negative effects on the environment and human health in the field of view.

REFERATY



Jak to z fermentacją było?

Wiesław Barabasz, Anna Pikulicka

Państwowa Wyższa Szkoła Wschodnioeuropejska w Przemyślu

Proces fermentacji jako zjawisko znane było ludzkości od zamierzchłych czasów, ale jego istotę poznano dopiero w drugiej połowie XIX w., za sprawą L. Pasteura, chociaż zainteresowanie tym procesem było bardzo duże. Jednym z najwcześniej wykorzystywanych procesów była fermentacja ciasta chlebowego, sporządzanego z różnych gatunków mąki, którą stosowali już Egipcjanie (2600 lat p.n.e.). Grecy (a wcześniej ludy Kaukazu) stosowali procesy fermentacyjne do produkcji wina. Ślady winiarstwa napotyka się również w Egipcie, czego dowodem są malowidła ściennie z czasów IV dynastii (2900 lat p.n.e.) przedstawiające grona winne i prace w winnicach. Molekularne dowody archeologiczne na wytwarzanie fermentowanych napoi datuje się na 7000 lat p.n.e., choć proces fermentacji cukrów z udziałem drożdży został naukowo udowodniony dopiero w 1860 r. Pierwszym człowiekiem, który miał okazję lepiej przyjrzeć się drożdżom był Antonie Philips van Leeuwenhoek (1632-1723), który obserwował te mikroby pod mikroskopem i opisał je jako skupiska kulistych ciał o jednakowych rozmiarach. Francuski chemik Antoine Laurent de Lavoisier (1743-1794) odkrył, że w wyniku reakcji fermentacji alkoholowej cukry zawarte w cieczy zostają zamienione na alkohol etylowy oraz dwutlenek węgla. To on także w 1789 roku ogłosił, że cząstki cukrów składają się z: wodoru, tlenu i węgla. Duże zasługi w rozwiązaniu zagadki fermentacji wnieśli: Joseph Louis Gay-Lussac, Charles Cagniard de la Tour, Friedrich Traugott Kützing, Theodor Schwann. Jako żywy organizm drożdże zidentyfikowano dopiero w roku 1837. Niezależnie od siebie zgłosili taką hipotezę Francuz Charles Cagniard Latour i Niemiec Theodor Schwann, który nazwał drożdże „cukrowymi grzybami” (Zuckerpilz), skąd ich dzisiejsza taksonomiczna nazwa - *Saccharomyces*. Warto jednak wspomnieć o tym, że owe epokowe odkrycie spotkało się także z głosami krytyki. Do najbardziej zagorzałych krytyków teorii głoszącej, że drożdże to żywe organizmy, a nie substancja chemiczna należeli: Justus von Liebig (1803-1873), Friedrich Wöhler (1800-1882) oraz Jöns Jacob Berzelius (1779-1848). Trwający rozłam w świecie nauki, który dotyczył istoty drożdży został ostatecznie zażegnany dzięki badaniom Ludwika Pasteura (1822-1895), który w 1858 r. w sposób jednoznaczny wyjaśnił czym są drożdże oraz rolę, jaką odgrywają w procesie przemiany cukrów w alkohol etylowy. Wielowiekowe doświadczenia w produkcji wina, piwa i wypieku chleba oraz późniejszy rozwój nauki i techniki złożyły się na dzisiejsze nowoczesne technologie fermentacyjne w wielu dziedzinach przemysłu. Obecnie na szeroką skalę stosowane są procesy fermentacyjne w: winiarstwie, piwowarstwie, gorzelnictwie, przemyśle octowym, drożdżowym, rolnictwie, ochronie środowiska, biotechnologii i farmacji. Współcześnie proces fermentacji określa się jako: „Cykl przemian katabolicznych, przebiegających w komórkach mikroorganizmów przy udziale enzymów, w wyniku czego substrat węglowy podlega ograniczonemu utlenianiu”. Tak pojmowana fermentacja obejmuje zarówno procesy beztlenowe (fermentacja alkoholowa, mlekowa i in.), jak i tlenowe (fermentacja octowa, cytrynianowa).

How was it with fermentation?

The fermentation process as a phenomenon has been known to mankind since ancient times, but its essence was known only in the second half of the nineteenth century, thanks to L. Pasteur, although the interest in this process was very high. One of the earliest processes used was the fermentation of bread dough, made from various types of flour, already used by the Egyptians (2600 BC). The Greeks (and the peoples of the Caucasus before that) used fermentation processes to produce wine. Traces of winemaking are also found in Egypt, as evidenced by wall paintings from the 4th Dynasty (2900 BC) depicting grape grapes and work in vineyards. Molecular archaeological evidence for the production of fermented beverages dates back to 7000 BC, although the yeast fermentation of sugars was not scientifically proven until 1860. The first man to get a closer look at yeast was Antonie Philips van Leeuwenhoek (1632-1723), who observed these microbes under a microscope and described them as clusters of spherical bodies of equal size. French chemist Antoine Laurent de Lavoisier (1743-1794) discovered that as a result of alcoholic fermentation, the sugars in the liquid are converted into ethyl alcohol and carbon dioxide. It was he who also announced in 1789 that sugar particles were composed of: hydrogen, oxygen and carbon. Great contributions to solving the mystery of fermentation were made by: Joseph Louis Gay-Lussac, Charles Cagniard de la Tour, Friedrich Traugott Kützing, Theodor Schwann. The yeast was identified as a living organism only in 1837. Such a hypothesis was put forward independently by the French Charles Cagniard Latour and the German Theodor Schwann, who called the yeast "sugar mushrooms" (Zuckerpilz), from which their current taxonomic name - *Saccharomyces*. It is worth mentioning, however, that this epochal discovery also met with criticism. Among the most staunch critics of the theory that yeasts are living organisms, not a chemical, were Justus von Liebig (1803-1873), Friedrich Wöhler (1800-1882), and Jöns Jacob Berzelius (1779-1848). The ongoing split in the world of science, which concerned the essence of yeast, was finally resolved thanks to the research of Ludwik Pasteur (1822-1895), who in 1858 clearly explained what yeast is and the role it plays in the process of converting sugars into ethyl alcohol. Centuries of experience in the production of wine, beer and bread baking as well as the subsequent development of science and technology have contributed to today's modern fermentation technologies in many industries. Currently, fermentation processes are used on a large scale in: winemaking, brewing, distilling, vinegar, yeast, agriculture, environmental protection, biotechnology and pharmacy. Nowadays, the fermentation process is described as: "The cycle of catabolic changes taking place in the cells of microorganisms with the participation of enzymes, as a result of which the carbon substrate is subject to limited oxidation". Fermentation understood in this way includes both anaerobic (alcoholic, lactic, etc.) and aerobic (acetic, citrate fermentation) processes.

Identyfikacja grzybów typu Ascomycota na podstawie sekwencji regionu ITS i genów metabolizmu podstawowego

Anna Baturo-Cieśniewska¹, Katarzyna Patejuk², Wojciech Pusz²

¹ Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy, Pracownia Mykologii Molekularnej, Fitopatologii i Entomologii, Al. prof. S. Kaliskiego 7, 85-796 Bydgoszcz

² Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Zakład Fitopatologii i Mykologii, pl. Grunwaldzki 24a, 50-363 Wrocław

Region ITS jest uważany za formalny, pierwotny ‘barcode’ grzybów pozwalający na prawidłową identyfikację szerokiej grupy gatunków. Nie jest on jednakowo zmienny u wszystkich grzybów, co sprawia, że niekiedy identyfikacja jest problematyczna i prowadzi do uzyskania niejednoznacznych wyników szczególnie w przypadku przedstawicieli licznych gatunkowo rodzajów Ascomycota. Pomimo niedoskonałości, analiza sekwencji ITS jest powszechnie wykorzystywana do określania wielu gatunków grzybów ze względu na stosunkową łatwość analiz i dostępność bogatego materiału porównawczego w GenBank.

Z uwagi na fakt, że wiarygodna identyfikacja przedstawicieli Ascomycota jest niezbędna np. w określaniu gatunków występujących w środowisku, czy zasiedlających rośliny, celem badań było wykazanie na konkretnych przykładach, w jakim stopniu analiza regionu ITS jest użyteczna i pomocna w identyfikacji patogenów i saprotrofów, jakie problemy wiążą się z nią w praktyce oraz jakie są możliwości ich rozwiązywania np. dzięki analizie sekwencji genów metabolizmu podstawowego.

Identification of Ascomycota fungi based on the sequence of ITS region and genes of primary metabolism

The ITS region is considered to be the formal, primary 'barcode' of fungi allowing the correct identification of a wide group of species. It is not uniformly variable for all fungi, which makes identification sometimes problematic and leads to inconclusive results, especially in some species-rich genera of Ascomycota. Despite its imperfections, ITS sequence analysis is widely used to identify many fungal species due to the relative ease of analysis and the availability of extensive reference material in GenBank.

Due to the fact that reliable identification of Ascomycota representatives is necessary, e.g. in determining species occurring in the environment or inhabiting plants, the aim of the studies was to show on specific examples, to what extent the analysis of the ITS region is useful and helpful in the identification of pathogens and saprotrophs, which problems are associated with it in practice and what are the possibilities of solving them, e.g. thanks to the analysis of the sequence of basic metabolism genes.

Odpowiedź zespołów mikroorganizmów glebowych na nanocząstki cynku i miedzi w doświadczeniu typu mesocosm

Sławomir Borymski¹, Anna Markowicz¹, Anna Nowak², Sławomir Sułowicz¹

¹Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk Przyrodniczych, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Zespół Nano-Mikrobiologii, Jagiellońska 28, 40-032 Katowice; ²Polska Akademia Nauk, Instytut Fizyki Jądrowej, Radzikowskiego 152, 31-342 Kraków

Powszechne stosowanie nanocząstek metali prowadzi do ich kumulacji w środowisku, gdzie mogą stać się zagrożeniem dla organizmów nie będących celem ich działania.

Celem badań było określenie wpływu nanocząstek ZnO_{10-30 nm} oraz CuO_{20-50 nm} w stężeniach 100 i 1000 mg kg⁻¹ gleby, na bioróżnorodność zespołów mikroorganizmów glebowych w układach typu mesocosm.

Mierzona za pomocą markerowych fosfolipidowych kwasów tłuszczowych (PLFA) bioróżnorodność strukturalna zespołów mikroorganizmów ulegała silnym zmianom, szczególnie w obecności CuO_{20-50 nm}. Efekty te były związane z modyfikacjami stosunku markerów bakterii Gram-dodatnich i Gram-ujemnych. Badania bioróżnorodności funkcjonalnej ujawniły utrzymujący się w czasie wpływ najwyższego stężenia obu nanomateriałów na bioróżnorodność frakcji grzybowej, mierzonej na płytkach FF. Z kolei bioróżnorodność funkcjonalna zespołów bakterii, mierzona na płytkach Eco, ukazała wyraźne różnice przy najwyższym stężeniu CuO_{20-50 nm} w pierwszym dniu doświadczenia, które jednak zacierają się w czasie.

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

Response of soil microbial communities to zinc and copper nanoparticles in a nanocosm experiment

A widespread use metal nanoparticles (NP) leads to their accumulation in the environment where they pose a threat to non-target organisms.

The aim of the research was to assess the impact of ZnO_{10-30 nm} and CuO_{20-50 nm} nanoparticles in the concentrations of 100 and 1000 mg kg⁻¹ soil, on microbial communities in the mesocosm experiment.

The impact on the structure of microbial communities measured with the phospholipid biomarkers (PLFA) was prominent, mainly with regard to CuO_{20-50 nm}, which turned out to have the greatest effect on the ratio of Gram-positive to Gram-negative bacteria PLFA biomarkers. The analysis of the functional microbial biodiversity revealed a persistent effect of both nanomaterials on the fungal fraction measured with FF microplates, especially at the highest NP concentrations. Meanwhile, the functional biodiversity of bacterial communities measured with EcoPlates showed prominent differences mostly with regard to the highest concentration of CuO_{20-50 nm} on day 1 of the experiment, which faded away with time.

The research was funded by the Research Excellence Initiative programme at the University of Silesia in Katowice.

Zmiany w strukturze prokariotów i mikro-eukariotów w glebie po przeniesieniu wilgotnych łąk do terenu przemysłowego

Dominika Chmolewska^{1,2}, Alica Chroňáková³, Mohammad Bahram⁴,
Szymon Zubek⁵

¹ Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt, Polska Akademia Nauk, Sławkowska 17, 31-016 Kraków; chmolewska@isez.pan.krakow.pl; ² Zakład Ekologii, Biogeochemii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Wrocławski, Kanonia 6/8, 50-328 Wrocław; ³ Instytut Biologii Gleby, Centrum Biologiczne CzAN, Na Sádákách 7, 37005, Czeskie Budziejowice, Czechy; ⁴ Instytut Ekologii i Nauk o Zimii, Uniwersytet w Tartu, Tartu, Estonia; ⁵ Instytut Botaniki, Uniwersytet Jagielloński, Gronostajowa 3, 30-387 Kraków

Zbadano skład mikroorganizmów w glebie trzech łąk przeniesionych z terenu budowy do opuszczonego kamieniołomu, za pomocą sekwencjonowania zamplifikowanego DNA bakterii, archeontów, grzybów, jednokomórkowych glonów i mikrofauny. Określono także zawartość bakteryjnych i archaealnych kopii genu monooksygenazy (*amoA*) z wykorzystaniem qPCR. Struktura zespołów mikroorganizmów zmieniła się, głównie ze względu na lekką acydyfikację gleby. Jednak niemierzone cechy, napowietrzenie gleby i osuszanie, mogły uwarunkować zmiany. Liczba kopii genu *amoA* wzrosła, głównie za sprawą aktywacji bakterii, w których liczba kopii genu wzrosła 10-krotnie w ciągu dwóch lat od przeniesienia. Natomiast wśród grzybów, wzrósł udział saprotrofów (Chmolewska et al. Shifts in..., złożone do JApplEcol).

Badania częściowo sfinansowane dzięki stypendium EMBO (STF7618) oraz współpracy bilateralnej Polskiej Akademii Nauk z Czeską Akademią Nauk i Estońską Akademią Nauk.

Changes in soil prokaryotic and microeukaryotic communities following a translocation of wet meadows to post-industrial land

Turf was translocated from a build-up area to an abandoned quarry. Three *Molinion* meadows were monitored for three seasons: just before the translocation and for two years afterwards. The composition of soil bacteria, archaea, fungi, unicellular algae and microfauna was examined using a barcoded amplification of the soil DNA followed by Illumina sequencing. In addition, the bacterial and archaeal ammonia monooxygenase gene (*amoA*) copy numbers were quantified using qPCR. The structure of microbial communities has changed, mainly due to the slight acidification of soil. However, the soil properties, which we did not measure, aeration and dehydration, could have played a primary role. The number of *amoA* gene copies has risen, mainly due to the activation of bacteria, in which the number of gene copies increased 10-fold in two years. Within the fungal population, contribution of saprotrophs increased (Chmolewska et al. Shifts in..., złożone do JApplEcol).

This work was partially supported by EMBO [short-time fellowship STF7618], and Bilateral Cooperation of Polish Academy of Sciences with Czech Academy of Sciences and with Estonian Academy of Sciences.

Mikrobiologiczne aspekty odzysku fosforu ze ścieków komunalnych

Andrzej Dziuba*, Tadeusz Krężelewski*, Stefan Russel**

*KREVOX Europejskie Centrum Ekologiczne, **Uczelnia Społeczno-Medyczna w Warszawie

Fosfor jest pierwiastkiem niezbędnym do wzrostu i rozwoju wszystkich organizmów żywych. Duże ilości związków fosforu wykorzystuje się w rolnictwie do produkcji nawozów i pasz; Zapotrzebowanie rolnictwa na kwas fosforowy stale wzrasta natomiast zasoby fosforytów, surowców do jego produkcji są na kuli ziemskiej ograniczone. Badania wykazały, że ścieki komunalne są bogatym źródłem fosforu. W procesie oczyszczania ścieków w warunkach beztlenowych następuje zmożona mikrobiologiczna akumulacja fosforu w postaci polifosforanów w kłaczkach osadu przez bakterie z rodzajów *Acinetobacter* sp., *Pseudomonas* sp., *Aeromonas* sp., *Arthrobacter* sp., *Bacillus* sp i *Microthrix* sp..

W Polsce badania pilotowe odzysku fosforu z odcieków ze składowisk i oczyszczalni ścieków w formie minerału zwanego struwitem (fosforan magnezowo amonowy) prowadzi firma Krevox wspólnie z Europejską Fundacją Środowiskową stosując technologię kanadyjskiej firmy Ostara. Struwit wykorzystywany jest następnie do produkcji najwyższej jakości nawozu występującego na światowych rynkach pod nazwą handlową Crystal Green.

Microbiological aspects of removal phosphorus from waste water

Phosphorus is an element necessary for the growth and development of all living organisms. Large amounts of phosphorus compounds are used in agriculture for the production of fertilizers and feed; Agriculture demand for phosphoric acid is constantly increasing, while the resources of phosphate rock, raw materials for its production on the globe are limited. Studies have shown that urban waste water is a rich source of phosphorus. In the process of wastewater treatment under anaerobic conditions, microbiological accumulation of phosphorus in the form of polyphosphates in sludge flocs occurs by bacteria of the genera *Acinetobacter* sp., *Pseudomonas* sp., *Aeromonas* sp., *Arthrobacter* sp., *Bacillus* sp. And *Microthrix* sp.

In Poland, pilot research on the recovery of phosphorus from leachate and sewage treatment plants in the form of a mineral called struvite (magnesium ammonium phosphate) is carried out by Krevox together with the European Environmental Foundation using the technology of the Canadian company Ostara. Struwit is used to produce the highest quality fertilizer found on global markets under the Crystal Green trade name.

Wielokierunkowa charakterystyka mutantu *Agrobacterium tumefaciens* C58 defektywnego w syntezie fosfatydyloetanolaminy

Iwona Komaniecka, Adam Choma, Andrzej Mazur, Kamil Żebracki, Katarzyna Suśniak, Justyna Seredyn, Patryk Wójcik, Anita Swatek

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

Agrobacterium tumefaciens to patogen głównie roślin dwuliściennych, który powoduje powstawanie na ich łodygach i korzeniach guzowatych narośli (tumorów). Na właściwości chorobotwórcze tych Gram-ujemnych bakterii ma wpływ struktura membrany zewnętrznej, w tym: budowa lipopolisacharydu i skład lipidów błonowych. Brak możliwości syntezy fosfatydylocholiny skutkuje obniżeniem wirulencji szczepów, natomiast mutanty niezdolne do syntezy lipidów ornitynowych są bardziej wirulentne w porównaniu do szczepu dzikiego. Brak jest danych literaturowych dotyczących wpływu głównego fosfolipidu błonowego - fosfatydyloetanolaminy (PE) na zachowanie się *A. tumefaciens* w środowisku.

Otrzymany mutant w genie syntazy fosfatydozeryny (*pssA*) w szlaku syntezy PE, produkuje znacznie więcej kardiolipiny, fosfatydyloglicerolu i lipidu ornitynowego w porównaniu ze szczepem dzikim. Profil lipidowy mutantu zbadano przy użyciu technik chromatografii cienkowarstwowej oraz spektrometrii mas. Przeanalizowano również właściwości fizjologiczne mutantu, oraz jego zdolność do infekcji roślin.

Badania finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach projektu OPUS nr 2018/31/B/NZ9/01755

Multidirectional characteristics of *Agrobacterium tumefaciens* C58 mutant defective in biosynthesis of phosphethanolamine

Agrobacterium tumefaciens is a pathogen of mainly dicotyledonous, which causes the formation of tumors on their stems and roots (crown-gall disease). The pathogenic properties of these Gram-negative bacteria are influenced by the structure the outer membrane including: the structure of lipopolysaccharide and the composition of membrane lipids. The inability to synthesize phosphatidylcholine results in reduced virulence of the strains, while mutants incapable of synthesizing ornithine lipids are more virulent compared to the wild strain. There are no literature data on the influence of the main membrane phospholipid - phosphatidylethanolamine (PE), on the behavior of *A. tumefaciens* in the environment.

The resulting mutant in the phosphatidylserine synthase gene (*pssA*) in the PE synthesis pathway produces significantly much more cardiolipin, phosphatidylglycerol and ornithine lipid than the wild strain. The lipid profile of the mutant was examined using a thin layer chromatography and mass spectrometry techniques. The physiological properties of the mutant and its ability to infect plants were also analyzed.

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

Jakość mikrobiologiczna zielonych warzyw liściowych dostępnych w polskich supermarketach

Beata Kowalska, Magdalena Szczech

Instytut Ogrodnictwa Państwowy Instytut Badawczy

Przeprowadzono analizy mikrobiologiczne 121 próbek zielonych warzyw liściowych: rukoli, roszponki, sałaty lodowej, szczypiorku, szpinaku, selera, koperku i pietruszki, sprzedawanych w polskich supermarketach. Warzywa pochodziły z różnych krajów, głównie z Polski, Włoch i Hiszpanii. Warzywa analizowano pod kątem liczebności mezofilnych bakterii, drożdży i pleśni, *Enterobacteriaceae*, *Enterococcus*, bakterii grupy coli oraz liczby *Escherichia coli*.

Najbardziej zanieczyszczonymi mikrobiologicznie warzywami były pietruszka, rukola i szpinak, a najmniej - sałata lodowa. Obecność bakterii mezofilnych stwierdzono we wszystkich próbach (1,83 - 8,39 log₁₀ jtk g⁻¹). Największą średnią liczbę bakterii mezofilnych stwierdzono dla roszponki, rukoli, pietruszki i szpinaku. Liczne drożdże występowały prawie we wszystkich próbkach. Rukola i pietruszka były najbardziej zanieczyszczone pleśniami. Bakterie *Enterobacteriaceae* wyizolowano ze wszystkich prób pietruszki, a ich średnia liczba wynosiła 3,89 log₁₀ cfu g⁻¹. Spośród 121 prób warzyw, 95 prób było zasiedlonych przez bakterie z grupy coli. Dwadzieścia cztery procent wszystkich próbek było zanieczyszczonych przez *Enterococcus*, głównie pietruszka, szpinak i szczypior. Obecność *E. coli* stwierdzono tylko w jednej próbce szpinaku, a liczebność populacji wynosiła 2,36 log₁₀ jtk g⁻¹.

Badania finansowane przez Ministerstwo Edukacji i Nauki. ZM/2/2018 (2018-2021)

Microbiological quality of leafy green vegetables sold at Polish retail

Microbiological analyses of 121 samples of leafy green vegetables: rocket, lamb's lettuce, iceberg lettuce, chive, spinach, celery, dill and parsley, sold in Polish supermarkets, were conducted. The vegetables had origin from different countries, mainly from Poland, Italy and Spain. The vegetables were analyzed for aerobic mesophilic bacteria, yeasts and moulds, *Enterobacteriaceae*, *Enterococcus*, coliforms and *Escherichia coli* number.

The most microbiologically contaminated vegetables occurred to be parsley, rocket and spinach, and the least contaminated was iceberg lettuce. The presence of total mesophilic bacteria was found in all samples (ranged from 1.83 to 8.39 log₁₀ cfu g⁻¹). The highest average number of mesophilic bacteria was found for lamb's lettuce, rocket, parsley and spinach. Numerous yeasts were presented in almost all leafy green samples. Rocket and parsley were the most contaminated with moulds. The *Enterobacteriaceae* were isolated from all samples of parsley and their average amount was 3.89 log₁₀ cfu g⁻¹. Out of 121 vegetable samples, 95 samples were positive for coliforms, especially all samples of parsley were inhabited by these bacteria. Twenty four percent of all samples were contaminated by *Enterococcus*, mainly parsley, spinach and chive. The presence of *E. coli* was found in only one sample of spinach and the population size was 2.36 log₁₀ cfu g⁻¹.

Wpływ wybranych jodowych środków kontrastowych na różnorodność funkcjonalną osadu czynnego

Agnieszka Nowak¹, Katarzyna Rupik¹, Urszula Guzik¹

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

Jodowe środki kontrastowe są grupą farmaceutyków, które z roku na rok wykrywane są w wodach powierzchniowych w coraz większych ilościach. Świadczyć to może o ich nieskutecznym usuwaniu przez oczyszczalnie ścieków i niekontrolowanym odprowadzaniu do środowiska w ściekach oczyszczonych. Celem badań była analiza wpływu dwóch jodowych środków kontrastowych - diatrizoatu oraz joheksolu na bioróżnorodność mikrobiomu osadu czynnego. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że po czterech tygodniach prowadzenia eksperymentu obecność diatrizoatu powodowała wzrost zarówno aktywności jak i wartości indeksu Shannona dla mikroorganizmów osadu czynnego w porównaniu do kontroli. W tym samym czasie ekspozycja osadu czynnego na joheksol powodowała odwrotny efekt. W obecności obu badanych związków stwierdzono różnice w profilach utlenienia substratów na płytkach 96-dołkowych typu Eco. Analiza biomarkerowych kwasów tłuszczowych wykazała, że dominującą grupą mikroorganizmów we wszystkich badanych próbach były bakterie gramdodatnie.

The influence of selected iodine contrast agents on the functional diversity of the activated sludge

Iodinated contrast media are a group of pharmaceuticals that are detected in surface waters in increasing amounts each year. This may prove their ineffective removal by sewage treatment plants and uncontrolled release into the environment in treated sewage. The aim of the study was to analyze the effect of two iodine contrast agents - diatrizoate and iohexol on the biodiversity of the activated sludge microbiome. On the basis of the obtained results, it was found that after four weeks of the experiment, the presence of diatrizoate increased both the activity and the Shannon index value for the activated sludge microorganisms compared to the control. At the same time, exposure of the activated sludge to iohexol caused the opposite effect. In the presence of both tested compounds, differences were found in the oxidation profiles of the substrates on the 96-well Eco plates. The analysis of biomarker fatty acids showed that gram-positive bacteria were the dominant group of microorganisms in all tested samples.

Akumulacja i eliminacja insektycydu neonikotynoidowego – acetamiprydu przez grzyby entomopatogenne z rodzaju *Metarhizium*

Monika Nowak¹, Sylwia Różalska¹

Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii

Insektycydy chemiczne są stosowane na całym świecie w walce ze szkodnikami roślin. Jedną z klas są neonikotynoidy, które stanowią około 25% dostępnych na rynku środków owadobójczych. Acetamipryd jest przedstawicielem tej grupy związków. Stosuje się go do zwalczania owadów ssących, między innymi jest skierowany przeciwko mszycom, nasionnicy trześniówki czy opuchlaków występujących na plantacjach truskawek. Pomimo zalet, jakie acetamipryd daje rolnictwu, zagrożeniem może okazać się jego zdolność do akumulacji w roślinach czy organizmach wodnych, co w konsekwencji może powodować narażenie na jego działanie organizmów niecelowanych. Gleba jest siedliskiem bardzo zróżnicowanej mikroflory, której częścią są grzyby entomopatogenne. Pełnią one funkcje naturalnych środków ochrony roślin – bioinsektycydów, regulując populację stawonogów. Liczną grupę entomopatogenów stanowią grzyby z rodzaju *Metarhizium*, których ilość zarodników w 1g gleby jest szacowana na około 10⁶.

Celem niniejszej pracy było sprawdzenie, czy grzyby z rodzaju *Metarhizium* mają zdolności akumulacyjne i eliminacyjne wobec popularnego środka owadobójczego – acetamiprydu. W badaniu wykorzystano sześć szczepów grzybów: *M. robertsii* IM6519, *M. robertsii* IM2358, *M. robertsii* ARSEF727, *M. anisopliae* ARSEF7487, *M. brunneum* ARSEF2107, *M. globosum* ARSEF2596 oraz acetamipryd w stężeniach 5, 25 i 50 mg/L.

Żaden z badanych szczepów grzybowych nie wykazał wysokich zdolności do eliminacji acetamiprydu z podłoża hodowlanego Czapek Dox w ciągu 7 dni. Dla najwyższej dawki zastosowanego insektycydu nie zaobserwowano eliminacji powyżej 20% przez badane szczepy. Szczep *M. brunneum* przy zastosowaniu dawki 5 mg/L, eliminował acetamipryd z podłoża hodowlanego w 30%. Dowiedziono, że acetamipryd akumuluje się w grzybni badanych szczepów z rodzaju *Metarhizium*. Ilość zakumulowanego związku w komórkach grzybów rosła wprost proporcjonalnie do wysokości zastosowanego stężenia. Dla dawki 25 mg/L największa akumulacja wystąpiła u szczepu *M. anisopliae* (0,69 mg na 1 g suchej masy), natomiast najmniejsza u szczepu *M. brunneum* (0,12 mg na 1 g suchej masy).

Grzyby z rodzaju *Metarhizium* mają zdolność do akumulacji acetamiprydu w komórkach, natomiast ich zdolności eliminacyjne wobec tego związku są nieznaczne. Zaleganie acetamiprydu w glebie może przyczynić się do jego akumulacji przez grzyby entomopatogenne z rodzaju *Metarhizium*, a w konsekwencji wpływać na ich funkcje życiowe.

Praca była finansowana z grantu z Narodowego Centrum Nauki w Krakowie (Polska),
nr umowy UMO-2016/23/B/NZ9/00840

The ability to accumulate and eliminate the neonicotinoid insecticide acetamiprid by entomopathogenic fungi of the genus *Metarhizium*

Chemical insecticides are used all over the world in the fight against plant pests. Among them, we distinguish neonicotinoids, which constitute about a ¼ of insecticides available on the market. Acetamiprid is a representative of this group of compounds. It is used to combat sucking insects, i.e. it is directed against aphids, tar beetle or marshmallow plantations occurring in strawberry plantations. Despite the advantages of using acetamiprid to protect crops against pests, its ability to accumulate in plants or aquatic organisms may prove to be a threat, which may result in exposure to non-target organisms. The soil is a habitat to a very diverse microflora, part of which are entomopathogenic fungi. They act as natural plant protection products - bioinsecticides, regulating the population of arthropods. A large group of entomopathogens are fungi of the genus *Metarhizium*, the number of spores in 1 g of soil is estimated at about 10⁶.

The aim of this study was to check whether the fungi of the genus *Metarhizium* have the ability to accumulate or eliminate a popular insecticide - acetamiprid. Six fungal strains were used in the study: *M. robertsii* IM6519, *M. robertsii* IM2358, *M. robertsii* ARSEF727, *M. anisopliae* ARSEF7487, *M. brunneum* ARSEF2107, *M. globosum* ARSEF2596 and acetamiprid at concentrations of 5, 25 and 50 mg/l.

None of the tested fungal strains showed high ability to eliminate acetamiprid from the Dox Caps culture medium within 7 days. For the highest dose of the applied insecticide, no elimination of more than 20% by the tested strains was observed. The *M. brunneum* eliminated 30% of acetamiprid from the culture medium at the dose of 5 mg/l. It was proved that acetamiprid accumulated in the mycelium of the tested *Metarhizium* strains. The amount of the accumulated compound in the fungal cells increased in direct proportion to the amount of the applied concentration. For the dose of 25 mg/l, the highest accumulation occurred in the *M. anisopliae* (0.69 mg per 1 g of dry weight), and the lowest in the *M. brunneum* (0.12 mg per 1 g of dry weight).

The fungi of the genus *Metarhizium* have the ability to accumulate acetamiprid in cells, while their elimination capacity towards this compound is low. The deposition of acetamiprid in the soil may contribute to its accumulation by entomopathogenic fungi of the genus *Metarhizium* and, consequently, affect other life functions.

This work was supported by Polish Nacional Science Centre, grant no. UMO-2016/23/B/NZ9/00840

Wpływ insektycydów chemicznych na żywotność grzybów entomopatogennych wyizolowanych z gleby

Monika Nowak¹, Patrycja Szymajda¹, Sylwia Różalska¹

Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii

Grzyby entomopatogenne to szeroka grupa drobnoustrojów, których głównym środowiskiem bytowania jest gleba. Wśród najliczniej występujących gatunków wyróżniamy te należące do Ascomycota, Basidiomycota, Zoopagomycota oraz Microsporidia. W środowisku naturalnym są odpowiedzialne za regulowanie populacji stawonogów. Ze względu na swoje właściwości owadobójcze, mogą być stosowane jako bioinsektycydy w walce ze szkodnikami roślin. Częściej wykorzystywaną alternatywą w walce z insektami są chemiczne środki owadobójcze. Wyróżniamy kilka grup insektycydów chemicznych, są to m.in. insektycydy fosforanoorganiczne, karbaminianowe, polichlorowe, neonikotynoidy czy pyretroidy. Wiele z wprowadzonych na rynek preparatów zostało w późniejszym czasie wycofanych, ze względu na ich toksyczne działanie wobec organizmów niecelowanych czy nadmierne odkładanie się w środowisku. Ze względu na dowiedzione zaleganie stosowanych środków owadobójczych w glebie nasuwa się pytanie, jak oddziałują one na mikroorganizmy zasiedlające to środowisko.

Celem przeprowadzonych badań było sprawdzenie, czy insektycyd chemiczny z grupy neonikotynoidów – imidakloprid oraz insektycyd polichlorowy – endosulfan, wpływają na żywotność grzybów entomopatogennych wyizolowanych z gleby. Działanie wybranych środków owadobójczych zostało sprawdzone na pięciu szczepach grzybowych oznaczonych M3, M12, M12-a, R1-1 oraz R2-2. Hodowle prowadzono w 96-dołkowych płytkach titracyjnych, na podłożu Sabouraud, przy stężeniach insektycydów w przedziale 2 – 0,004 mg/ml.

Najbardziej wrażliwy na działanie badanych insektycydów chemicznych okazał się szczep M12-a. Bardziej toksyczny wpływ na żywotność szczepu M12-a miał endosulfan – przy najniższej zastosowanej dawce insektycydu (0,004 mg/ml) żywotność grzyba spadła poniżej 50%, natomiast dawka 0,13 mg/ml spowodowała całkowite zahamowanie aktywności metabolicznej. W przypadku imidaklopridu spadek żywotności do około 50% nastąpił przy stężeniu 0,06 mg/ml. Podobne działanie obu insektycydów wystąpiło przy hodowli szczepów R1-1 i R2-2. Zarówno endosulfan, jak i imidakloprid w zbliżony sposób działały na oba badane szczepy. Z kolei dla szczepów M3 oraz M12 bardziej toksyczny okazał się endosulfan. Bardziej wrażliwy na działanie insektycydu był szczep M3, u którego spadek żywotności do około 50% nastąpił przy stężeniu 0,008 mg/ml, natomiast dla szczepu M12 taki spadek odnotowano przy dawce 0,06 mg/ml.

Podsumowując, zalegające w środowisku naturalnym insektycydy chemiczne mogą stanowić zagrożenie dla zasiedlającej go mikroflory.

Praca była finansowana z grantu z Narodowego Centrum Nauki w Krakowie (Polska), nr umowy UMO-2016/23/B/NZ9/00840

The impact of chemical insecticides on the viability of entomopathogenic fungi isolated from soil

Entomopathogenic fungi are a wide group of microorganisms whose main habitat is soil. Among the most abundant species we can distinguish those belonging to *Ascomycota*, *Basidiomycota*, *Zoopagomycota* and *Microsporidia*. In the natural environment, they are responsible for regulating the arthropod population. Due to their insecticidal properties, they can be used as bioinsecticides in the fight against plant pests. Chemical insecticides are a more commonly used alternative to protect crops from insects. There are several groups of chemical insecticides, including organophosphate, carbamate and polychlorinated insecticides, neonicotinoids or pyrethroids. Many of the products introduced on the market were later withdrawn due to their toxic effect on non-target organisms or excessive deposition in the environment. Due to the proven deposition of applied insecticides in the soil, the question arises as to how they affect the microorganisms inhabiting this environment.

The aim of the research was to check whether the chemical insecticide from the neonicotinoid group - imidacloprid and the polychlorinated insecticide - endosulfan, affect the viability of entomopathogenic fungi isolated from the soil. The toxic effects of selected insecticides have been tested on five fungal strains: M3, M12, M12-a, R1-1 and R2-2. Cultures were carried out in 96-well titration plates on Sabouraud medium with insecticide concentrations in the range of 2 – 0.004 mg/ml.

The M12-a strain turned out to be the most sensitive to the effects of the tested chemical insecticides. Endosulfan had a more toxic effect on the viability of the M12-a strain - at the lowest dose of insecticide used (0.004 mg/ml), the viability of the fungus decreased below 50%, while the dose of 0.13 mg/ml caused the viability to drop to 0. In the case of imidacloprid, the viability decreased to about 50% occurred at a concentration of 0.06 mg/ml. A similar effect of both insecticides occurred in the cultivation of the strains R1-1 and R2-2. Both endosulfan and imidacloprid caused a similar decrease in viability when the same concentrations were used for both strains tested. Endosulfan turned out to be more toxic for M3 and M12 strains. More sensitive to the action of the insecticide was the M3 strain, where the decrease in viability to about 50% occurred at the concentration of 0.008 mg/ml, while for the M12 strain such a decrease was noted at the dose of 0.06 mg/ml.

In conclusion, chemical insecticides persisting in the natural environment may pose a threat to the microflora inhabiting it.

This work was supported by Polish Nacional Science Centre, grant no. UMO-2016/23/B/NZ9/00840

Mikrobiom hodowalny ryzosfery i tkanek wegetatywnych koniczyny białej zasiedlającej stare hałdy Zn-Pb-Cd południowej Polski

Ewa Oleńska¹, Valeria Imperato², Wanda Małek³, Tadeusz Włostowski⁴, Małgorzata Wójcik⁵, Izabela Świącicka¹, Jaco Vangronsveld^{2,5}, Sofie Thijs²

¹Katedra Mikrobiologii i Biotechnologii, Wydział Biologii, Uniwersytet w Białymstoku, Ciołkowskiego 1J, 15-245 Białystok

²Faculty of Sciences, Centre for Environmental Sciences, Hasselt University, Agoralaan D, B-3590 Diepenbeek, Belgium

³Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Akademicka 19, 20-033 Lublin

⁴Katedra Ekologii Ewolucyjnej i Fizjologicznej, Wydział Biologii, Uniwersytet w Białymstoku, Ciołkowskiego 1J, 15-245 Białystok

⁵Katedra Fizjologii Roślin i Biofizyki, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Akademicka 19, 20-033 Lublin

Wysokie ponad normę stężenie metali toksycznych, głównie Zn, Pb i Cd w industrioziemie około 100-letnich hałd galmanowych (Bolesław, Saturn, Bukowno) południowej Polski stanowią czynnik selekcji genotypów bakterii zaadaptowanych do tych warunków, i stanowiących potencjał w bioremediacji. Celem pracy była identyfikacja taksonomiczna 113 izolatów bakterii pochodzących z ryzosfery oraz liści, korzeni i brodawek korzeniowych koniczyny białej rosnącej na trzech hałdach galmanowych oraz charakterystyka ich potencjału promowania wzrostu roślin *in vitro*. Zidentyfikowano taksony specyficzne poszczególnym siedliskom oraz tkankom rośliny. *Bacillus megaterium* szczep BolR 3-A3 oraz *Stenotrophomonas maltophilia* szczep BolN 3-B3 wykazują cechy korzystne w bioremediacji terenów skażonych metalami.

Badania sfinansowano z grantu Hasselt University BOF Special Research Fund (E.O.) oraz UHasselt Methusalem project 08M03VGRJ.

Cultivable microbiome of rhizosphere and vegetative tissues of white clover inhabiting old Zn-Pb-Cd southern Poland waste heaps

Above-normative concentrations of toxic metals, mostly Zn, Pb i Cd in soil of about 100-yrs old calamine waste heaps (Boleslaw, Saturn, Bukowno) in southern Poland are factor of the selection the adaptive genotypes of the bioremediative potential. The aim of the work was to identify 113 bacterial isolates obtained from rhizosphere as well as leaves, roots, and nodules of white clover growing on these tree calamine waste heaps and characterize its plant promotion potential *in vitro* conditions. We identified taxons specific to sites and plant tissues. *Bacillus megaterium* szczep BolR 3-A3 and *Stenotrophomonas maltophilia* szczep BolN 3-B3 revealed as equipped in most studied traits that are useful in bioremediation of metal contaminated sites.

The research was supported by BOF Special Research Fund to E.O. from Hasselt University and UHasselt Methusalem project 08M03VGRJ.

Fitoremediacja gleby ko-zanieczyszczonej metalami ciężkimi i węglowodorami wspomagana szczepem ZCR6 oraz dodatkiem mączki kostno-mięsnej

Magdalena Pacwa-Płociniczak, Agata Czopka, Sara Gobetti,
Tomasz Płociniczak

Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Wydział Nauk Przyrodniczych,
Uniwersytet Śląski w Katowicach, ul. Jagiellońska 28 40-032 Katowice

Celem badań była ocena skuteczności fitoremediacji gleby ko-zanieczyszczonej metalami ciężkimi i węglowodorami (TPH) z wykorzystaniem *Zea mays* wspomaganej szczepem *Pseudomonas qingdaonensis* ZCR6 oraz dodatkiem mączki kostno-mięsnej (MBM). Doświadczenie prowadzono w warunkach laboratoryjnych w sześciu układach badawczych: (1) gleba inokulowana żywym szczepem ZCR6, (2) gleba traktowana termicznie inaktywowanym szczepem ZCR6, (3) gleba traktowana wodą, (4) gleba z dodatkiem MBM inokulowana żywym szczepem ZCR6, (5) gleba z dodatkiem MBM traktowana termicznie inaktywowanym szczepem ZCR6, (6) gleba z dodatkiem MBM traktowana wodą. Po zakończonym eksperymencie zaobserwowano istotnie statystycznie wyższą efektywność usuwania TPH we wszystkich glebach z dodatkiem MBM (średnio na poziomie 32% początkowej zawartości TPH), w porównaniu do gleb nie traktowanych mączką. Nie odnotowano istotnych statystycznie różnic w skuteczności usuwania Cd, Zn i Cu z gleby pomiędzy analizowanymi układami. Szczep ZCR6 wykazywał zdolność do przeżywania we wszystkich glebach oraz miał zdolność do kolonizacji tkanek *Z. mays*. Zaobserwowano, iż dodatek MBM do zanieczyszczonej gleby miał negatywny wpływ na wzrost kukurydzy, jednak z drugiej strony miał on pozytywny wpływ na usuwanie węglowodorów z gleby.

Badania zostały wykonane w ramach grantu NCN nr 2018/31/D/NZ9/01610.

Phytoremediation of soil co-contaminated with heavy metals and hydrocarbons supported with addition of ZCR6 strain and meat-bone meal

The aim of the study was to evaluate the phytoremediation efficiency of soil co-contaminated with hydrocarbons (TPH) and heavy metals using *Zea mays* supported with *Pseudomonas qingdaonensis* ZCR6 strain and by the addition of meat-bone meal (MBM). The experiment was carried under laboratory condition and had six treatments: (1) soil inoculated with live ZCR6 strain, (2) soil inoculated with thermal inactivated ZCR6 strain, (3) soil treated with water, (4) soil treated with MBM and inoculated with live ZCR6 strain, (5) soil treated with MBM and inoculated with thermal inactivated ZCR6 strain, (6) soil treated with MBM and water. It has been estimated a significantly greater effectiveness of TPH removal in all MBM soils (an average of 32% of the original TPH) compared to soils without MBM. No significant differences in the efficiency of Cd, Zn and Cu removal were observed between analyzed treatments. ZCR6 had ability to survive in all soils and to colonize tissues of *Zea mays*. Addition of MBM into contaminated soil had a negative impact on the growth of *Zea mays*, however had a positive impact on the removal of hydrocarbons from soil.

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

Ocena podatności na biodegradację folii z polilaktydu i polikaprolaktanu zawierających dziegieć

Agnieszka Richert¹, Urszula Jankiewicz², Grażyna B. Dąbrowska¹

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

² Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Wydział Rolnictwa i Biologii SGGW Katedra Biochemii i Mikrobiologii, ul. Nowoursynowska 159, budynek 37, 02-776 Warszawa

W badaniach do wytworzenia nowych folii z polilaktydu (PLA) i polikaprolaktanu (PCL) użyto dziegciu brzozowego w zakresie stężeń (1,0-10,0 %). Produkt suchej destylacji kory brzozowej został dodany do materiałów polimerowych w celu uzyskania folii o zmienionych właściwościach. Uzyskane folie charakteryzowały się właściwościami antymikrobiologicznymi. Celem badań była ocena podatności na biodegradację nowych folii z PLA i PCL w glebie i w wodzie rzecznej.

Z wykorzystaniem skaningowej mikroskopii elektronowej wykazano zmiany morfologii badanych folii po czterotygodniowej inkubacji w obecności drobnoustrojów pochodzących z gleby oraz z wody rzecznej. Intensywniejsze zmiany strukturalne widoczne były na tworzywach PCL niż na PLA, również w przypadku folii z dziegciem. Wyniki badań wykazały, że aktywność hydrolityczna mikroorganizmów zależała od rodzaju materiału, stężenia dziegciu w osnowie polimerowej oraz środowiska, z którego pochodziły. Na podstawie analizy SEM i biochemicznego zapotrzebowania na tlen stwierdzono, że nowe materiały polimerowe można zaklasyfikować do materiałów biodegradowalnych. Wykazano, że nowe folie z dziegciem ulegają biodegradacji w obu analizowanych środowiskach, a proces ten zachodzi wydajniej w glebie niż w wodzie rzecznej.

Projekt „Inkubator Innowacyjności UMK 4.0 w ramach programu Ministerstwa Edukacji i Nauki pn. „Inkubator Innowacyjności 4.0” w ramach projektu pozakonkursowego pn. „Wsparcie zarządzania badaniami naukowymi i komercjalizacja wyników prac B+R w jednostkach naukowych i przedsiębiorstwach”, realizowanego w ramach Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój 2014-2020 (Działanie 4.4), współfinansowanego ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego.

Assessment of biodegradability of polylactide and polycaprolactone films containing birch tar

In the research, birch tar was used to produce new films from polylactide (PLA) and polycaprolactone (PCL) in the concentration range (1.0-10.0%). The birch tar dry distillation product was added to polymeric materials to obtain films with altered properties. The obtained films had antimicrobial properties. The aim of the research was to assess the biodegradability of new PLA and PCL films in soil and river water. With the use of scanning electron microscopy, changes in the morphology of the tested films were demonstrated after four-week incubation in the presence of microorganisms from soil and river water. More intense structural changes were visible on PCL plastics than on PLA, also in the case of foil with tar. The test results showed that the hydrolytic activity

of microorganisms depended on the type of material, tar concentration in the polymer matrix and the environment from which they originated. Based on the SEM analysis and the biochemical oxygen demand, it was found that the new polymeric materials can be classified as biodegradable materials. It has been shown that the new tar foils are biodegradable in both analyzed environments, and this process occurs more efficiently in soil than in river water.

Zastosowanie pożytecznych mikroorganizmów w uprawach roślin ogrodnich ograniczających stosowanie chemicznych środków produkcji roślin

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

Jednym z bardzo ważnych celów rolnictwa ekologicznego jest utrzymanie gleb w wysokiej kulturze, między innymi poprzez dobór odpowiednich metod nawożenia gleby. W konwencjonalnej produkcji owoców powszechnie stosuje się mineralne nawozy azotowe. W sadach ekologicznych dla poprawy dostępności azotu dla roślin konieczne jest zastosowanie naturalnych nawozów oraz środków poprawiających właściwości gleby. Skuteczną alternatywą dla nawożenia mineralnego mogą być naturalne bionawozy czy stymulatory wzrostu i rozwoju roślin nazywane biostymulatorami. Są to preparaty pochodzenia organicznego (roślinnego lub zwierzęcego), przyjazne dla ludzi i środowiska, produkowane na bazie naturalnych ekstraktów roślinnych i pożytecznych mikroorganizmów (bakterie i grzyby mikoryzowe). Symbiotyczne mikroorganizmy glebowe t.j. grzyby mikoryzowe i bakterie rizosferowe stymulują wzrost i plonowanie roślin uprawnych. Pożyteczne mikroorganizmy zasiedlające korzenie, oddziałują w różny sposób: jedne utrudniają kolonizację korzeni przez organizmy patogeniczne, inne zaś stanowią konkurencję pokarmową lub wydzielają do gleby antybiotyki i inne substancje hamujące rozwój patogenów glebowych. Z powodu korzystnych oddziaływań pożytecznych mikroorganizmów na wzrost i plonowanie roślin są one komponentami preparatów biologicznych, w tym bionawozów. W Instytucie Ogrodnictwa PIB w ramach projektu BIO-FERTIL zostały opracowane innowacyjne bionawozy na bazie nawozów mineralnych, wzbogaconych mikrobiologicznie, a ocena efektów ich działania w mikrobiologicznej stymulacji wzrostu i plonowania roślin oraz w poprawie żyzności gleb wskazuje na korzystne oddziaływanie tych bionawozów i zawartych w nich pożytecznych mikroorganizmów na rośliny uprawne. Zwiększenie efektywności pobierania i przyswajania składników odżywczych z bionawozów poprzez zastosowanie pożytecznych mikroorganizmów przyczyni się do ograniczenia stosowania nawozów mineralnych i innych chemicznych środków produkcji roślin.

Projekt współfinansowany przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu BIOSTRATEG

Opracowanie technologii innowacyjnych nawozów mineralnych wzbogaconych mikrobiologicznie BIOSTRATEG3/347464/5/NCBR/2017

Making use of beneficial microorganisms in the cultivation of horticultural plants to limit the use of chemical means of plant production

One of the very important goals of organic farming is to maintain the soil in good culture by, for example, selecting appropriate methods of soil fertilization. In conventional fruit production, mineral nitrogen fertilizers are commonly used. In organic orchards, to improve nitrogen availability to plants, it is necessary to use natural fertilizers

and agents improving soil properties. Natural biofertilizers or plant growth and development stimulants, called biostimulants, can be an effective alternative to mineral fertilization. These are preparations of organic (plant or animal) origin, friendly to people and the environment, produced on the basis of natural plant extracts and beneficial microorganisms (bacteria and mycorrhizal fungi). Symbiotic soil microorganisms, i.e. mycorrhizal fungi and rhizosphere bacteria, stimulate the growth and yielding of crop plants. Beneficial microorganisms inhabiting plant roots act in various ways: some hinder the colonization of roots by pathogenic organisms, while others compete for food or release into the soil antibiotics and other substances that inhibit the development of soil pathogens. Due to the advantageous effects of beneficial microorganisms on the growth and yielding of crop plants, they are included as components of biological preparations, including biofertilizers. At the National Institute of Horticultural Research, as part of the BIO-FERTIL project, innovative biofertilizers based on microbiologically enriched mineral fertilizers have been developed, and the assessment of their effects in microbiological stimulation of plant growth and yielding as well as in improving soil fertility indicates advantageous effects of these biofertilizers and the beneficial microorganisms contained in them on horticultural crops. Increasing the efficiency of uptake and assimilation of nutrients from biofertilizers by employing beneficial microorganisms will contribute to reducing the use of mineral fertilizers and other chemical means of plant production.

*Publication financed (co-financed) by the National Research and Development Centre
under the BIOSTRATEG programme, contract number
BIOSTRATEG3/347464/5/NCBR/2017.*



Wieloetapowe systemy beztlenowego rozkładu biomasy od strony mikrobiologicznej i aplikacyjnej

Anna Sikora

Pracownia Białej Biotechnologii, Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk

Beztlenowy rozkład biomasy do metanu i dwutlenku węgla (ang. Anaerobic digestion, AD) jest procesem złożonym, polegającym na współdziałaniu wielu grup fizjologicznych mikroorganizmów odpowiedzialnych kolejno za hydrolizę związków polimerowych do monomerów, fermentację kwaśną, acetogenezę i metanogenezę w środowisku beztlenowym. Beztlenowy rozkład biomasy jest procesem szeroko rozpowszechnionym w środowisku naturalnym lub może być wynikiem działalności człowieka. Stanowi zarówno obiecującą metodę produkcji energii odnawialnej, jak i sposób na zagospodarowanie dużej ilości odpadów powstających na całym świecie. Proces może być prowadzony w układach jedno- lub wieloetapowych, w których hydroliza i kwasogenezę są oddzielone od acetogenezę i metanogenezę. Systemy wieloetapowe (i) zapewniają optymalne warunki dla mikroorganizmów każdego z etapów, stabilizują proces, zwiększają odzysk energii z biomasy; (ii) umożliwiają odzysk wodoru podczas kwasogenezę oraz (iii) są stosowane w systemach wzbogacania biogazu w metan. Prezentacja koncentruje się na tych trzech zagadnieniach.

*Finansowane przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju,
grant BIOSTRATEG2/297310/13/NCBiR/2016.*

Multistep systems of anaerobic digestion: microbiological and application aspects

Anaerobic digestion (AD) of biomass to methane and carbon dioxide is a complex process that involves the interaction of many groups of microorganisms responsible for, respectively, hydrolysis of polymeric compounds to monomers, acidic fermentations, acetogenesis and methanogenesis in anaerobic environments. AD is a widespread process in the natural environment or it can be the result of human activity and constitutes both a promising method for renewable energy production and a way to treat tons of waste generated around the world. AD can be conducted in one-stage or multi-stage systems where hydrolysis and acidogenesis are separated from acetogenesis and methanogenesis. Multistep systems (i) provide optimal conditions for microorganisms of each step, stabilize the processes, increase energy recovery from biomass; (ii) enable hydrogen recovery during acidogenesis and (iii) are used in biogas upgrading systems. The presentation is focused on these three issues.

*Supported by The National Centre for Research and Development, Poland,
through grant BIOSTRATEG2/297310/13/NCBiR/2016.*

Promieniowa jonizacja katalityczna w walce z drobnoustrojami - aktualny stan wiedzy na podstawie badań własnych i dostępnego piśmiennictwa

Krzysztof Skowron¹, Karolina Jadwiga Skowron², Katarzyna Grudlewska-Buda¹, Natalia Wiktorczyk-Kapischke¹

¹ Katedra Mikrobiologii, Wydział Farmaceutyczny, Collegium Medicum im. L. Rydygiera w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

² Instytut Telekomunikacji i Informatyki, Wydział Telekomunikacji, Informatyki i Elektrotechniki, Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy im. J.J. Śniadeckich w Bydgoszczy

Eliminacja drobnoustrojów obecnych w powietrzu i na powierzchniach jest istotnym zagadnieniem zarówno w placówkach opieki zdrowotnej, jak i w przemyśle spożywczym. Jedną z nowych i alternatywnych metod dezynfekcji jest promieniowa jonizacja katalityczna (ang. Radiant Catalytic Ionization, RCI). RCI jest aktywną metodą oczyszczania powietrza i powierzchni. Działanie urządzenia polega na wykorzystaniu zjawiska fotooksydacji z udziałem światła UV oraz fotokatalizatorów (np. ditlenek tytanu). Powstają reaktywne formy tlenu, m.in.: rodniki hydroksylowe (OH[•]) i rodniki ponadtlenkowe (O₂^{•-}). Wykazano skuteczność RCI wobec wirusów, bakterii Gram-dodatnich i Gram-ujemnych, grzybów i pierwotniaków. Technologia RCI jest skuteczna wobec drobnoustrojów zarówno w powietrzu, jak i na wielu typach powierzchni abiotycznych (stal nierdzewna, guma) oraz biotycznych (warzywa i owoce), a także w różnych warunkach środowiskowych (temperatura, czas, odległość od urządzenia, obecność zanieczyszczenia organicznego). Ważnym aspektem jest skuteczność RCI nie tylko wobec form planktonowych drobnoustrojów, ale także wobec biofilmów bakteryjnych.

Radiant Catalytic Ionization in the elimination of microorganisms - the current state of knowledge based on own research and available literature

The elimination of microorganisms present in the air and on surfaces is an important issue in both healthcare facilities and the food industry. One of the new and alternative methods of disinfection is Radiant Catalytic Ionization (RCI). RCI is an active method of air and surface cleaning. The operation of the device is based on the use of photo-oxidation with the participation of UV light and photocatalysts (e.g. titanium dioxide). Reactive oxygen species are formed, including: hydroxyl radicals (OH[•]) and superoxide radicals (O₂^{•-}). RCI has been shown to be effective against viruses, gram-positive and gram-negative bacteria, fungi and protozoa. The RCI technology is effective against microorganisms both in the air and on many types of abiotic (stainless steel, rubber) and biotic (vegetables and fruits) surfaces, as well as in various environmental conditions (temperature, time, distance from the device, presence of organic contamination). An important aspect is the effectiveness of RCI not only against planktonic forms of microorganisms, but also against bacterial biofilms.

Procedura „challenge test” w produkcji żywności - studium przypadku *Listeria monocytogenes* wg wytycznych: EURL Lm TECHNICAL GUIDANCE DOCUMENT for conducting shelf-life studies on *Listeria monocytogenes* in ready-to-eat foods

Krzysztof Skowron¹, Karolina Jadwiga Skowron², Katarzyna Grudlewska-Buda¹, Natalia Wiktorczyk-Kapischke¹

¹ Katedra Mikrobiologii, Wydział Farmaceutyczny, Collegium Medicum im. L. Rydygiera w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

² Instytut Telekomunikacji i Informatyki, Wydział Telekomunikacji, Informatyki i Elektrotechniki, Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy im. J.J. Śniadeckich w Bydgoszczy

L. monocytogenes (Lm) jest czynnikiem etiologicznym listeriozy. Głównym źródłem Lm dla człowieka jest żywność, w tym produkty gotowe do spożycia (RTE, *ready-to-eat*). Istotnym aspektem w odniesieniu do tego typu żywności jest termin przydatności do spożycia, którego określenie jest kluczowe dla zdrowia konsumenta.

Testy obciążeniowe to niezbędny element przy ocenie narażenia konsumentów na patogeny przenoszone przez żywność, w tym Lm. Testy przeprowadza się w warunkach, które byłyby najbardziej korzystne dla wzrostu Lm w możliwym zakresie każdego parametru. Test musi odzwierciedlać warunki, które mogą wystąpić w całym łańcuchu chłodniczym, w tym warunki przechowywania między produkcją a konsumpcją.

Dokument EURL Lm TECHNICAL GUIDANCE wykorzystują laboratoria przeprowadzające challenge testy i badania trwałości w produktach spożywczych. W omawianym dokumencie zawarto informacje niezbędne do ich wdrożenia oraz zalecenia dotyczące sposobu przeprowadzenia challenge tests: oceniających potencjał wzrostu, oceniających maksymalny poziom wzrostu oraz zalecenia dotyczące wdrażania i przeprowadzania badań trwałości.

Challenge test procedure in food production - a case study of *Listeria monocytogenes* according to the guidelines: EURL Lm TECHNICAL GUIDANCE DOCUMENT for conducting shelf-life studies on *Listeria monocytogenes* in ready-to-eat foods

L. monocytogenes (Lm) is an etiological factor of listeriosis. The main source of Lm for humans is food, including ready-to-eat (RTE) products. An important aspect in relation to this type of food is the use-by date, the determination of which is crucial for the health of the consumer.

Challenge test is an essential element in assessing consumer exposure to foodborne pathogens, including Lm. The tests are performed under the conditions that would be most favorable for the growth of Lm within the possible range of each parameter. The test must reflect the conditions that can occur throughout the cold chain, including the storage conditions between production and consumption.

EURL Lm TECHNICAL GUIDANCE is used by laboratories that carry out challenge tests and stability studies in food products. This document contains information necessary for their implementation and recommendations on how to conduct challenge tests: assessing the growth potential, assessing the maximum level of growth, and recommendations for implementing and conducting durability tests.

Nanofungicydy a mikroorganizmy glebowe niebędące celem ich działania

Sławomir Sułowicz¹, Anna Markowicz¹, Mateusz Dulski², Anna Nowak³,
Sławomir Borymski¹

¹ Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk Przyrodniczych, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Zespół Nano-Mikrobiologii, Jagiellońska 28, 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
e-mail: slawomir.sulowicz@us.edu.pl

W celu oceny ryzyka związanego z wprowadzeniem do środowiska nanopestycydów określano toksyczność zsyntetyzowanych nanofungicydów (kaptanu na nanonośniku ZnO_{35-45nm} i SiO_{2 20-30nm}) na mikroorganizmy glebowe. Zsyntetyzowane nanofungicydy, w przeciwieństwie do samych nanonośników, hamowały wzrost grzybowych patogenów (test strefy inhibicji). Przeprowadzone 42-dniowe doświadczenie typu mesocosm wykazało, że wszystkie testowane substancje - kaptan, nanonośniki SiO₂ i ZnO oraz nanofungicydy kaptan/SiO₂ i kaptan/ZnO istotnie zmniejszały, w porównaniu do kontroli, całkowitą liczebność niebędących celem ich działania bakterii glebowych (liczbę kopii genu 16S rRNA). Jednakże w glebie skażonej nanofungicydami, w przeciwieństwie do kaptanu, nie obserwowano istotnych zmian bioróżnorodności strukturalnej i funkcjonalnej oznaczonej w oparciu o profil fosfolipidowych kwasów tłuszczowych (PLFA) i profile rozkładów substratów na płytkach Biolog Eco- i FF-Plate. Projekt jest sfinansowany ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach grantu SONATA 13 (nr rejestracyjny 2017/26/D/NZ9/00448).

Nanofungicides and non-target soil microorganisms

The purpose of this study was to evaluate an environmental risk exerted by newly synthesised nanofungicides (captan bound with ZnO_{35-45nm} and SiO_{2 20-30nm} nanocarriers) to non-target soil microorganisms. Synthesised nanofungicides, in contrast to nanocarriers, inhibited the growth of fungal pathogens. All tested materials – captan, SiO₂ and ZnO nanocarriers, and captan/SiO₂ and captan/ZnO nanopesticides significantly reduced the total number of soil bacteria (based on the 16S rRNA gene copy number) 42 days after application. Nevertheless, analysis of the structural and functional diversity assessed based on phospholipid fatty acids (PLFA method) and community level physiological profiles (Biolog method) did not reveal significant changes in response to nanofungicides application. The only active substance, fungicide captan, significantly changed the microbial community structure after 42 days of the experiment. This study is supported by a grant from the National Science Centre, Poland (SONATA 13, 2017/26/D/NZ9/00448).

Właściwości biologiczne gleby zanieczyszczonej bisfenolem A, bisfenolem F i bisfenolem S

Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski

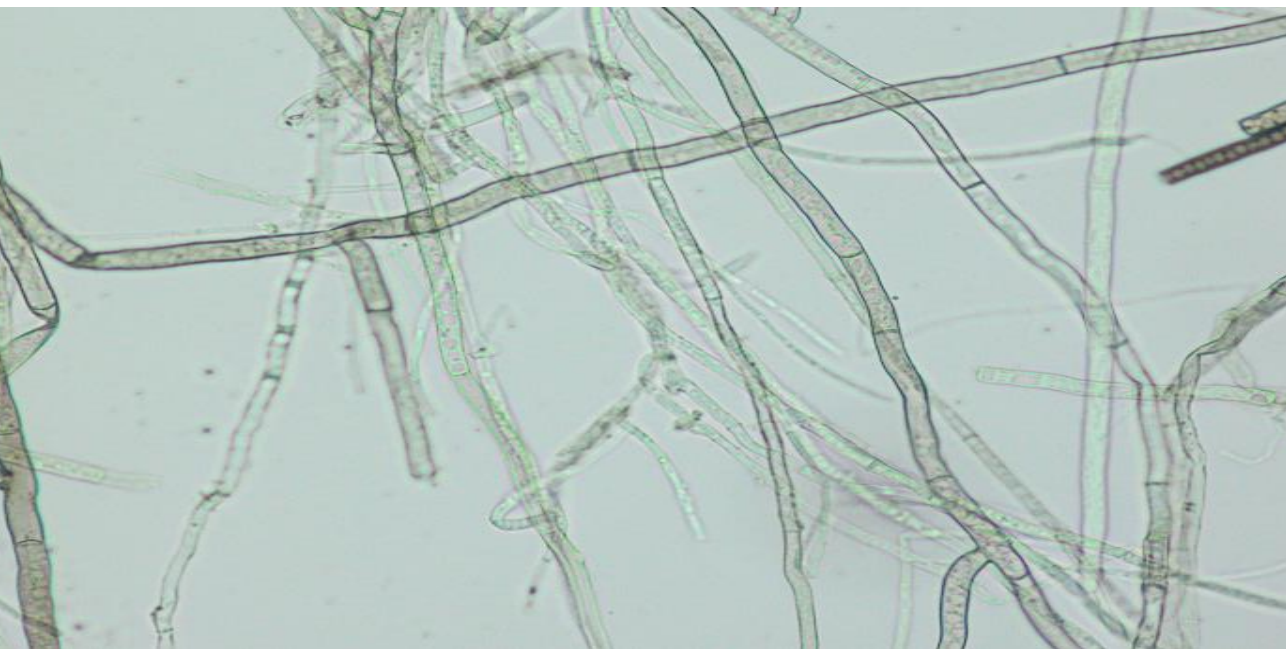
Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Bisfenol A (BPA) należy do najmniejbezpiecznych komponentów plastyfikatorów i jest uznany za najczęściej produkowany związek chemiczny na świecie. Aczkolwiek w wielu krajach uprzemysłowionych rośnie popyt na jego analogi, w tym bisfenol S (BPS) i bisfenol F (BPF). Wzrostu produkcji BPF upatruje się w większej odporności żywicy epoksydowej BPF na rozpuszczalniki niż żywicy BPA. Z kolei wtórne zanieczyszczenie środowiska przez BPS jest skutkiem adsorpcji bisfenolu na mikroplastikach PVC, za którą odpowiedzialne są niekowalencyjne wiązania wodorowe i halogenowe. Reakcja drobnoustrojów na związki fenolowe w glebie koresponduje z szeroką paletą mechanizmów, które zaobserwowano wśród przedstawicieli mikrobiomu glebowego. Bakterie celulolityczne oraz bakterie z rodzaju *Arthrobacter* są najbardziej wrażliwe na zanieczyszczenie gleby bisfenolami. Zarówno BPA, BPS jak i BPF stymulują liczebność bakterii z rodzaju *Pseudomonas* oraz grzybów. Zmieniają strukturę mikroorganizmów ze strategii K na strategię r. W glebie niezanieczyszczonej oraz poddanej presji BPA dominują taksony z phylum *Actinobacteria* i *Proteobacteria*. BPF i BPS zmniejszają obfitość *Proteobacteria* i *Acidobacteria*, a zwiększają *Actinobacteria*. Aktywność biochemiczna gleby w największym stopniu jest kształtowana przez BPS, a w najmniejszym przez BPA. Bisfenole zaburzają silniej wzrost i rozwój roślin dwuliściennych niż jednoliściennych.

Biological properties of soil contaminated with bisphenol A, bisphenol F and bisphenol S

Bisphenol A (BPA) is one of the most dangerous components of plasticisers and is regarded as the most widely produced chemical compound worldwide. However, in many industrialized countries, the demand for its analogues bisphenol S and bisphenol F is increasing. An increase in BPF production output may be caused by higher resistance of the BPF epoxide resin to solvents than of the BPA resin. Secondary environment contamination by BPS is caused by bisphenol adsorption on PVC microplastics, which is effected by hydrogen and halogen bonds. The microorganism response to phenolic compounds in soil corresponds to the wide range of mechanisms observed among the soil microbiome. Cellulolytic bacteria and *Arthrobacter* sp. are the most sensitive to soil contamination with bisphenols. Both BPA, BPF and BPS stimulate the count of *Pseudomonas* bacteria and the fungi colony growth rate and count. They change the structure of microorganisms from strategy K to strategy r. *Actinobacteria* and *Proteobacteria* species were found to dominate in uncontaminated soil and in that exposed to BPA. BPF and BPS reduced the abundance of *Proteobacteria* and *Acidobacteria*, and increased that of *Actinobacteria*. The enzymatic activity is most strongly influenced by BPS, and the least by BPA. Bisphenols strongly disturb the growth and development of dicotyledons than monocotyledons.

REFERATY
sesja
„Między Naukowcy”



Zdolność do produkcji biofilmu wśród szczepów *Pseudomonas aeruginosa*

Alicja Blank

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Mikrobiologii i Immunologii Klinicznej

WSTĘP: *Pseudomonas aeruginosa* jest istotnym patogenem wywołującym infekcje zarówno u ludzi jak i zwierząt. W medycynie weterynaryjnej drobnoustrój ten izolowany jest zarówno od gatunków zwierząt gospodarskich jak i towarzyszących. W przypadku tych pierwszych najczęściej pałeczka ropy błękitnej kojarzona jest z zapaleniem wymienia u bydła, natomiast w przypadku tych drugich patogen ten najczęściej wywołuje infekcje układu moczowego czy ucha środkowego u psów. Przy rozpoznaniu zakażenia przez *P.aeruginosa* leczeniem jest stosowanie antybiotyków, co przy nieprawidłowym doborze leków prowadzi do nabycia przez szczepy antybiotykooporności. Problem ten jest coraz poważniejszy, a co ciekawe coraz częściej w kontekście tego zjawiska mówi się o roli biofilmu, produkowanego przez konkretne szczepy.

CEL PRACY: Celem tego badania było określenie zdolności do tworzenia biofilmu wśród szczepów *P.aeruginosa* wyizolowanych od różnych gatunków zwierząt.

MATERIAŁY I METODY Do badania użyto szczepy *P.aeruginosa* (n=98), wyizolowane od różnych gatunków zwierząt. Badanie zdolności wytwarzania biofilmu przeprowadzono według Ebrahimi et al. 2013 z drobnymi modyfikacjami. Wyniki odczytywano po 48 i 72 godzinach, a interpretacji dokonywano zgodnie z Stephanovic et al. 2007.

WYNIKI: Większość analizowanych szczepów wykazała się zdolnością do produkcji biofilmu zarówno po 48 jak i 72 godzinach.

The ability to produce biofilm among *Pseudomonas aeruginosa* strains

INTRODUCTION: *Pseudomonas aeruginosa* is an important pathogen causing infections in both humans and animals. In veterinary medicine, this microorganism is isolated from both farm and companion animal species. In the case of the former, *P.aeruginosa* is often associated with mastitis in cattle, while in the latter often causes urinary tract or middle ear infections in dogs. The treatment in this infection is the use of antibiotics, which in the case of incorrect selection of drugs leads to the acquisition of antibiotic resistance by bacteria. The problem of antibiotic resistance is becoming more and more serious, and interestingly, more and more often in the context of this phenomenon, the role of biofilm produced by specific strains is discussed.

AIM OF THE STUDY: The aim of this study was to determine the biofilm formation capacity of *P.aeruginosa* strains isolated from various animal species.

MATERIALS AND METHODS We used strains of *P.aeruginosa* (n = 98), isolated from various species of animals. The biofilm capacity test was carried out according to Ebrahimi et al. 2013 with minor modifications. Results were read after 48 and 72 hours and interpreted according to Stephanovic et al. 2007.

RESULTS: Most of the analyzed strains showed the ability to produce biofilm after both 48 and 72 hours.

Czynniki wirulencji *Pseudomonas Aeruginosa*

Paweł Foksiński

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Mikrobiologii i Immunologii Klinicznej

Infekcje spowodowane przez *Pseudomonas aeruginosa*, są zjawiskiem występującym zarówno w medycynie ludzkiej jak i weterynaryjnej. Spowodowane jest to tym, iż bakteria ta dość powszechnie występuje w środowisku, skąd najczęściej dochodzi do zakażeń zwierząt zarówno gospodarskich jak i towarzyszących. W przypadku zwierząt towarzyszących *P. aeruginosa* najczęściej odpowiedzialny jest za zakażenia przyranne, infekcję górnych dróg oddechowych, zapalenie ucha czy infekcje układu płciowo-moczowego. W przypadku zwierząt gospodarskich najczęściej patogen ten kojarzony jest z bydłem mlecznym, gdzie jest jednym z czynników etiologicznym zapalenie wymienia. Bakteria ta jest w stanie wywołać stan chorobowy zarówno u ludzi jak i u zwierząt, przez co monitoring czynników jej zjadliwości jest niezwykle ważny, gdyż może umożliwić to opracowanie nowych, ukierunkowanych programów prewencyjnych. Celem tej pracy było określenie obecności wybranych genów związanych z czynnikami wirulencji u bakterii z rodzaju *Pseudomonas aeruginosa* wyizolowanych od różnych gatunków zwierząt z terenu północno-wschodniej Polski.

Do badania użyto szczepy *P. aeruginosa* (n=98) wyizolowane od różnych gatunków zwierząt. Obecność genów ToxA, AlgD, ExoS, LasB, PelA, Bla, PlcN, EndA, pośród analizowanych szczepów określono za pomocą reakcji PCR. Pośród analizowanych szczepów potwierdzono występowanie wszystkich analizowanych szczepów. Najczęściej występującymi genami były lasB, pelA i endA

Pseudomonas Aeruginosa virulence factors

Infections caused by *Pseudomonas aeruginosa* occur both in human and veterinary medicine. This is due to the fact that this bacterium is quite common in the environment, from which the most common infections are farm animals and companion animals. In the case of companion animals, *P. aeruginosa* is most often responsible for wound infections, upper respiratory tract infections, otitis and genitourinary tract infections. In the case of farm animals, this pathogen is most often associated with dairy cattle, where mastitis is one of the etiological factors. This bacterium is able to cause disease in both humans and animals, which makes monitoring of its virulence factors extremely important as it may enable the development of new, targeted preventive programs. The aim of this study was to determine the presence of selected genes related to virulence factors in bacteria of the genus *Pseudomonas aeruginosa* isolated from various animal species from north-eastern Poland. *P. aeruginosa* strains (n = 98) isolated from various species of animals were used for the study. The presence of ToxA, AlgD, ExoS, LasB, PelA, Bla, PlcN, EndA genes among the analyzed strains was determined by PCR. The presence of all analyzed strains was confirmed among the analyzed strains. The most common genes were lasB, pelA and endA

Eliminacja amin aromatycznych z toksycznych odcieków składowiskowych przez mikroskopowego grzyba strzępkowego *Nectriella pironii*

Aleksandra Góralczyk-Bińkowska¹, Andrzej Długoński², Przemysław Bernat¹,
Anna Jasińska¹, Jerzy Długoński¹,

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

²Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Nauk o Środowisku, Uniwersytet Kardynała
Stefana Wyszyńskiego w Warszawie, ul. Wóycickiego 1/3, 01-938 Warszawa

Przemysł tekstylny, wykorzystując 20 000 chemikaliów, takich jak barwniki, metale ciężkie i aminy aromatyczne generuje 20% światowego przemysłowego zanieczyszczenia wody. Zanieczyszczenia zawarte w ściekach przemysłu włókienniczego charakteryzują się mutagennością, cytotoksycznością i rakotwórczością. Ponadto mogą być odprowadzane do środowiska w postaci odcieków składowiskowych, co stanowi poważne zagrożenie dla ekosystemu.

Celem pracy była ocena możliwości wykorzystania mikroskopowego grzyba strzępkowego *Nectriella pironii* IM 6443 do degradacji amin aromatycznych zawartych w odciekach pobranych ze składowiska odpadów poprodukcyjnych dawnych Zakładów Produkcji Barwników „Boruta” w Zgierzu. Analiza HPLC-MS/MS odcieków wykazała obecność m.in. *o*-tolidyny, która następnie podczas hodowli *N. pironii* ulegała hydroksylacji i/lub przekształceniu do toluidyny i jej pochodnych. Otrzymane wyniki mogą stanowić cenne tło w opracowaniu mikrobiologicznego systemu eliminacji toksycznych zanieczyszczeń wytwarzanych przez przemysł włókienniczy.

Badania sfinansowano ze środków Narodowego Centrum Nauki w Krakowie (UMO 2017/27/N/NZ9/02160) i Projektu UKSW 2020 (DEC-INB-12/20).

Elimination of aromatic amines from toxic landfill leachates by the microscopic filamentous fungus *Nectriella pironii*

The textile industry, using 20,000 chemicals such as dyes, heavy metals and aromatic amines, generates 20% of the world's industrial water pollution. The pollutants in the sewage of the textile industry are mutagenic, cytotoxic and carcinogenic. Moreover, they can be discharged into the environment in the form of landfill leachate, which poses a serious threat to the ecosystem.

The aim of the study was to assess the possibility of using the microscopic filamentous fungus *Nectriella pironii* IM 6443 for the degradation of aromatic amines found in the leachates collected from the postproduction waste landfill of the former "Boruta" Dye Industry Plant located in Zgierz. HPLC-MS/MS analysis of the leachates showed the presence of, among others, *o*-tolidine, which was then hydroxylated and/or converted to toluidine and its derivatives during the cultivation of *N. pironii*. The obtained results may constitute a valuable background for the development of a microbiological system for the elimination of toxic pollutants produced by the textile industry.

This study was supported by the National Science Centre of Poland (UMO 2017/27/N/NZ9/02160) and UKSW 2020 Project (DEC-INB-12/20).

Ocena oporności grzyba *Nectriella pironii* IM 6443 wobec toksycznych odcieków składowiskowych

Aleksandra Góralczyk-Bińkowska¹, Andrzej Długoński², Przemysław Bernat¹,
Anna Jasińska¹, Jerzy Długoński¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

²Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Nauk o Środowisku, Uniwersytet Kardynała Stefana Wyszyńskiego w Warszawie, ul. Wóycickiego 1/3, 01-938 Warszawa

Przyrost liczby ludności wraz z postępującym tempem urbanizacji i industrializacji spowodowały znaczny wzrost wytwarzania odpadów komunalnych i przemysłowych. Ocieki składowiskowe powstające w wyniku rozkładu deponowanych odpadów i przesiekającej przez ich warstwy wody deszczowej, zawierają substancje organiczne w wysokich stężeniach, jak również azot amonowy, metale ciężkie i chlorki. Wysokie zasolenie może skutkować ograniczeniem, a nawet zahamowaniem mikrobiologicznego rozkładu odcieków.

Celem pracy była ocena zdolności mikroskopowego grzyba strzępkowego *Nectriella pironii* IM 6443 do wzrostu w obecności odcieków pobranych ze składowiska odpadów poprodukcyjnych dawnych Zakładów Produkcji Barwników „Boruta” w Zgierzu, barwników azowych, jonów metali ciężkich i chlorku sodu. Ponadto zbadano mechanizmy oporności wobec toksycznych związków wprowadzonych do hodowli grzyba. Uzyskane wyniki wykazały tolerancję grzyba *N. pironii* wobec toksycznych odcieków, co może znaleźć zastosowanie w projektowaniu procesów ich eliminacji.

Badania sfinansowano ze środków Narodowego Centrum Nauki w Krakowie (UMO 2017/27/N/NZ9/02160) i Projektu UKSW 2020 (DEC-INB-12/20).

Assessment of the *Nectriella pironii* fungus resistance to the toxic landfill leachate

Population growth along with the progressive rate of urbanization and industrialization resulted in a significant increase in the production of municipal and industrial waste. Landfill leachate resulting from the decomposition of deposited waste and the rainwater seeping through its layers contains high concentrations of organic substances, as well as ammonium nitrogen, heavy metals and chlorides. High salinity may limit or even inhibit the microbial decomposition of the leachate.

The aim of the study was to evaluate the ability of the microscopic filamentous fungus *Nectriella pironii* IM 6443 to grow in the presence of the leachate collected from the postproduction waste landfill of the former "Boruta" Dye Industry Plant located in Zgierz, as well as azo dyes, heavy metal ions and sodium chloride. In addition, the mechanisms of resistance to toxic compounds introduced into a fungal culture were investigated. The obtained results showed the tolerance of *N. pironii* to toxic leachate, which may be used in the design of its elimination processes.

This study was supported by the National Science Centre of Poland (UMO 2017/27/N/NZ9/02160) and UKSW 2020 Project (DEC-INB-12/20).

Hopanoidy - jako marker diagnostyczny komórek *Legionella fallonii*

Bożena Kowalczyk¹, Katarzyna Pawlik¹, Jacek Tarasiuk¹,
Marta Palusińska-Szyszl¹

¹Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i
Biotechnologii UMCS

Wewnątrzkomórkowe bakterie należące do rodzaju *Legionella* zasiedlają glebę oraz zbiorniki wodne o charakterze naturalnym, jak i antropogenicznym. W procesie adaptacji *Legionella* do różnych środowisk ważną rolę odgrywają składniki ściany komórkowej tych bakterii. Lipidy takie jak fosfatydylocholina, ceramidy oraz hopanoidy, które należą do typowych związków komórek eukariotycznych uczestniczą w oddziaływaniu z komórkami gospodarza. *Legionella fallonii* syntetyzuje hopanoidy. Hopanoidy stanowią grupę pentacyklicznych związków występujących w błonach niektórych bakterii. Pomimo różnic strukturalnych hopanoidy nadają błonom bakteryjnym sztywność i wytrzymałość podobnie jak cholesterol w komórkach eukariotycznych. Związki te obniżają również przepuszczalność błon tworząc lepszą barierę, która chroni komórkę przed zewnętrznymi czynnikami. Celem pracy była charakterystyka lipidów *L. fallonii*, określenie profilu kwasów tłuszczowych zawartych w poszczególnych klasach fosfolipidów przy użyciu chromatografii gazowej sprzężonej ze spektrometrią mas (GC-MS) oraz struktury fosfolipidów wykorzystując technikę MALDI-TOF. Analiza lipidów *L. fallonii* wykazała obecność hopanoidów, które mogą być ważnym markerem identyfikacji tych bakterii.

Hopanoids - as a diagnostic marker of *Legionella fallonii* cells

Intracellular bacteria belonging to the genus *Legionella* inhabit soil and natural and anthropogenic water reservoirs. Components of the cell wall of these bacteria play an important role in the adaptation of *Legionella* to various environments. Lipids such as phosphatidylcholine, ceramides and hopanoids, which are typical compounds of eukaryotic cells, participate in interacting with the host cells. *Legionella fallonii* synthesizes hopanoids. Hopanoids are a group of pentacyclic compounds found in the membranes of some bacteria. Despite their structural differences, hopanoids impart rigidity and strength to bacterial membranes, similar to cholesterol in eukaryotic cells. These compounds also decrease the permeability of membranes, creating a better barrier that protects the cell against external factors. The aim of the study was to characterize the lipids of *L. fallonii*, determination of the profile of fatty acids contained in individual classes of phospholipids using gas chromatography coupled with mass spectrometry (GC-MS) and the structure of phospholipids using the MALDI-TOF technique. The analysis of *L. fallonii* lipids revealed the presence of hopanoids, which may be an important marker of the identification of these bacteria.

Porównanie profili wykorzystania substratów (test Biolog GenIII) przez zidentyfikowane genetycznie bakterie z rodzaju *Azotobacter*

Monika Kozieł¹, Anna Gałązka¹

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Charakterystykę profilu metabolicznego 13 szczepów należących do rodzaju *Azotobacter* wykonano z wykorzystaniem systemu Biolog z użyciem płytek GenIII. Genetycznie zidentyfikowane (na podstawie analiz sekwencji genów 16S rRNA) szczepy *Azotobacter* spp., należące do jednego gatunku *Azotobacter chroococcum* wykazały zróżnicowanie metaboliczne w stosunku do substratów wszystkich analizowanych grup: węglowodanów, aminokwasów, kwasów karboksylowych oraz pozostałych substratów. Szczep A2684 charakteryzował się najwyższą, spośród testowanych, aktywnością metaboliczną (AWCD = 95,007), natomiast najniższą wartość tego wskaźnika (AWCD = 59,628) uzyskano dla szczepu A819. Różnice w katabolizmie poszczególnych grup substratów pomiędzy porównywanymi szczepami prawdopodobnie wynikają z ich zróżnicowania wewnątrzgatunkowego jak i specyfiki gleby, z której zostały wyizolowane.

*Badania wykonano w ramach temat statutowego 1.17 IUNG-PIB „Ocena występowania oraz molekularna identyfikacja wolno żyjących asymilatorów N₂ z rodzaju *Azotobacter* w glebach Polski”*

Comparison of substrate utilization profiles (Biolog GenIII test) by genetically identified bacteria of the genus *Azotobacter*

Characterization of the metabolic profile of 13 strains belonging to the genus *Azotobacter* was performed with the use of the Biolog system using GenIII plates. Genetically identified (based on the analysis of the 16S rRNA gene sequence) strains of *Azotobacter* spp. belonging to one species of *Azotobacter chroococcum* showed metabolic differentiation in relation to the substrates of all analyzed groups: carbohydrates, amino acids, carboxylic acids and other substrates. The A2684 strain was characterized by the highest metabolic activity among the tested (AWCD = 95.007), while the lowest value of this indicator (AWCD = 59.628) was obtained for the A819 strain. The differences in the catabolism of individual groups of substrates between the compared strains probably result from their intraspecific diversity and the specificity of the soil from which they were isolated.

*The research was carried out within the statutory subject 1.17 of IUNG-PIB "Assessment of the occurrence and the molecular identification of free-living N₂ fixers bacteria belonging to the genus *Azotobacter* in Polish soils"*

Ocena przeciwdrobnoustrojowego działania inżynierskich nanomateriałów metalicznych

Oliwia Metryka¹, Daniel Wasilkowski², Agnieszka Mrozik²

¹Szkoła Doktorska, Uniwersytet Śląski w Katowicach, ul. Bankowa 14, 40-032 Katowice;

²Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach, ul. Jagiellońska 28, 40-032 Katowice

W ciągu ostatniej dekady nanotechnologia przyniosła wiele innowacyjnych rozwiązań w wielu dziedzinach życia w odpowiedzi na zmieniające się potrzeby oraz modele konsumpcji. Powszechne stosowanie nanomateriałów, a niejednokrotnie ich nadużywanie, niesie jednak ryzyko niekontrolowanego uwalniania ich do środowiska, gdzie mogą zagrażać organizmom żywym, w tym mikroorganizmom. Dlatego bardzo ważna jest ewaluacja toksycznego działania tego typu struktur przed ich komercyjnym zastosowaniem. Celem badań była ocena wpływu inżynierskich nanomateriałów metalicznych (nCu, nTiO₂ i nCu/TiO₂), otrzymanych drogą syntezy chemicznej, na przeżywalność referencyjnych szczepów bakterii *Escherichia coli* (ATCC® 25922™) i *Bacillus subtilis* (ATCC® 6633™). Dodatkowo zbadano wpływ nanomateriałów na aktywność enzymów antyoksydacyjnych (katalazy, peroksydazy i dysmutazy ponadtlenkowej). Podjęto również próbę analizy interakcji nanomateriałów z komórkami bakteryjnymi po wizualizacji preparatów biologicznych za pomocą skaningowej mikroskopii elektronowej. Wykonane eksperymenty potwierdziły przeciwdrobnoustrojowe działanie nanomateriałów. Ponadto u badanych szczepów stwierdzono istotne, choć różne, zmiany aktywności enzymów triady antyoksydacyjnej oraz morfologii komórek po ekspozycji na nanomateriały.

Evaluation of the antimicrobial activity of engineered metal nanomaterials

Over the past decade, nanotechnology has brought many innovative solutions in many areas of life that respond to changing needs and consumption patterns. The widespread use of nanoparticles, and often their abuse, carries the risk of their uncontrolled release into the environment, where they can threaten living organisms, including microorganisms. Therefore, it is crucial to evaluate the toxic effects of such structures before their commercial application. This study aimed to assess the impact of engineered metallic nanomaterials (nCu, nTiO₂ and nCu/TiO₂), obtained via chemical synthesis, on the survival of reference bacterial strains *Escherichia coli* (ATCC® 25922™) and *Bacillus subtilis* (ATCC® 6633™). Additionally, the influence of nanomaterials on the activity of antioxidant enzymes (catalase, peroxidase, and superoxide dismutase) was investigated. An analysis of the interaction of nanomaterials with bacterial cells using a scanning electron microscope was performed. The conducted experiments confirmed the antimicrobial effect of nanomaterials. Significant, though different, changes in antioxidant triad activity and morphology of bacterial cells exposed to nanomaterials were documented.

Wpływ niektórych czynników ekologicznych na występowanie grzybów zasiedlających resztki keratynowe w glebie

Michał Możejko¹, Justyna Bohacz², Teresa Kornilowicz-Kowalska³

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Wydział Agrobioinżynierii, Katedra Mikrobiologii Środowiskowej

Różnorodność oraz rozmieszczenie grzybów glebowych zależne jest od różnych czynników ekologicznych. Stały dopływ materii keratynowej w postaci nawozów organicznych lub odpadów keratynowych warunkuje bytowanie określonych grup drobnoustrojów, w tym grzybów keratynofilnych.

Celem pracy była ocena występowania i poznanie gatunków grzybów keratynofilnych i nie-keratynofilnych w czterech glebach uprawnych różniących się zawartością C organicznego, N-ogólnego, pH oraz zasobnością w próchnicę.

Łącznie z badanych gleb wyodrębniono 1000 izolatów grzybów, 155 i 324 z gleb brunatnych o najmniejszej zawartości C_{org}, 326 z czarnoziemiu i 195 z rędziny, tj. gleby o największej zawartości C_{org}. Grzyby sklasyfikowano na podstawie cech fenotypowych do 24 rodzajów i 32 gatunków. Pośród grzybów degradujących keratynę wyizolowano dermatofity geofilne, z najliczniejszym gatunkiem *T. ajelloi* (129 izolatów) w glebie brunatnej oraz grzyby z grupy *Chrysosporium* z dominującym w rędzinie gatunkiem *Ct. serratus* (124 izolaty). Wartości współczynnika różnorodności Simpsona dla poszczególnych mikrozbiorowisk grzybów najwyższe były w rędzinie, natomiast najniższe w czarnoziemiu. Występowanie grzybów keratynofilnych najsilniej uwarunkowane było zawartością C_{org} i próchnicy glebowej, najsłabiej zaś pH.

The effect of some ecological factors on the occurrence of fungi inhabiting keratin residues in soil

The variety and distribution of soil fungi depend on various ecological factors. A constant supply of keratin matter in the form of organic fertilizers or keratin waste determines the occurrence of specific groups of microorganisms, including keratinophilic fungi.

The aim of the study was to assess the occurrence and understanding of the species of keratinophilic and non-keratinophilic fungi in four cultivated soils that differ in the content of organic C, N-total, pH and humus content.

In total, 1000 fungal isolates were identified from the studied soils, 155 and 324 from brown soils with the lowest C_{org} content, 326 from chernozem and 195 from rendzina, i.e. soils with the highest C_{org} content. Fungi were classified into 24 genera and 32 species on the basis of phenotypic characteristics. Among the fungi that degrade keratin, geophilic dermatophytes were isolated, with the most numerous species *T. ajelloi* (129 isolates) in brown soil and fungi from the *Chrysosporium* group with the dominant species of *Ct. serratus* (124 isolates). The values of the Simpson diversity coefficient for individual micro-communities of fungi were the highest in rendzina, while the lowest in chernozem. The presence of keratinophilic fungi was the most strongly determined by the content of C_{org} and soil humus, and the weakest by pH.

Krętki *Borrelia burgdorferi* jako bakterie dwóch środowisk a diagnostyka laboratoryjna

Dominika Raś¹, Tomasz Wielkoszyński², Agnieszka Mrozik¹

¹Uniwersytet Śląski w Katowicach, ²„Centrum Medyczne Wielkoszyński” w Dąbrowie Górniczej

Krętki *Borrelia burgdorferi* są czynnikiem etiologicznym boreliozy i funkcjonują w przyrodzie jako obligatoryjne pasożyty. W swoim cyklu życiowym krążą pomiędzy wektorem, jakim jest zazwyczaj kleszcz z rodzaju *Ixodes* a gospodarzem, którym może stać się człowiek. Bakterie te bytując w dwóch tak skrajnie odmiennych środowiskach wykształciły rozmaite mechanizmy umożliwiające im skuteczną kolonizację oraz omijanie odpowiedzi immunologicznej organizmu gospodarza. W procesy te zaangażowane są białka znajdujące się na zewnętrznej błonie komórkowej, takie jak lipoproteina OspC oraz VlsE, będące głównymi antygenami do konstrukcji testów serologicznych diagnozujących boreliozę. Diagnostyka tej choroby wciąż pozostaje jednak dużym wyzwaniem, dlatego konieczne jest ciągle weryfikowanie poprawności otrzymywanych wyników oraz udoskonalanie powszechnie stosowanych metod diagnostycznych. Celem pracy było zaprojektowanie nowego testu serologicznego ELISA i zweryfikowanie jego skuteczności w diagnostyce boreliozy. W efekcie otrzymano test o wysokiej czułości diagnostycznej, wynoszącej 94 – 100%, do detekcji przeciwciał IgM i IgG w ludzkich surowicach. Skonstruowany test posiada duży potencjał aplikacyjny i może stać się przydatnym narzędziem do diagnostyki boreliozy.

*Badania finansowane były ze środków „Centrum Medycznego Wielkoszyński”
w Dąbrowie Górniczej*

Borrelia burgdorferi as bacteria of two environments and laboratory diagnostics

Borrelia burgdorferi spirochetes are the etiological factor of Lyme disease and function in nature as obligatory parasites. They circulate between a vector during their life cycle – usually an *Ixodes* tick and a host that can become a human. These bacteria, living in two extremely different environments, developed various mechanisms enabling them to colonize effectively and bypass the immune response of the host organism. These processes involve proteins on the outer cell membrane, such as the OspC and VlsE lipoproteins, which are the main antigens for constructing serological tests diagnosing Lyme disease. However, the diagnosis of this disease remains a great challenge; therefore, it is necessary to verify the correctness of the obtained results and improve the commonly used diagnostic methods. This study aimed to design a new serological ELISA test and verify its effectiveness in diagnosing Lyme disease. As a result, a test with high diagnostic sensitivity, in the range of 94 - 100%, for detecting IgM and IgG antibodies in human sera was obtained. The proposed new test has great application potential and can become a useful tool for diagnosing Lyme disease.

The research was financed by the "Wielkoszyński Medical Center" in Dąbrowa Górnicza.

Bakterie halofilne vs mikroorganizmy zanieczyszczające zboża

Ewelina Sobolewska^{1,2}, Anna Koziróg¹, Anna Otlewska¹

¹Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności,
Politechnika Łódzka

²Interdyscyplinarna Szkoła Doktorska Politechniki Łódzkiej

W obecnych czasach porażenie zbóż przez grzyby strzępkowe stanowi istotny problem z punktu widzenia rolnictwa. Dlatego też poszukuje się rozwiązań umożliwiających obniżenie poziomu zanieczyszczenia zbóż pleśniami. Ponadto z roku na rok rolnicy mają coraz mniejszy wybór chemicznych środków ochrony roślin, w tym środków grzybobójczych, dlatego też poszukuje się bezpiecznych alternatyw. Jedną z nich mogą być biofungicydy, do których można zaliczyć bakterie halofilne.

Celem badań była ocena właściwości antagonistycznych bakterii halofilnych w stosunku do grzybów strzępkowych zanieczyszczających ziarna zbóż.

Z próbek zbóż wyizolowano 46 gatunków pleśni, które zakwalifikowano do 7 rodzajów. Pleśnie *Fusarium* sp. dominowały w ziarnach pszenicy, a *Penicillium* sp. w ziarnach kukurydzy. W celu zminimalizowania zanieczyszczenia zbóż grzybami strzępkowymi podjęto działania, które mogłyby zahamować ich wzrost. Analizowano właściwości antagonistyczne 45 szczepów bakterii halofilnych w stosunku do 5 szczepów grzybów zaliczanych do rodzajów, które dominowały w badanych zbożach. Wśród bakterii halofilnych znaleziono wiele szczepów z rodzajów *Bacillus*, *Halomonas*, *Kushneria* czy *Dietzia* charakteryzujących się właściwościami antagonistycznymi wobec *Aspergillus* sp., *Penicillium* sp., *Trichoderma* sp. i *Rhizomucor* sp. Wzrost pleśni z rodzaju *Fusarium*, które najczęściej porażają zboża zarówno na różnych etapach rozwoju, jak i ziarna magazynowane, jest zdecydowanie trudniejszy do zahamowania. Wykazano jednak, że halofilne bakterie z rodzaju *Bacillus* działają hamująco na ich wzrost. Można zatem stwierdzić, że szczepy bakterii halofilnych wydają się być doskonałą alternatywą dla chemicznych środków grzybobójczych.

Halophilic bacteria vs grain contaminating microorganisms

Nowadays, the infestation of cereals by filamentous fungi is a significant problem from the agricultural point of view. Therefore, solutions are needed to reduce the level of mold contamination in cereals. From year to year, farmers have less choice of chemical plant protection products like fungicides, which is why safe alternatives are sought. One of them may be biofungicides including halophilic bacteria.

The aim of the study was to assess the antagonistic properties of halophilic bacteria against filamentous fungi contaminating cereal grains.

From cereal samples, 46 species of mold were isolated and classified into 7 genera. *Fusarium* was the most dominant species in wheat, while *Penicillium* sp. in maize grains. In order to minimize the contamination of cereals, actions were taken to inhibit the growth of fungi frequently infecting the grains. The antagonistic properties of 45 halophilic bacteria were analyzed against 5 fungal strains belonging to the genera that dominated the examined cereals.

Among the tested halophilic bacteria, many strains such as *Bacillus*, *Halomonas*, *Kushneria* and *Dietzia* with antagonistic properties against *Aspergillus* sp., *Penicillium* sp., *Trichoderma* sp. and *Rhizomucor* sp. were found.

The growth of *Fusarium* molds, which most often infect cereals at various stages of development and grain storage, is much more difficult to inhibit. However, it has been shown that halophilic bacteria of the genus *Bacillus* successfully inhibit their growth. It may be therefore concluded that strains of halophilic bacteria seem to be an excellent alternative to chemical fungicides.

Nowe gatunki promieniowców wyizolowane z kwaśnej gleby leśnej i ich aktywność przeciwbakteryjna i przeciwgrzybowa

Magdalena Świecimska¹, Patrycja Golińska¹, Magdalena Wypij¹, Michael Goodfellow²

¹Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

²School of Natural and Environmental Sciences, Newcastle University, Newcastle-upon-Tyne, UK

Taksonomiczna pozycja siedmiu szczepów promieniowców wyizolowanych z kwaśnej gleby lasu sosnowego z okolic Torunia została ustalona z użyciem podejścia wielofazowego. Izolaty wstępnie sklasyfikowano na podstawie sekwencji nukleotydowej genu 16S rRNA do rodzaju *Catenulispora* i *Streptomyces*. Izolaty NH11 i NF3 wykazywały największe podobieństwo sekwencji nukleotydowej do *C. acidiphila* (98,6-98,8%) natomiast izolaty NL8 i NF23 do *C. rubra* (98,9-99,1%). Izolaty SL13 i SL54 były najbliższym spokrewnione z *S. ferralitis* (97,4-97,7%) i *S. rubidus* (97,5-97,6%), a izolat NH27 ze *S. yanglinensis* (99,2%). Analiza chemicznych markerów komórkowych potwierdziła przynależność izolatów NH11, NL8, NF3 i NF23 do rodzaju *Catenulispora*, natomiast szczepów SL13, SL54 i NH27 do rodzaju *Streptomyces*. Analiza porównawcza genomów i właściwości fenotypowych pomiędzy izolatami a ich najbliższymi spokrewnionymi sąsiadami wykazała, że izolaty są przedstawicielami 4 nowych gatunków. Genomy tych izolatów charakteryzowały się obecnością klastrow genowych kodujących metabolity o działaniu przeciwdrobnoustrojowym i przeciwnowotworowym. W badaniach *in vitro* wykazano aktywność izolatów wobec bakterii Gram-dodatnich oraz względem grzybów pleśniowych.

Novel species of Actinobacteria isolated from acid forest soil with antibacterial and antifungal activity

Taxonomic status of seven actinobacterial strains isolated from acid soil collected from pine forest near Toruń were established using polyphasic taxonomy. Isolates were identified based on nucleotide sequences of their 16S rRNA genes to genera *Catenulispora* and *Streptomyces*. Isolates NH11 and NF3 shared 98.6-98.8% gene sequence similarity with *C. acidiphila*, while isolates NL8 and NF23 98.9-99.1% gene sequence similarity with *C. rubra* sharing. Isolates SL13 and SL54 were closely related to *S. ferralitis* (97.4-97.7% similarity) and *S. rubidus* (97.5-97.6% similarity), while isolate NH27 to *S. yanglinensis* (99.2% similarity). Analysis of chemical cell markers confirmed that isolates NH11, NL8, NF3 and NF23 belonged to genus *Catenulispora* and strains SL13, SL54 and NH27 to genus *Streptomyces*. The analysis of whole genome and phenotypic properties showed that isolates were representative of four novel species. *In vitro* tests showed antibacterial activity against Gram-positive bacteria, and antifungal activity against filamentous fungi. Genome analysis revealed the presence of multiple gene clusters encoding for metabolites with antimicrobial and antitumor activity.

POSTERY



Właściwości mikrobiologiczne i biochemiczne gleb Nadleśnictwa Stare Jabłonki

Małgorzata Baćmaga, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski, Agata Borowik

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

W pracy określono strukturę zespołów bakterii oraz aktywność enzymatyczną w glebach leśnych należących do podtypu Eutric/Dystric Brunic Arenosols, Eutric/Endocalcaric Cambisols i Haplic/Albic Luvisols. Bakterie organotroficzne i promieniowce najliczniej występowały w glebie Haplic/Albic Luvisols. W tej samej glebie odnotowano najwyższą wartość wskaźnika ekofizjologicznej różnorodności (EP) bakterii organotroficznych i promieniowców. Z kolei indeks rozwoju kolonii (CD) analizowanych grup bakterii był najwyższy w glebie Eutric/Endocalcaric Cambisols. W glebie Eutric/Dystric Brunic Arenosols i Haplic/albic Luvisols dominowały *Alphaproteobacteria* przynależne do *Proteobacteria*, natomiast w glebie Eutric/Endocalcaric Cambisols przeważały *Actinobacteria*. Największą aktywnością enzymatyczną charakteryzowała się gleba Haplic/Albic Luvisols, zaś najmniejszą gleba Eutric/Endocalcaric Cambisols.

Microbiological and biochemical properties of soils in the Stare Jabłonki Forest District

The work the structure of bacterial communities and the enzymatic activity were determined in forest soils representing the following soil subtypes: Eutric/Dystric Brunic Arenosols, Eutric/Endocalcaric Cambisols, and Haplic/Albic Luvisols. Organotrophic bacteria and actinobacteria were the most abundant and featured the highest values of the EP (ecophysiological diversity index) in the Haplic/Albic Luvisols soil. In turn, the CD (colony development index) values of these bacterial groups were the highest in the Eutric/Endocalcaric Cambisols. The Eutric/Dystric Brunic Arenosols and Haplic/albic Luvisols were predominated by *Alphaproteobacteria* belonging to *Proteobacteria*, whereas the Eutric/Endocalcaric Cambisols – by *Actinobacteria*. In turn, the highest enzymatic activity was found for Haplic/Albic Luvisols, while the lowest one for Eutric/Endocalcaric Cambisols.

Różnorodność funkcjonalna mikroorganizmów tworzących mikrobiom *Azolla filiculoides* L.

Artur Banach¹, Agnieszka Kuźniar¹, Anna Marzec-Grządziel², Anna Gałązka²,
Agnieszka Wolińska¹

¹ Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Instytut Nauk Biologicznych, Katedra Biologii i
Biotechnologii Mikroorganizmów

² Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa Państwowy Instytut Badawczy, Zakład
Mikrobiologii Rolniczej

Azolla filiculoides L. jest paprocią wodą posiadającą potencjał do degradacji i akumulacji zanieczyszczeń. Towarzyszy jej mikrobiom, który może uczestniczyć w tych procesach. Ponieważ jego funkcja nie została dobrze rozpoznana, postanowiliśmy odkryć jego potencjał do degradacji związków organicznych. Zastosowaliśmy system fenotypowania mikromacierzowego BiologTM w celu zbadania potencjału mikrobiomu do degradacji 96 związków węgla i czynników stresowych.

Zidentyfikowaliśmy 10 izolatów wykazujących zróżnicowany potencjał o wykorzystania badanych związków. Najefektywniejsza była *Delftia* sp. metabolizująca kwasy organiczne, surfaktanty (w tym oporny Niaaproof 4), barwniki i inne związki organiczne. *Staphylococcus* sp. rósł w najszerszym zakresie pH i efektywnie metabolizował antybiotyki i związki nieorganiczne. *Microbacterium* sp. wykazał najsilniejszy potencjał do metabolizowania węglowodanów i leków, w tym kwas N-acetylneuraminowy, który nie był skutecznie degradowany przez inne szczepy. *Agrobacterium* sp. okazał się skuteczny w degradacji aminokwasów, a *Alcaligenes* sp. wykazał najwyższą tolerancję na stres zasolenia.

Badania sfinansowano z grantu interdyscyplinarnego KUL nr 13/2019

Functional diversity of microorganisms forming microbiome of *Azolla filiculoides* L.

Azolla filiculoides L. is an aquatic fern with a potential for pollutants degradation and accumulation. It is accompanied by a microbiome which may participate in these processes. As its function is now well recognized we aimed to reveal the potential of the microbiome for degradation of organic compounds. We applied the BiologTM Phenotypic Microarrays platform to study the potential of the microbiome for degradation of 96 carbon compounds and stress factors.

We have found 10 isolates displaying varying potential to utilization studied compounds. The most efficient was *Delftia* sp. metabolizing carboxylic acids, surfactants (including persistent Niaaproof 4), dyes, and other organic compounds. *Staphylococcus* sp. grew at the widest range of pH and efficiently metabolized antibiotics and inorganic compounds. *Microbacterium* sp. exhibited the strongest metabolizing potential for carbohydrates and drugs, including N-acetylneuraminic acid, which was difficult to degrade by other strains. *Agrobacterium* sp. was efficient in degradation of amino acids and *Alcaligenes* sp. showed the highest tolerance to salinity stress.

This research was funded by the interdisciplinary grant of John Paul II Catholic University of Lublin number 13/2019

Aktywność owadobójcza izolatów *Bacillus thuringiensis* pozyskanych ze szklarni tropikalnych ogrodu botanicznego

Jakub Baranek¹, Mateusz Pluskota¹, Adam Kaznowski¹, Justyna Wiland-Szymańska²

¹Zakład Mikrobiologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań
Korespondencja: jakbar@amu.edu.pl

²Zakład Botaniki Systematycznej i Środowiskowej, Instytut Biologii Środowiska, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Bacillus thuringiensis to entomopatogenna bakteria, której właściwości insektycydowe są powszechnie wykorzystywane w biologicznej ochronie roślin na całym świecie. Cały czas jednak poszukuje się nowych izolatów o wyższej aktywności owadobójczej i szerszym spektrum wrażliwych gatunków owadów.

W niniejszej pracy określono występowanie *B. thuringiensis* w próbkach gleby, wody i roślin, pochodzących z wyjątkowego środowiska jakim są tropikalne szklarnie Ogrodu Botanicznego UAM. Pozyskane szczepy bakteryjne zostały scharakteryzowane pod względem genetycznym (m. in. analiza klonalna, profil genów kodujących czynniki owadobójcze) i fenotypowym (morfologia i profil białkowy parasporalnych kryształów z użyciem spektrometrii mas). Ponadto, wykazano ich aktywność owadobójczą względem *Spodoptera exigua* (Hüb.) i *Cydia pomonella* (L.) – dwóch ważnych pod względem ekonomicznym szkodników owadów z rzędu Lepidoptera.

Insecticidal activity of *Bacillus thuringiensis* isolates obtained from tropical greenhouses of a botanical garden

Bacillus thuringiensis is an entomopathogenic bacterium, whose insecticidal properties are widely used in biological plant protection all over the world. However, new isolates with higher insecticidal activity and a broader spectrum of target species are constantly being sought.

In this study, the presence of *B. thuringiensis* in soil, water and plant samples from the unique environment of the tropical greenhouses of the AMU Botanical Garden was determined. The obtained bacterial strains have been characterized genetically (clonal analysis, toxin gene profile) and phenotypically (morphology and protein profile of parasporal crystals using mass spectrometry). Moreover, their insecticidal activity has been demonstrated against *Spodoptera exigua* (Hüb.) and *Cydia pomonella* (L.) - two economically important, lepidopteran pests.

Plazmidowo kodowana oporność na kolistynę u szczepów *Enterobacterales* izolowanych od bociana białego (*Ciconia ciconia*) w Polsce i Hiszpanii

Sandra Barańczyk¹, Adam Polilejko¹, Jonasz Strzoda¹,
Zuzanna Zielińska², Zuzanna Jagiełło³, Alejandro Lopez Garcia⁴,
Ryszard Koczura¹, Joanna Mokracka¹

¹ Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Zakład Mikrobiologii

² Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Zakład Biologii i Ekologii Ptaków

³ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Medycyny Weterynaryjnej i Nauk o Zwierzętach, Pracownia Zoologii

⁴ University Complutense of Madrid, Department of Biodiversity, Ecology and Evolution

Kolistyna to antybiotyk z grupy polimyksyn, który stał się lekiem „ostatniej szansy” w leczeniu zakażeń powodowanych przez Gram(-) szczepy odporne na karbapenemy. Do niedawna nabytą oporność na kolistynę stwierdzano rzadko, jednak w ostatnich latach plazmidowo kodowany mechanizm, MCR, rozprzestrzenił się u bakterii izolowanych od ludzi i zwierząt.

Celem badań było kreślenie występowania oporności na kolistynę u szczepów *Enterobacterales* wyizolowanych z 1119 próbek pobranych od bocianów i z ich gniazd na terenie Polski i Hiszpanii w latach 2018-19. Szczepy izolowano na podłożu Chromocult® Coliform Agar z kolistyną (4 µg/ml). Obecność pięciu głównych genów *mcr* wykrywano metodą PCR, a uzyskane amplikony zsekwencjonowano.

Oporne na kolistynę szczepy *Enterobacterales* wykryto w 27,8% (311) próbkach. U pięciu szczepów stwierdzono gen *mcr-1*. Uzyskane wyniki wykazały, że plazmidowe geny *mcr* są obecne u bakterii pochodzących od bociana białego, co stwarza zagrożenie szerzenia się oporności na kolistynę związane z migracją tych ptaków.

Plasmid-mediated resistance to colistin in *Enterobacterales* strains isolated from white stork (*Ciconia ciconia*) from Poland and Spain

Colistin belongs to polymyxin antibiotics. Nowadays, it has become the last-line antimicrobial in infections caused by carbapenems-resistant Gram(-) strains. Acquired resistance to colistin was rare, but in recent years plasmid-mediated resistance mechanism, MCR, has been widely reported in humans and animals.

The aim of the study was to determine the occurrence of colistin-resistant *Enterobacterales* strains isolated from 1119 swabs of chicks and nests of white stork (*Ciconia ciconia*) from Poland and Spain in 2018-19. The strains were selected on Chromocult® Coliform Agar supplemented with colistin (4 µg/ml). Five *mcr* genes corresponding to five major groups were screened by PCR and confirmed by sequencing.

Colistin-resistant *Enterobacterales* strains were found in 27.8% (311) swabs. In five of colistin-resistant strains, the *mcr-1* gene was found. The results provide the evidence that plasmid-encoded *mcr* genes are present in bacteria originating from storks, that poses an additional threat of spreading colistin resistance due to bird migration.

Aktywność enzymatyczna tlenowych bakterii przetrwalnikujących izolowanych z różnych poziomów gleb uprawnych

Justyna Bauza-Kaszewska¹, Barbara Breza-Boruta¹, Anna Piotrowska²,
Barbara Bereda¹

¹Katedra Mikrobiologii i Technologii Żywności, ²Katedra Biogeochemii i Gleboznawstwa
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy

Mikrobiom gleby stanowić może cenne źródło enzymów o potencjale biotechnologicznym. Celem przeprowadzonych badań było określenie zróżnicowania aktywności enzymatycznej tlenowych drobnoustrojów przetrwalnikujących wyizolowanych z różnych poziomów 6 gleb spod uprawy pszenicy oraz lucerny. Próbkę pobierano zarówno z warstw powierzchniowych, jak i zlokalizowanych na głębokości przekraczającej 100 cm. Bakterie wykrywano włączając do procedury izolacji etap „heat-shock”, umożliwiający eliminację z rozcieńczeń glebowych form wegetatywnych (80°C, 15 min.) oraz wykonując posiew na podłoża ogólne oraz selektywne, umożliwiające określenie ich właściwości proteolitycznych oraz amylolitycznych. Uzyskane wyniki potwierdziły występowanie tlenowych bakterii przetrwalnikujących o właściwościach enzymatycznych nawet na najniższych poziomach badanych gleb. Zarówno ogólna liczba drobnoustrojów, jak i liczebność bakterii przetrwalnikujących, malała wraz z głębokością poziomu, z którego pobierano próbki. Liczebność bakterii przetrwalnikujących amylolitycznych była najwyższa w czarnej ziemi wylugowanej podmokłej. Biorąc pod uwagę ekstremalny charakter warunków panujących w głęboko położonych warstwach gleby, enzymy pochodzące od wyizolowanych z nich bakterii przetrwalnikujących mogą być przedmiotem zainteresowania biotechnologii przemysłowej.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu badawczego nr UMO-2018/29/B/NZ9/00982

Enzymatic activity of aerobic spore-forming bacteria isolated from different levels of arable soils

The soil microbiome can be a valuable source of enzymes of biotechnological potential. The aim of the research was to determine the enzymatic activity of aerobic spore-forming microorganisms isolated from different levels of 6 various arable soils. Samples were taken from the surface layers, as well as these located at a depth exceeding 100 cm. Bacteria were detected by including the "heat-shock" stage in the isolation procedure, which allowed for the elimination of vegetative forms from soil dilutions (80°C, 15 min.) and by inoculation on general and selective media. The obtained results confirmed the presence of aerobic spore-forming bacteria even at the lowest levels of the studied soils. Both, the total number of microorganisms and the number of sporulating bacteria decreased with the depth of the tested soil levels. The abundance of amylolytic and proteolytic spore-forming bacteria was highest in leached black soil. Due to the extreme conditions of the deepest soil levels, enzymes derived by the bacteria inhabiting these specific environmental niches may be of great interest to industrial biotechnology.

Research funded by the NCN, research project No. UMO-2018/29 / B / NZ9 / 00982

Wpływ mutacji w sekwencji promotora genu *amiA* na wirulencję pałeczek *Salmonella* Enteritidis

Aleksandra Błachut¹

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu Katedra Biochemii i Biologii Molekularnej,
Uniwersytet Wrocławski Zakład Mikrobiologii

Bakterie z rodzaju *Salmonella* to fakultatywnie beztlenowe, Gram-ujemne pałeczki należące do rodziny *Enterobacteriaceae*. U ludzi najczęściej izolowane są należące do grupy generalistów *S. Enteritidis* i *S. Typhimurium*. Za większą liczbę przypadków klinicznych odpowiada *S. Enteritidis*, dlatego istotna jest molekularna charakterystyka czynników wirulencji tych bakterii. Wiele z nich jest już szeroko scharakteryzowanych, mimo to informacje na temat pozostałych, między innymi *AmiA*, są nieliczne. Fakt ten stał się podstawą do przeprowadzenia badań, których głównym celem było określenie roli polimorfizmu pojedynczego nukleotydu w promotorze genu *amiA* w adhezji oraz inwazji do ludzkich komórek nabłonka jelita.

Kluczowe w doświadczeniu było stworzenie mutantów *S. Enteritidis* 6206_amiA_P125109, *S. Enteritidis* 6206_amiA_6206 w oparciu o zmodyfikowaną metodę zaproponowaną przez Datsenko i Wannera, która opiera się na wykorzystaniu λ Red. Następnie nowoutworzone szczepy zostały przebadane pod względem zmian morfologicznych, agregacji oraz tempa wzrostu. W celu zweryfikowania wpływu SNP w promotorze genu *amiA* na wirulencję pałeczek *Salmonella* przeprowadzono testy adhezyjne i inwazyjne. Wykorzystano do tego linię komórkową Caco-2, która jest najczęściej stosowana do badań nad patogenami bakteryjnymi. Dodatkowo przeprowadzono eksperyment, którego celem było określenie wpływu mutacji w promotorze na oporność na wankomycynę.

Przeprowadzone badania nie wykazały zmian w morfologii, czy agregacji. Testowane szczepy charakteryzowały się zbliżonym tempem wzrostu zarówno w płynnym LB, jak i w medium infekcyjnym. Dodatkowo testy z wykorzystaniem linii komórkowej Caco-2 nie wykazały różnic w poziomie adhezji oraz inwazji otrzymanych mutantów względem szczepu dzikiego. Badania z zastosowaniem wankomycyny wskazują na brak wpływu SNP w promotorze genu *amiA* na zwiększenie/zmniejszenie oporności na ten antybiotyk, ponieważ wszystkie z testowanych szczepów wykazały się podobnym tempem wzrostu.

Przeprowadzone badania i ich wyniki wskazują na brak wpływu polimorfizmu pojedynczego nukleotydu w promotorze genu, kodującego amidazę, na wirulencję testowanych szczepów. Należałoby jednak przeprowadzić bardziej dogłębne, dokładniejsze badania, czy też zastosować szerszy wariant czynników stresowych, które mogą wpływać na ekspresję genów. Jest to niezwykle istotne z uwagi na fakt, że nie znamy funkcji znaczącego odsetka genów bakteryjnych, częściowo dlatego, iż nie wiemy, kiedy i jak są one ekspresjonowane.

Influence of mutation in *amiA* gene promoter sequence on virulence of *Salmonella* Enteritidis

Salmonella are facultatively anaerobic, Gram-negative rods that belong to the *Enterobacteriaceae* family. In humans, the generalists *S. Enteritidis* and *S. Typhimurium* are most often isolated. *S. Enteritidis* is responsible for more clinical cases, so the molecular characterization of virulence factors of these serovar is important. Many of them are already widely characterized, yet information about others, including *AmiA*, is scarce. This fact became the basis for conducting research which main goal was to determine the role of a single nucleotide polymorphism in the promoter of the *amiA* gene in adhesion and invasion of human intestinal epithelial cells.

The crucial aspect of the experiment was to create mutants (*S. Enteritidis* 6206_amiA_P125109, *S. Enteritidis* 6206_amiA_6206) based on the modified method proposed by Datsenko and Wanner, which is based on the use of λ Red recombinase. Then the newly created strains were tested for morphological changes, aggregation and growth rate. To verify the impact of SNP in the *amiA* gene promoter on *Salmonella* virulence, adhesion and invasion assays were performed. For this purpose, the Caco-2 cell line was used. It is most commonly used cell line for research on bacterial pathogens. In addition, an experiment was carried out to determine the effect of mutations in the *amiA* promoter on vancomycin resistance.

The conducted assays did not show any changes in morphology or aggregation. Tested strains had similar growth rates both in liquid LB as well as in infectious medium. In addition, assays using the Caco-2 cell line did not show differences in the level of adhesion and invasion of the obtained mutants relative to the wild strain. Studies using vancomycin indicate no effect of SNP in the *amiA* gene promoter on the increase/decrease of resistance to this antibiotic, since all of the tested strains showed a similar growth rate.

The conducted assays and their results indicate the lack of influence of single nucleotide polymorphism in the gene promoter encoding amidase on the virulence of tested strains. However, more in-depth research should be carried out, or a broader range of stress factors that can affect gene expression should be used. This is extremely important due to the fact that the function of a significant percentage of bacterial genes is not yet known, partly because the way they are expressed still remains unknown.

Impact of drought stress on agricultural soil microbial communities and their enzyme activities

Kalisa Bogati¹, Maciej Walczak^{1, 2}

¹Department of environmental microbiology and Biotechnology, Faculty of Biological and Veterinary Sciences, Nicolaus Copernicus University, Torun 87-100 Poland,
kalisabogati@doktorant.umk.pl; walczak@umk.pl

² Bacto-Tech Sp. z o.o., Gagarina 5/102 Street, 87-100 Toruń

Introduction

Climate changes (mainly variations in temperatures) has negative impact on the water content of soil in turn giving birth to high risk in soil drought. Drought is known to be the prominent environmental stress conditions due to its bad consequences in reducing the growth of plants, their productivity and economic sector. As a result soil microbial communities and enzyme activities are affected which may further cause susceptibility in agricultural activities. Therefore examination on the effect of drought on soil microbial communities and their enzyme activity is important.

Methods

Four agricultural soil samples were collected at zero, one, two, four and eight week. Microbiological analyses conducted changes in: number of bacterial, fungi and actinomycetes cells. The dynamic of investigated microorganism's number were estimated by typical cultivation methods using Plate count agar containing cycloheximide, Rose Bengal agar containing chloramphenicol and manually prepared actinomycetes media containing cycloheximide. The changed in functional biodiversity were analyzed with the help of Biolog EcoPlates. Soil pH and humidity was also measured. Determination of soil enzyme activities (phosphatases, urease, dehydrogenases and hydrolases were also carried out with typical spectrophotometrically methods.

Results and conclusions

Significant differences in the number of actinomycetes and fungi and weak differences in the number of bacterial cells were observed. In case of enzymes, there was strong difference in dehydrogenase activity but no significant difference in urease and hydrolase activity. We also observed important differences in transformation of sugars, organic compounds and amino acids during drought conditions. This study helps us to understand the consequences of environmental stress i.e. drought on agricultural soil system. Therefore determination of soil microbial community and enzymes are important assets to understand the overall changes in the soil.

Zmiany aktywności i różnorodności metabolicznej mikroorganizmów glebowych po wprowadzeniu biopreparatu keratynowego

Justyna Bohacz¹, Małgorzata Majewska², Teresa Kornilowicz-Kowalska¹,
Jolanta Jaroszuk-Ścisiel², Michał Możejko¹

¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Wydział Agrobiżynierii; ² Uniwersytet Marie-Curie Skłodowskiej w Lublinie, Wydział Biologii i Biotechnologii

Wprowadzenie do gleb nawozów organicznych jak i mineralnych użyznia glebę, stymuluje wzrost roślin oraz przyczynia się do zmiany liczebności i aktywności mikroorganizmów glebowych warunkowanej dostępnością wprowadzanych substratów.

Celem badań była okresowa analiza dynamiki zmian różnorodności (H') i aktywności metabolicznej zespołu mikroorganizmów glebowych (AMR, ang. Average Metabolic Response) po wprowadzeniu hydrolizatu keratynowego otrzymanego na drodze grzybowej biodegradacji pierza kurcząt. Analizy ilości oraz intensywności mineralizacji substratów węglowych systemu Biolog®EcoPlate wykonano w glebie wzbogaconej hydrolizatem z obsadą gorczycy białej *Sinapis alba* L. i bez obsady roślin wobec prób kontrolnych.

Aktywność i różnorodność metaboliczna zespołu mikroorganizmów glebowych była zależna od czasu inkubacji gleby wzbogaconej hydrolizatem bez i z obsadą roślin. Wartości H' i AMR były najwyższe w glebie nawożonej hydrolizatem i z obsadą roślin i różniły się od prób kontrolnych. Wskazuje to na pozytywny wpływ hydrolizatów na aktywność i zróżnicowanie poziomu wykorzystania substratów węglowych przez zespoły mikroorganizmów glebowych.

Changes in the activity and metabolic diversity of soil microorganisms after introduction of keratin hydrolysate

The introduction of organic and mineral fertilizers to soils fertilizes the soil, stimulates plant growth, and contributes to the change in the number and activity of soil microorganisms determined by the availability of introduced substrates.

The aim of the study was to perform a periodic analysis of the dynamics of changes in the diversity (H') and metabolic activity of the soil microorganism complex (AMR, Average Metabolic Response) after introduction of keratin hydrolysate obtained by fungal biodegradation of chicken feathers. The amount and intensity of mineralization of carbon substrates of the Biolog®EcoPlate system were analyzed in hydrolysate-enriched soil with white mustard *Sinapis alba* L. and without plant stock vs. control samples.

The activity and metabolic diversity of the soil microorganism complex depended on the incubation time of the hydrolysate-enriched soil without and with plants. The highest H' and AMR values were recorded in the hydrolysate-fertilized soil and with the plant stock and differed from the control samples. This indicates a positive effect of the hydrolysates on the activity and differences in the level of utilization of carbon substrates by the soil microbial community.

Wrażliwość bakterii glebowych oraz *Brassica napus* na działanie Ni^{2+} , Co^{2+} i Cd^{2+}

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

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Celem badań było określenie wpływu Ni^{2+} , Co^{2+} i Cd^{2+} na różnorodność funkcjonalną i genetyczną bakterii. Badania wykonano w doświadczeniu wazonowym. Rośliną doświadczalną była *Brassica napus*. Wykazano, że zanieczyszczenie gleby badanymi metalami ciężkimi istotnie zmieniało różnorodność mikrobiologiczną gleby. Spośród wszystkich testowanych metali ciężkich, Ni^{2+} powodował największe zmiany w mikrobiomie gleby, a Cd^{2+} najmniejsze. Metale ciężkie powodowały zmiany w proporcjach między mikroorganizmami strategii r i strategii K. Ekofizjologiczna różnorodność mikroorganizmów była wyższa w glebie zanieczyszczonej metalami ciężkimi niż niezanieczyszczonej. Analiza metagenomiczna wykazała, że dominującymi phylum były *Actinobacteria* i *Proteobacteria*. Bakterie należące do rodzaju: *Arthrobacter*, *Devosia*, *Kaistobacter*, *Paenibacillus*, *Phycococcus*, *Rhodoplanes*, *Thermomonas* stanowiły mikrobiom wspólny zarówno dla gleby niezanieczyszczonej jak i zanieczyszczonej metalami ciężkimi. Bakterie te charakteryzują się wysoką tolerancją na zanieczyszczenie gleby Cd^{2+} , Co^{2+} i Ni^{2+} . *Brassica napus* okazała się rośliną przydatną do fitostabilizacji, gdyż akumulowała metale ciężkie głównie w korzeniach.

Sensitivity of soil bacteria and *Brassica napus* to Ni^{2+} , Co^{2+} and Cd^{2+}

The aim of this study was to determine the effects of Ni^{2+} , Co^{2+} and Cd^{2+} on the functional and genetic diversity of bacteria. The study was performed in a pot experiment. The test plant was *Brassica napus*. It was shown that soil contamination with the tested heavy metals significantly changed the microbial diversity of the soil. In the group of the analyzed heavy metals, Ni^{2+} induced the greatest and Cd^{2+} induced the smallest changes in the soil microbiome. Heavy metals contributed to changes in the values of the colony development (CD) index and the ecophysiological diversity (EP) index. Exposure to heavy metals modified the proportions of r- and K-strategists in soil. The microbial EP index was higher in treatments contaminated with heavy metals than in uncontaminated soil. The metagenomic analysis revealed that *Actinobacteria* and *Proteobacteria* were the dominant bacterial phyla. Bacteria of the genera *Arthrobacter*, *Devosia*, *Kaistobacter*, *Paenibacillus*, *Phycococcus*, *Rhodoplanes* and *Thermomonas* were identified in uncontaminated soil as well as in treatments contaminated with heavy metals. These bacteria are highly resistant to soil contamination with Cd^{2+} , Co^{2+} and Ni^{2+} . *Brassica napus* turned out to be a plant useful for phytostabilization as it accumulated heavy metals mainly in the roots.

Reakcja mikrobiomu i wybranych gatunków traw na zanieczyszczenie gleby produktami ropopochodnymi

Agata Borowik, Jadwiga Wyszkowska, Jan Kucharski

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Problem zanieczyszczenia gruntów ornych i wód produktami ropopochodnymi jest wciąż aktualny. Wynika to między innymi z doskonalenia technologii wytwarzania produktów ropopochodnych, zmierzających do zmniejszenia zużycia paliw. W celu ustalenia oddziaływania benzyny na właściwości mikrobiologiczne i biochemiczne gleby przeprowadzono badania wazonowe, w którym glebę Eutric Cambisol zanieczyszczono benzyną i obsiano wybranymi gatunkami traw. Oznaczono skład mikrobiomu gleby metodami hodowlanymi i metodą metagenomiczną, aktywność siedmiu enzymów oraz oddziaływanie traw na degradację węglowodorów. W wyniku badań stwierdzono, że w glebie zanieczyszczonej benzyną następuje zakłócenie równowagi mikrobiologicznej oraz biochemicznej. Użyta w badaniu benzyna istotnie zwiększa liczebność bakterii i grzybów hodowlanych oraz obfitość phylum *Proteobacteria* i zmniejsza obfitość phylum *Actinobacteria* i *Acidobacteria*. W strukturze zespołów zwiększa się udział bakterii strategii k i grzybów strategii r. Najmniej wrażliwe na zanieczyszczenie gleby benzyną były bakterie z rodzaju *Kaistobacter* i *Burkholderia*. Rośliny z rodziny *Poaceae* okazały się skuteczne w remediacji gleby zanieczyszczonej benzyną, gdyż przyspieszały degradację węglowodorów i zwiększały różnorodność genetyczną bakterii.

The reaction of the microbiome and selected grass species to soil contamination with petroleum products

The problem of contamination of arable land and water with oil products is still present. It results, inter alia, from the improvement of the technology of producing petroleum products, aimed at reducing fuel consumption. In order to determine the effect of petrol on the microbiological and biochemical properties of the soil, pot tests were carried out, in which the Eutric Cambisol soil was contaminated with petrol and sown with selected species of grass. The composition of the soil microbiome was determined by breeding and metagenomic methods, the activity of seven enzymes and the impact of grasses on the degradation of hydrocarbons. As a result of the research, it was found that in soil contaminated with petrol, the microbiological and biochemical balance is disturbed. The petrol used in the study significantly increased the number of cultivated bacteria and fungi as well as the abundance of *Proteobacteria* phylum and decreased the abundance of *Actinobacteria* and *Acidobacteria* phylum. The share of strategy k bacteria and strategy r fungi is increasing in the structure of the groups. The least sensitive to soil contamination with petrol were bacteria of the *Kaistobacter* and *Burkholderia* genera. Plants of the *Poaceae* family proved to be effective in remediating petrol contaminated soil by accelerating the degradation of hydrocarbons and increasing the genetic diversity of bacteria.

Aktywność mikrobiologiczna, enzymatyczna oraz właściwości chemiczne gleb zróżnicowanych typologicznie i intensywnie użytkowanych rolniczo

Barbara Breza-Boruta¹, Anna Piotrowska-Długosz², Jacek Długosz²

¹Katedra Mikrobiologii i Technologii Żywności, ²Katedra Biogeochemii i Gleboznawstwa, Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy

Celem badań było porównanie właściwości mikrobiologicznych, aktywności enzymatycznej oraz wybranych parametrów chemicznych w różnych typach gleb poddanych wieloletniej uprawie winorośli i sadowniczej. Materiał glebowy został pobrany w czerwcu i wrześniu 2020 r. na terenie 4 winnic (próbki 1- 4)) oraz 4 sadow jabłoniowych (próbki 5 - 8). Analizy mikrobiologiczne obejmowały określenie liczebności bakterii ogółem, promieniowców, grzybów strzępkowych, kopiotrofów i oligotrofów. Badano również aktywność enzymów przemian C, N i P (dehydrogenazy, katalazy, CMC-celulazy, proteazy, fosfatazę kwaśną i alkaliczną) oraz parametry chemiczne (C org., przyswajalne formy P, K, Mg, kationową pojemność wymienną oraz pH). Badany materiał glebowy zgodnie z systematyką gleb Polski PTG należał do gleby płowej typowej (próbki 1, 4, 5 i 7), regosolu próchnicznego (2), płowej zerodowanej (3), czarnej ziemi iluwialnej (6) oraz gleby rdzawej typowej (8). Wykazano istotnie większą liczebność drobnoustrojów i aktywność enzymatyczną w czarnej ziemi i regosolu próchnicznym niż glebach płowych, niezależnie od sposobu ich użytkowania rolniczego. Z kolei zawartość przyswajalnych form P i K była najwyższa w glebie płowej spod sadow (5 i 7), a ich wartość wskazywała na przenawożenie upraw.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu badawczego nr UMO-2018/29/B/NZ9/00982 (2019-2022)

Microbiological and enzymatic activity as well as chemical properties of soils that are typologically diverse and intensively used for agriculture

The aim of the research was to compare the microbiological properties, enzymatic activity and selected chemical parameters in various types of soils in grapevine and orchard cultivation. The soil material was collected in June and September 2020 in 4 vineyards (samples 1 - 4) and 4 apple orchards (samples 5 - 8). Microbiological analyzes included the determination of the number of total bacteria, actinomycetes, filamentous fungi, copiotrophs and oligotrophs. The activity of enzymes (dehydrogenase, catalase, CMC-cellulase, protease, acid and alkaline phosphatase) and chemical parameters (organic carbon, assimilable P, K, Mg forms, cation-exchange capacity and pH) were also tested. The number of microorganisms and enzymatic activity in Stagnic Luvisol Phaeozems and Dystric Regosol Soil were significantly higher than in Luvisol Soil, regardless of the type of agricultural use. On the other hand, the content of assimilable forms of P and K was the highest in the Luvisol Soil under the orchards (5 and 7), and their value indicated that the crops were over-fertilized.

The research was financially supported by the National Science Center project no. UMO-2018/29/B/NZ9/00982 (2019-2022)

***Serratia proteamaculans* KP32 w biokontroli grzybowych patogenów roślin**

Daria Chlebek, Valeriia Grebtsova, Katarzyna Hupert-Kocurek

Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Wydział Nauk Przyrodniczych,
Uniwersytet Śląski, ul. Jagiellońska 28, 40-032 Katowice

Mikroorganizmy wykazujące oddziaływania antagonistyczne wobec fitopatogenów stanowią alternatywę pozwalającą na ograniczenie stosowania chemicznych środków ochrony roślin. Rodzaj tych oddziaływań jest często cechą szczepową, zależy również od rodzaju interakcji między antagonistą a patogenem i rośliną. W biokontroli, istotną rolę mogą pełnić bakterie endofityczne. Celem badań była ocena zdolności szczepu *Serratia proteamaculans* KP32 wyizolowanego z korzeni pietruszki pospolitej (*Petroselinum crispum*) do hamowania wzrostu fitopatogenów grzybowych z rodzaju *Rhizoctonia*, *Fusarium*, *Colletotrichum*, *Sclerotinia* oraz *Phoma*. Ponadto, badania miały na celu identyfikację mechanizmów odgrywających kluczową rolę w kontroli patogenów przez szczep KP32. Testy antagonistyczne wykazały, iż szczep KP32, dzięki produkcji lotnych oraz dyfuzyjnych związków, hamuje wzrost badanych grzybów, a wyniki testów biochemicznych potwierdziły możliwość udziału różnych mechanizmów w tym procesie. Badany szczep KP32 produkował enzymy lityczne siderofory, cyjanowodór, acetoinę i 2,3-butanodiol, wykazywał również zdolność mobilizacji fosforanów.

***Serratia proteamaculans* KP32 in biocontrol of fungal phytopathogens**

Microorganisms exhibiting antagonistic activity against phytopathogens offer a sustainable alternative to chemical pesticides. The type of antagonistic interactions is often strain-dependent and relies on the kind of interaction between the antagonist, the pathogen, and the plant. Endophytic bacteria may play an essential role in biocontrol. The aim of the study was to assess the ability of *Serratia proteamaculans* KP32, isolated from the roots of parsley (*Petroselinum crispum*), to inhibit the growth of fungal phytopathogens of the genus *Rhizoctonia*, *Fusarium*, *Colletotrichum*, *Sclerotinia*, and *Phoma*. In addition, the research aimed to identify the mechanisms that play a crucial role in the biocontrol of pathogens by the KP32 strain. Antagonistic tests showed that the KP32 strain inhibits the growth of phytopathogens due to the production of volatile and diffusible compounds. The results of *in vitro* bioassays confirmed the potential of KP32 in inhibiting the growth and development of phytopathogens through various mechanisms. It was demonstrated that the KP32 strain produced lytic enzymes siderophores, acetoin, and 2,3-butanediol. The ability of the strain to phosphate mobilization was also demonstrated.

Zanieczyszczenie mikrobiologiczne powietrza sali ćwiczeń w normalnym trybie zajęć i po wprowadzeniu ograniczeń Covid19

Maria J. Chmiel, Aleksandra Jaracz, Gabriela Drzymała

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

Przeprowadzone badania miały na celu porównanie stopnia zanieczyszczenia bakteriologicznego i mykologicznego powietrza w sali laboratoryjnej, w której prowadzone są zajęcia dla studentów w normalnym trybie pracy i po wprowadzeniu ograniczeń związanych z epidemią SarsCov19. Analizy przeprowadzono w latach 2017 i 2021. Badania wykonano z wykorzystaniem 6-cio stopniowego impaktora kaskadowego Andersena. Tło stanowiło powietrze atmosferyczne, korytarz oraz sala ćwiczeń przed wejściem studentów na zajęcia. Średnie zanieczyszczenie bakteriologiczne sali przed wejściem studentów zmniejszyło się z 2699 w roku 2017 do 155 jtk·m⁻³ w 2021r., a mykologiczne z 699 do 75 jtk·m⁻³. Podczas trwania zajęć, po wprowadzeniu ograniczeń, zanieczyszczenie również uległo istotnemu ograniczeniu: bakteriologiczne z średnio 1481 do 554 jtk·m⁻³, mykologiczne z 625 do 51 jtk·m⁻³. Zmniejszona migracja studentów przyczyniła się również do spadku zawartości bioaerozolu w korytarzu. Bakterie w postaci frakcji respirabilnej w pomieszczeniach w 2017r. stanowiły 81-91%, a w 2021r. 74-80% zanieczyszczeń bakteryjnych, grzyby odpowiednio 82-96% i 95-100%. Na podstawie uzyskanych wyników potwierdzono skuteczność wprowadzonych zmian w ograniczeniu rozprzestrzeniania się mikrobioaerozolu.

Microbiological contamination of the air in the lab in the normal course of classes and after the introduction of Covid19 restrictions

The study aimed to compare the degree of mycological and bacteriological contamination of the air in the laboratory room in which classes are held for students in normal operation and after the introduction of restrictions related to the outbreak SarsCov19. The analyzes were carried out in 2017 and 2021. The research was carried out with the use of the Andersen 6-stage cascade impactor. The background was the atmospheric air, the corridor and the lab room before the students entered the classes. The average bacteriological contamination of the lab before students' entrance decreased from 2699 in 2017 to 155 cfu·m⁻³ in 2021, and mycological from 699 to 75 cfu·m⁻³. During the course, after the introduction of restrictions, the contamination was also significantly reduced: bacteriological from an average of 1481 to 554 cfu·m⁻³, mycological from 625 to 51 cfu·m⁻³. Reduced student migration also contributed to a decline in bioaerosol content in the corridor. Indoors bacteria in the form of a respirable fraction in 2017 accounted for 81-91% and in 2021 74-80% of bacterial contamination, fungi 82-96% and 95-100% respectively. The results confirmed the effectiveness of the introduced changes in limiting the spread of microbial aerosol.

Różnorodność genetyczna mikroorganizmów w profilu gleby płowej typowej pod uprawą pszenicy i lucerny

Magdalena Frąć^{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, Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy, ul. Bernardyńska 6, 85-029 Bydgoszcz

Mikroorganizmy odgrywają istotną rolę w funkcjonowaniu środowiska glebowego, a ich struktura w profilu glebowym zależy od wielu czynników, w tym sposobu użytkowania gleby. Celem przeprowadzonych badań było rozpoznanie różnorodności genetycznej mikroorganizmów w profilu gleby płowej typowej pod uprawą pszenicy i lucerny. Próbkę gleby pobrano z pięciu poziomów profilu glebowego (od 0-30 cm do >144 cm), a następnie po ekstrakcji DNA i amplifikacji regionu 16S rDNA uzyskane amplicony poddano analizie sekwencjonowania następnej generacji z wykorzystaniem platformy MiSeq Illumina. Przeprowadzone badania wykazały występowanie różnic w składzie mikrobiomu zarówno w poszczególnych warstwach profilu glebowego, jak również biorąc pod uwagę uprawianą roślinę. Alfaproteobakterie nieznacznie dominowały w glebie pobranej spod lucerny w porównaniu do próbek pochodzących z uprawy pszenicy, podczas gdy aktynobakterie przeważały w glebie pod pszenicą w stosunku do lucerny. Zaobserwowano również pojawianie się gamma- i delta-proteobakterii w głębszych warstwach profilu glebowego pod uprawą obu roślin. Natomiast bakterie należące do klasy Solibacteres występowały tylko w wierzchniej warstwie gleby pod uprawą lucerny.

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

Genetic diversity of microorganisms in Haplic Luvisols profile under wheat and lucerne cultivation

Microorganisms play an important role in the functioning of the soil environment, and their structure in the soil profile depends on different factors, including the soil use. The aim of the research was to identify the genetic diversity of microorganisms in the Haplic Luvisols profile under the cultivation of wheat and lucerne. Soil samples were collected from five soil profile layers (from 0-30 cm to > 144 cm), and after DNA extraction and amplification of the 16S rDNA region, the obtained amplicons were analyzed via next generation sequencing using the MiSeq Illumina platform. The research indicated the differences in the microbiome composition, both in the individual layers of the soil profile, as well as in terms of the cultivated plant. Alfaproteobacteria slightly dominated the soil under lucerne compared to the wheat cultivation, while actinobacteria predominated in the soil under wheat compared to lucerne. The gamma- and delta-proteobacteria was observed in the deeper layers of the soil profile under the cultivation of both plants. Bacteria belonging to the Solibacteres class were present only in the topsoil under lucerne cultivation.

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

Porównanie profilu metabolicznego mikroorganizmów glebowych w warunkach symulowanej powodzi oraz naturalnego zjawiska hydrologicznego

Karolina Furtak^{1*}, Anna Gałązka¹

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

Cel pracy stanowiło porównanie zmian w potencjale metabolicznym (EcoPlate™ Biolog®) mikroorganizmów glebowych zachodzących w wyniku symulowanej powodzi oraz naturalnego zdarzenia hydrologicznego. Materiał badawczy stanowiły trzy mady pobrane z Małopolskiego Przełomu Wisły w woj. lubelskim: mada średnia (M1), mada lekka (M2), mada bardzo lekka (M3). Do doświadczenia modelowego użyto gleb pobranych w formie bloków (30x30 cm), które umieszczono w pojemnikach, a następnie zalano wodą rzeczną na wysokość 5 cm nad powierzchnię gleby. Naturalne zdarzenie hydrologiczne miało miejsce w maju 2019 roku, kiedy w wyniku obfitych opadów rzeka Wisła wezbrała i zalała tereny, z których wcześniej pobierano mady do doświadczenia. Woda powodziowa utrzymywała się przez 7 dni na poziomie do ok. 45 cm. Analizie poddano świeże mady rzeczne oraz mady pobrane po 7 dniach powodzi symulowanej i naturalnej.

Wyniki wskazują, że tylko w przypadku mady bardzo lekkiej (M3) zaobserwowano korelację pomiędzy aktywnością metaboliczną mikroorganizmów w glebie po 7 dniach powodzi naturalnej, a symulowanymi warunkami.

Badania wykonano w ramach zadania 1.4 Programu Wieloletniego IUNG-PIB 2016-2020: Ocena i kształtowanie bioróżnorodności środowiska glebowego oraz aktywności mikrobiologicznej gleb z uwzględnieniem warunków siedliskowych i systemów gospodarowania, oraz w ramach realizacji dotacji dla młodych naukowców w roku 2018: Wpływ letnich powodzi na zmiany bioróżnorodności strukturalnej i funkcjonalnej mikrobiomu wybranych mad rzecznych, finansowanej z Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego

Comparison of the metabolic profile of soil microorganisms under conditions of a simulated flood and a natural hydrological event

The aim of research was to compare changes in the metabolic potential (EcoPlate™ Biolog®) of soil microorganisms occurring as a result of a simulated flood and a natural hydrological event. The research material consisted of three fluvisols collected from the Małopolski Przełom Wisły in the Lubelskie voivodeship: medium fluvisol (M1), light fluvisol (M2), very light fluvisol (M3). For the model experiment, soils were taken in the form of blocks (30x30 cm), which were placed in containers and then flooded with river water to the height of 5 cm above the soil surface. A natural hydrological event occurred in May 2019 when, as a result of heavy rainfall, the Vistula River flooded the areas from which the soils for the experiment had previously been taken. Flood water remained at a level of up to about 45 cm for 7 days. Fresh river muds and muds taken after 7 days of simulated and natural flood were analysed.

The results show that only in the case of the very light (M3) fluvisol a correlation was observed between the metabolic activity of soil microorganisms after 7 days of natural flooding and the simulated conditions.

Wpływ wieloletniego użytkowania słomy na mikrobiom gleby, potencjał metaboliczny i plon roślin

Anna Gałązka¹, Karolina Gawryjolek¹, Jarosław Grządziel¹, Jarosław Ciepiał¹,
Anna Marzec-Grządziel¹, Marcin Przybyś², Janusz Smagacz³

¹Zakład Mikrobiologii Rolniczej, IUNG-PIB, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

²Zakład Hodowli i Biotechnologii Roślin w Puławach, IUNG-PIB w Puławach

³Zakład Systemów i Ekonomiki Produkcji Roślinnej, IUNG-PIB w Puławach

Doświadczenie polowe przeprowadzono w RZD Grabów w Polsce w latach 2017-2018 na glebie płowej. Porównano następujące warianty: 1) kontrola – bez użycia słomy; 2) słoma zaorana jednorazowo w rotacji (słoma rzepakowa); 3) słoma zaorana dwukrotnie w rotacji (słoma rzepakowa i pszeniczna); 4) słoma zaorana trzykrotnie w rotacji (rzepak, pszenica i pszenżyto) 5) słoma zaorana trzykrotnie w rotacji (rzepak, pszenica i pszenżyto) bez dodatkowego nawożenia słomy azotem. Próbkę gleby do określenia profilu metabolicznego (Biolog EcoPlates) i bioróżnorodności strukturalnej (Next Generation Sequencing), w zależności od badanych czynników, pobrano w czerwcu w obu latach. Najwyższą aktywność biologiczną gleb stwierdzono w próbkach glebowych do dwukrotnego wykorzystania słomy w zmianowaniu, zarówno w uprawie rzepaku ozimego, pszenicy ozimej, jak i pszenżyta ozimego. Ponadto zaobserwowano dużą zmienność struktury drobnoustrojów, szczególnie w połączeniu ze słomą w trzech rotacjach.

The impact of long-term use of straw on soil microbiome, metabolic potential and plant yield

The field experiment was carried out at RZD Grabów, Poland in 2017-2018 on lessive soil. The following variants were compared: 1) control - without the use of straw; 2) straw plowed in once in rotation (rape straw); 3) straw plowed twice in rotation (rape and wheat straw); 4) straw plowed three times in rotation (rape, wheat and triticale straw) 5) straw plowed three times in rotation (rape, wheat and triticale straw) without additional nitrogen fertilization for the straw. Soil samples for the determination of the metabolic profile (Biolog EcoPlates) and structural biodiversity (Next Generation Sequencing), depending on the tested factors, were collected in both years in June. The highest biological activity of soils was found in soil samples for the use of straw twice in rotation, both in the cultivation of winter rape, winter wheat and winter triticale. Moreover, a high variability in the structure of the microorganisms was observed, in particular in combination with straw in three rotations.

The research was carried out as part of the topic under the statutory activity 3.18 "The impact of long-term use of straw and manure on the organic carbon cycle, humus quality as well as soil fertility and type" (2017-2020).

Aktywność mikrobiologiczna pod drzewami jako wskaźnik potencjalnego wietrzenia biologicznego i formowania gleby – w kierunku lepszego zrozumienia dynamiki systemu Ziemi

Anna Gałązka¹, Jarosław Grządziel¹, Anna Marzec-Grządziel¹, Łukasz Pawlik²

¹Zakład Mikrobiologii Rolniczej, IUNG-PIB, ul. Czarторыskich 8, 24-100 Puławy

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

Celem badań była odpowiedź na jedno z wielkich pytań w naukach o Ziemi, tj. jak czynniki biologiczne, jako krytyczny interfejs między biosferą a środowiskiem abiotycznym, kształtują ewolucję gleby i krajobrazu? W niniejszym opracowaniu pytamy, jaki jest poziom aktywności mikrobiologicznej w systemach korzeniowych drzew i jak może ona wpływać na wietrzenie biologiczne. Obszarem zainteresowania (AOI) był przełom rzeki Poprad w południowej części Beskidu Sądeckiego. Pasma górskie należy do Zewnętrznych Karpat Zachodnich i jest zbudowane głównie ze skał fliszowych, składających się z piaskowców, mułowców i zlepieńców. Obszar jest nadal aktywny neotektonicznie. Teren badań znajduje się na stromej stronie doliny skierowanej na północ; ok. 250 m od rzeki Poprad. Próbkę gleby pobrano w 2021 r. Określono podstawowe parametry fizykochemiczne gleb, określono zróżnicowanie strukturalne bakterii i grzybów (NGS) oraz ocenę profilu metabolicznego gleb (Biolog EcoPlates i FFPlates).

Microbiological activity under trees as an indicator of potential biological weathering and soil formation – towards a better understanding of the Earth system dynamics

The aim of the study was to answer one of the big questions in the Earth sciences, i.e., how biological agents, as the critical interface between the biosphere and the abiotic environment, shape soil and landscape evolution? Within the present study we ask what is the level of microbiological activity within root systems of trees and how it can influence biological weathering. The area of interest (AOI) was in the Poprad River gorge in the southern part of the Sączy Beskidy mountains. The mountain range belongs to the Outer Western Carpathians and is predominantly built of flysch rocks consisting sandstones, mudstones and conglomerates. The area is still neotectonically active. The study site is on a steep north-facing valley side; approximately 250 m from the Poprad River. Soil samples were collected in 2021. The basic physical and chemical parameters of soils were determined, as well as the determination of structural diversity of bacteria and fungi (NGS) and the assessment of the metabolic profile of soils (Biolog EcoPlates and FFPlates).

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

Bioróżnorodność bakterii i potencjał metaboliczny w ryzosferze olszy czarnej (*Alnus glutinosa*), brzozy brodawkowatej (*Betula pendula*) i sosny zwyczajnej (*Pinus sylvestris*) - Badania wstępne

Anna Gałązka¹, Jarosław Grządziel¹, Jacek Niedźwiecki², Anna Marzec-Grządziel¹, Karolina Gawryjolek¹

¹Zakład Mikrobiologii Rolniczej, IUNG-PIB, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

²Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów, IUNG-PIB w Puławach

Celem badań było określenie bioróżnorodności strukturalnej i funkcjonalnej mikroorganizmów glebowych zasiedlających ryzosferę trzech wybranych gatunków drzew: *Alnus glutinosa*, *Betula pendula* i *Pinus sylvestris*. Próbkę gleby pobrano w 2019 roku z lasu mieszanego zlokalizowanego w pobliżu Rolniczego Zakładu Doświadczalnego IUNG-PIB w Osinach. Każdą próbkę pobrano w trzech powtórzeniach biologicznych. Określono podstawowe parametry fizykochemiczne gleb, oznaczono aktywność enzymatyczną oraz przeprowadzono ocenę profilu metabolicznego gleb (Biolog EcoPlates). Najwyższą aktywność metaboliczną na płytkach EcoPlates zaobserwowano w glebie pobranej spod olszy czarnej i brzozy brodawkowatej. Z kolei gleba pobrana spod sosny zwyczajnej charakteryzowała się znacznie niższą aktywnością biologiczną i mniejszym potencjałem metabolicznym.

Bacterial biodiversity and metabolic potential in rhizosphere of black alder (*Alnus glutinosa*), silver birch (*Betula pendula*) and scots pine (*Pinus sylvestris*) - Preliminary study

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 from a mixed forest located near the Agricultural Experimental Station IUNG-PIB in Osiny, Poland. Each sample was collected in three biological replicates. The basic physical and chemical parameters of soils were determined, as well as the determination of enzymatic activity and the assessment of the metabolic profile of soils (Biolog EcoPlates). The highest metabolic activity on EcoPlates plates 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 research was carried out as part of the implementation of the project: NCN 2019/33/B/ST10/01009 and also the topic No. 1.27 "Structural and functional characteristics of the biodiversity of soil microorganisms in the forest and agricultural ecosystem", (2019-2021)

Identyfikacja genetyczna oraz charakterystyka potencjału metabolicznego szczepów bakterii wyizolowanych z ryzosfery roślin rosnących w niekorzystnych warunkach środowiska

Karolina Gawryjołek, Anna Gałązka, Jarosław Grządziel

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstw – Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

Rośliny w trakcie wzrostu narażone są na szereg niesprzyjających warunków środowiska, zarówno biotycznych jak i abiotycznych, a także na zanieczyszczenie środowiska spowodowane działalnością człowieka. W warunkach naturalnych wzrost roślin wspomagany jest przez mikroorganizmy zasiedlające ryzosferę, poprzez bezpośrednie lub pośrednie oddziaływanie określane jako promowanie wzrostu. Celem badań była identyfikacja genetyczna oraz określenie potencjału metabolicznego szczepów bakteryjnych wyizolowanych z ryzosfery roślin bytujących w niekorzystnych warunkach środowiska. Bakterie wyizolowano z ryzosfery wydmuchrzycy piaskowej (*Leymus arenarius*) - rośliny pionierskiej, a także z ryzosfery roślin rosnących na terenach zanieczyszczonym ropą naftową oraz na składowiskach żużli pohutniczych zanieczyszczonych metalami ciężkimi. Do badań wybrano 17 szczepów bakteryjnych. W wyniku sekwencjonowania genu 16S rRNA metodą Sangera szczepy zostały zidentyfikowane do 4 rodzajów. Potencjał metaboliczny określono przy pomocy systemu Biolog, przy użyciu płytek Gen III. Najaktywniejsze szczepy mogą posłużyć w dalszych badaniach nad bakteriami wspomagającymi wzrost roślin oraz fitoremediację.

Badania wykonano w ramach realizacji zadania 1.4 Programu Wieloletniego IUNG-PIB na lata 2016-2020.

Genetic identification and characterization of the metabolic potential of bacterial strains isolated from the rhizosphere of plants growing under unfavorable environmental conditions

In the process of growing plants are exposed to a number of unfavorable environmental conditions both biotic and abiotic, as well as to environmental pollution caused by human activity. Plant growth in natural conditions is supported by microorganisms inhabiting the rhizosphere, through a direct or indirect impacts known as growth promotion. The aim of study was genetic identification and determination of the metabolic potential of bacterial strains isolated from the rhizosphere of plants growing under unfavorable environmental conditions. Bacteria were isolated from the rhizosphere of the sand ryegrass (*Leymus arenarius*) - a pioneering plant. Further bacterial strains were isolated from the rhizosphere of plants growing on crude oil polluted areas and smelter wasteland contaminated by heavy metals. The study used 17 bacterial strains. Based on Sanger sequencing 16S rRNA gene we found that bacterial strains belong to 4 species: The metabolic potential was determined using both the BIOLOG system and the GEN III plates. The most active strains can be used in further research on bacteria both promoting plant growth and phytoremediation.

Zawartość ogólnych oraz łatwoekstrahowalnych białek glebowych spokrewnionych z glomalinami w doświadczeniu z trzema bionawozami wzbogaconymi mikrobiologicznie w uprawie kukurydzy na ziarno

Karolina Gawryjołek, Anna Gałązka, Karolina Furtak, Agnieszka Rutkowska

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstw – Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

Kompleks białek glebowych spokrewnionych z glomalinami to powszechnie występujące, bardzo charakterystyczne pod względem budowy i właściwości fizykochemicznych glikoproteiny produkowane przez grzyby mykoryzy arbuskularnej. Są to stabilne, nierozpuszczalne w wodzie i odporne na degradację cząstki, stabilizujące agregaty glebowe i chroniące je przed rozbiciem. Stabilność struktury gleby istotnie wpływa na charakter i zawartość materii organicznej w glebie. 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 (TG-GRSP) oraz łatwoekstrahowalnych (EE-GRSP) białek glebowych spokrewnionych z glomalinami w doświadczeniu, w którym wykorzystano nowo opracowane bionawozy w uprawie kukurydzy na ziarno. Na polach doświadczalnych zastosowano Mocznik, Polifoskę 6 Krzem oraz FosDar 40 (w dawkach 100% lub 60%) wzbogacone pożytecznymi mikroorganizmami. Próbkę glebową spod uprawy kukurydzy pobrano 10 dni po aplikacji bionawozu, w fazie kwitnienia roślin i po zbiorach kukurydzy.

*Badania wykonano w ramach realizacji projektu BIO-FERTIL.
BIOSTRATEG3/347464/5/INCBR/2017*

Content of total and easily extractable glomalin-related soil protein in the experiment with three microbiologically enriched biofertilizers in grain maize cultivation

Glomalin Related Soil Proteins are glikoproteins common and very characteristic in terms of their structure and physicochemical properties, produced by arbuscular mycorrhiza fungi. These particles are stable, water-insoluble and degradation-resistant molecules stabilizing soil aggregates and protect them from disintegration. The stability of the soil structure significantly affects the content of organic matter in the soil. 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 with the newly developed bio-fertilizers were used in the cultivation of maize for grain. Urea, Polifoska 6 Krzem and FosDar 40 (in doses of 100% or 60%) enriched with effective microorganisms were used in the experimental fields. Soil samples were collected from the cultivation of maize 10 days after the application of bio-fertilizer, during the flowering of plants and after the maize harvest.

Pożyteczne mikroorganizmy jako nowa możliwość zwalczania szarej pleśni w uprawie winorośli

Hubert Głos¹, Artur Mikiciński¹, Katarzyna Góralska², Marcin Oleszczak²,
Joanna Puławska¹

¹Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy; ²INTERMAG sp. z o. o.

Szara pleśń w uprawie winorośli jest najważniejszą chorobą powodującą straty owoców. W dobie wycofywania coraz większej liczby substancji czynnych środków ochrony roślin, konieczne jest poszukiwanie nowych rozwiązań w ochronie przed tą chorobą, które będą bezpieczne zarówno dla człowieka, jak i środowiska. W tym celu w Instytucie Ogrodnictwa – PIB we współpracy z firmą INTERMAG sp. z o. o. podjęto prace mające na celu pozyskanie antagonistycznych bakterii bytujących w naturalnym środowisku roślin i wykorzystanie ich w prototypowych biopreparatach do ochrony przed szarą pleśnią winorośli w uprawie polowej. Ochronę prowadzono przez cały sezon wegetacyjny, a zabiegi były wykonywane w oparciu o fazy fenologiczne i warunki pogodowe. W zależności od zastosowanego programu ochrony skuteczność prototypowych biopreparatów w zwalczaniu choroby bezpośrednio po zbiorze wynosiła od 55,2% do 97,6%. Zastosowanie pożytecznych mikroorganizmów w zwalczaniu szarej pleśni winorośli wykazało, że ochrona konwencjonalna w dużej mierze może zostać uzupełniona o ochronę biologiczną bez większego wpływu na straty i jakość plonu.

Badania finansowane z projektu BioSafeFood „Opracowanie technologii produkcji wysokiej jakości, bezpiecznych dla konsumenta owoców i warzyw z zastosowaniem nowych biopreparatów w ochronie upraw przed chorobami”, nr umowy: POIR.04.01.02-00-0100/17-00 współfinansowany przez Unię Europejską z Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój 2014-2020 i NCBiR

Beneficial microorganisms as a new possibilities in control of gray mold of grapevine in field cultivation.

Gray mold in viticulture is the most important fruit loss disease. In the age of a withdrawing an increasing number of active substances in plant protection products, it is necessary to search for new solutions to protect grapevine against this disease that will be safe both for humans and the environment. For this purpose, at the National Institute of Horticultural Research, in cooperation with INTERMAG sp. z o. o., works have been taken to obtain antagonistic bacteria living in the natural environment of plants and use them in prototype biofungicides for the protection of grapevines against gray mold in field cultivation. The plant protection was carried out throughout the growing season and treatments were done based on phenological phases and weather conditions. Depending on the spraying program applied, the efficacy of the prototype biofungicides in control of disease immediately after harvesting was from 55.2% to 97.6%. The use of beneficial microorganisms in the control of gray mold on grapevine showed that conventional protection can be largely supplement with biological plant protection without significantly affecting to losses and quality of yield.

The research financed by BioSafeFood “Development of a technology for producing high-quality, consumer-safe fruit and vegetables using new biopreparations to protect crops against diseases” no.POIR.04.01.02-00-0100/17-00 co-financed by UE European Regional Development Fund, POIR 2014-2010, and NCBiR

Porównanie populacji bakterii tworzących biofilm i osad czynny w reaktorze hybrydowym IFAS-MBSBBR

Martyna Godzieba¹, Olga Zając², Monika Żubrowska-Sudoł²,
Sławomir Ciesielski¹

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

² Zakład Zaopatrzenia w Wodę i Odprowadzania Ścieków, Wydział Instalacji Budowlanych
Hydrotechniki i Inżynierii Środowiska, Politechnika Warszawska

Najważniejszym etapem procesu oczyszczania ścieków jest oczyszczanie biologiczne. To właśnie na tym etapie następuje największa redukcja poziomu zanieczyszczeń organicznych, które stanowią źródło energii dla rozwijających się w reaktorze mikroorganizmów. Opracowano wiele rozwiązań technologicznych biologicznego oczyszczania ścieków. Na podstawie formy, w jakiej rozwija się biomasa mikroorganizmów, systemy te można ogólnie podzielić na takie, w których mikroorganizmy rosną w postaci zawieszony oraz takie, w których tworzą biofilm. Opracowano także reaktory hybrydowe, w których rozwijają się obie formy biomasy. Celem pracy było zbadanie rozwoju społeczności bakterii w reaktorze hybrydowym Integrated Fixed-Film Activated Sludge - Moving-Bed Batch Biofilm Reactor (IFAS-MBSBBR), w którym stosowano różne strategie napowietrzania. Przy pomocy podejścia metagenomicznego zbadano i porównano strukturę populacji bakterii z uwzględnieniem formy biomasy (biofilm i osad czynny), w celu zidentyfikowania kluczowych grup bakterii oraz określenia różnic w strukturze mikrobiologicznej.

Comparison of the biofilm and activated sludge bacterial population in the IFAS-MBSBBR hybrid reactor

The most important step in the wastewater treatment process is biological treatment. At this stage, the greatest reduction in the level of organic pollutants, which are the source of energy for microorganisms developing in the reactor, takes place. Many technological solutions for biological wastewater treatment have been developed. Based on the form in which microbial biomass develops, these systems can be divided into those in which the microorganisms grow in suspended form and those in which they form biofilm. Hybrid reactors, in which bacteria grow in both forms of biomass, have also been developed. The aim of this work was to study the development of the bacterial community in the Integrated Fixed-Film Activated Sludge - Moving-Bed Sequencing Batch Biofilm Reactor (IFAS-MBSBBR) hybrid reactor, which used different aeration strategies. Using metagenomic approach the structure of bacterial communities was examined and compared, taking into account the form of biomass, biomass in a suspended form and in the form of a biofilm, developing on a support medium, in order to identify key groups of bacteria and determine differences in microbiological structure.

Mikroorganizmy wyzwaniem w procesie projektowania oraz formułowania bioproduktów

Katarzyna Góralska¹, Sylwia Marek¹, Małgorzata Hałat-Łaś¹,
Marcin Oleszczak¹, Artur Mikiciński², Hubert Głos², Monika Michalecka²,
Magdalena Ptaszek², Piotr Sobiczewski², Joanna Puławska²

¹ INTERMAG Sp. z o.o., Olkusz, ² Instytut Ogrodnictwa, Skierniewice

Mikroby są mediatorami w prawie wszystkich procesach zachodzących w ekosystemie i odgrywają kluczową rolę w różnych działaniach ekologicznych na całym świecie. Pomimo, że już dziesiątki lat odkrywanych jest wiele potencjalnie korzystnych mikroorganizmów (PGPB) dalej odpowiednio dostosowane procesy biotechnologiczne i utrzymanie stabilności bakterii w okresie przydatności do użycia są wyzwaniami. Aby wykorzystać mikroorganizmy wraz z całym ich potencjałem, należy zaprojektować odpowiednią formułację, która będzie jednocześnie skuteczna, bezpieczna i łatwa do zastosowania w procesach agronomicznych.

Aby utrzymać homeostazę pomiędzy współczesnym rolnictwem a zrównoważonym środowiskiem agroprzemysł ciągle poszerza gamę produktów z mikroorganizmami nie tylko dla upraw jednorocznych ale również produktów dla takich sektorów rolnictwa jak produkcja owoców i warzyw jak również rolnictwa ekologicznego.

Badania finansowane z projektu BioSafeFood „Opracowanie technologii produkcji wysokiej jakości, bezpiecznych dla konsumenta owoców i warzyw z zastosowaniem nowych biopreparatów w ochronie upraw przed chorobami”, nr umowy: POIR.04.01.02-00-0100/17-00 współfinansowany przez Unię Europejską z Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach POIR 2014-2020 i NCBiR

Microorganisms as a challenge in the design formulation of bioproducts

Microbes are mediators in almost all ecosystem processes and play a key role in various ecological activities worldwide. Although many potentially beneficial microorganisms (PGPB) have already been discovered for decades further suitably adapted biotechnological processes and maintaining the stability of bacteria during the shelf life are challenges. To use microorganisms with all their potential, it is necessary to design a suitable formulation that is both effective, safe and easy to apply in agronomic processes.

To maintain a homeostasis between modern agriculture and a sustainable environment, the agroindustry is expanding range of microbial-based products, not only inoculants for annual crops but also products for other agricultural sectors such as fruit and vegetable production as well as organic farming.

The research financed by BioSafeFood “Development of a technology for producing high-quality, consumer-safe fruit and vegetables using new biopreparations to protect crops against diseases” no.POIR.04.01.02-00-0100/17-00 co-financed by UE European Regional Development Fund, POIR 2014-2010, and NCBiR

Wpływ immobilizacji komórek *Pseudomonas moorei* KB4 na degradację paracetamolu

Urszula Guzik, Robert Surma, Danuta Wojcieszyska

Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk Przyrodniczych, Instytut Biologii,
Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Jagiellońska 28, 40-032 Katowice

Immobilizacja mikroorganizmów o wysokim potencjale degradacyjnym niesteroidowych leków przeciwzapalnych zwiększa ich stabilność, co sprawia, że mogą one być stosowane jako naturalne biokatalizatory w procesach oczyszczania ścieków lub bioaugmentacji. Jednym z podstawowych zadań podczas projektowania systemów unieruchamiania całych komórek jest ustalenie optymalnych warunków immobilizacji oraz określenie jej wpływu na efektywność degradacji. W pracy zbadano wpływ pH, temperatury, czasu inkubacji oraz gęstości hodowli na efektywność immobilizacji szczepu *Pseudomonas moorei* KB4 na gąbce roślinnej *Luffa aegyptiaca*. Określono również parametry kinetyczne degradacji paracetamolu przez zaimmobilizowane komórki, jak również ilość możliwych cykli [1]. Uzyskane wyniki wskazują, że badany zaimmobilizowany szczep może być użytecznym narzędziem w procesach degradacji paracetamolu.

[1] Surma i wsp. 2021. Effect of *Pseudomonas moorei* KB4 cells' immobilisation on their degradation potential and tolerance towards paracetamol. *Molecules*, 26, 820.

Praca sfinansowana przez Narodowe Centrum Nauki, Polska, 2018/29/B/NZ9/00424

Effect of *Pseudomonas moorei* KB4 Cells' Immobilisation on paracetamol degradation

Immobilisation of microorganisms with high degradation potential of non-steroidal anti-inflammatory drugs increases their stability, which means that they can be used as natural biocatalysts in wastewater treatment or bioaugmentation processes. When designing whole-cell immobilisation systems, one of the primary tasks is to determine the optimal conditions for immobilisation and determine its impact on degradation efficiency. The study investigated the effect of pH, temperature, incubation time and culture density on the effectiveness of the immobilisation of the *Pseudomonas moorei* KB4 strain on the *Luffa aegyptiaca* sponge. In addition, the kinetic parameters of paracetamol degradation by immobilised cells were also determined, as well as the number of possible cycles [1]. The obtained results indicate that the tested immobilised strain may be a valuable tool in the processes of paracetamol degradation.

[1] Surma et al. 2021. Effect of *Pseudomonas moorei* KB4 cells' immobilisation on their degradation potential and tolerance towards paracetamol. *Molecules*, 26, 820

The work was financed by the National Science Center, Poland, 2018/29/B/NZ9/00424

Ocena właściwości izolatów z rodzaju *Bacillus* i *Paenibacillus* potencjalnie przydatnych do stosowania w biopreparatach dedykowanych dla rolnictwa

Małgorzata Hałat-Łaś¹, Marcin Oleszczak¹, Magdalena Jopek¹, Ilona Kafel¹

¹Intermag sp. z o.o.

Biopreparaty od rozwiązań konwencjonalnych odróżnia bezpieczeństwo stosowania, brak ryzyka skażenia środowiska i plonów oraz zachowanie natywnej bioróżnorodności. Kluczowym składnikiem biopreparatów są mikroorganizmy o określonych, pożądanych właściwościach i wynikającym z nich działaniu. Podczas prowadzonych prac skupiono się na określeniu potencjału 2 środowiskowych izolatów należących do gatunków: *Bacillus* sp. (B182) oraz *Paenibacillus* sp. (B134), pod kątem ich potencjalnych możliwości zastosowania w biopreparatach. Właściwości izolatów poddano szczegółowej analizie pod kątem zdolności do solubilizacji P, Zn, Si; aktywności celulo- i ligninolitycznej oraz zdolności do wiązania N₂ (B134). Doboru badanych właściwości dokonano na podstawie analizy dostępnych biopreparatów stymulujących wzrost i rozwój roślin. Wyniki przeprowadzonych badań wskazują na wysoki potencjał obu szczepów. Izolat B134 wykazywał aktywność pod kątem wszystkich badanych cech, z kolei B182 charakteryzował się b. wysoką zdolnością do solubilizacji fosforu. Badane mikroorganizmy mogą stanowić składnik aktywny innowacyjnych preparatów, charakteryzujących się szerokim spektrum działania i wysoką efektywnością w udostępnianiu składników pokarmowych niedostępnych dla roślin.

*Badania realizowane w ramach projektu współfinansowanego przez UE, realizowanego w ramach konkursu NCBiR: Działanie 1.2 „Sektorowe programy B+R INNOCHEM”,
Nr Umowy: POIR.01.02.00-00-0060/17-00.*

Assessment of the properties of isolates of the genus *Bacillus* and *Paenibacillus* - potential ingredients of biopreparations.

Microbiological preparations could be distinguished from conventional solutions by their safe use, no risk of environmental contamination and the preservation of native biodiversity. The key components of biopreparations are microorganisms characterized by specific, desired properties and the resulting action.

The aim of study was to determine the potential of two environmental isolates belonging to species: *Bacillus* sp. (B182) and *Paenibacillus* sp. (B134). The properties of the isolates were thoroughly analyzed in terms of their ability to solubilize P, Zn, Si; cellulolytic and lignolytic activity, as well as the ability to fix N₂ (B134). The tested properties were selected in reference to commercially available biostimulants. The results showed activity of B134 in terms of all tested features, and very high ability to solubilize phosphorus by B182.

The tested bacteria can work as active ingredients of innovative preparations, characterized by a high activity in providing nutrients previously inaccessible to plants.

Research carried out as part of a project co-financed by the EU, Agreement No: POIR.01.02.00-00-0060/17-00. NCBiR (Measure 1.2: Sectoral R&D Programmes).

Modyfikacje białkowo-barwnikowe u fasoli wywołane obecnością szczepu *Serratia plymuthica*

Agnieszka Hanaka¹, Emilia Reszczyńska¹, Ewa Ozimek², Wiesław Gruszecki³

¹ Katedra Fizjologii Roślin i Biofizyki, ² Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin, ³ Katedra Biofizyki, Instytut Fizyki, Wydział Matematyki, Fizyki i Informatyki, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Radziszewskiego 10, 20-031 Lublin

Skiełkowane rośliny fasoli wielokwiatowej (*Phaseolus coccineus*) inokulowano szczepem *Serratia plymuthica*. Rośliny uprawiano w komorze wegetacyjnej w stałych warunkach fotoperiodu, temperatury i wilgotności. Szczep wyizolowano z gleb Ziemi Wedla Jarlsberga na Spitsbergenie. Z liści fasoli oznaczono barwniki techniką wysokosprawnej chromatografii cieczowej (HPLC) oraz otrzymano tylakoidy, które poddano badaniom spektroskopii absorpcyjnej w podczerwieni (FTIR-ATR).

W obecności szczepu *Serratia plymuthica* fasola produkowała znacząco większe ilości β -karotenu w porównaniu z rośliną kontrolną. W przypadku pozostałych karotenoidów (neoksantyna, wiolaksantyna, luteina) nie wykazano istotnych różnic. Analiza widm FTIR-ATR w zakresie 1600 cm⁻¹ do 1770 cm⁻¹ wykazała zmiany w zakresie zakrętów i wstążek (1660-1670 cm⁻¹), α -helis (1655 cm⁻¹) oraz zaobserwowano drgania przy 1734 cm⁻¹, odpowiadające grupie karbonylowej lipidów.

Szczep *Serratia plymuthica* wpływał na zmianę składu barwników oraz modyfikował strukturę II rzędu białek wchodzących w skład tylakoidów, co zostało zaobserwowane w paśmie amid I za pomocą techniki FTIR-ATR.

Protein and pigment modifications in runner beans caused by the presence of the *Serratia plymuthica* strain

Sprouted plants of the runner bean (*Phaseolus coccineus*) were inoculated with the *Serratia plymuthica* strain. Plants were grown in a growth chamber under constant photoperiod, temperature and humidity conditions. The strain was isolated from the soil of Wedel Jarlsberg Land in Spitsbergen. Pigments were determined from the runner bean leaves by high performance liquid chromatography (HPLC) and thylakoids were obtained and analyzed by the infrared absorption spectroscopy (FTIR-ATR).

In the presence of the *Serratia plymuthica* strain, the runner bean produced significantly greater amounts of β -carotene compared to the control plant. In the case of other carotenoids (neoxanthin, violaxanthin, lutein) no significant differences were found. Analysis of FTIR-ATR spectra in the range of 1600 cm⁻¹ to 1770 cm⁻¹ showed changes in the range of turns and loops (1660-1670 cm⁻¹), α -helices (1655 cm⁻¹), and vibrations were observed at 1734 cm⁻¹, corresponding to the carbonyl group of lipids.

The *Serratia plymuthica* strain changed the composition of pigments and modified the protein secondary structure of the thylakoids, which was observed in the amide I band using the FTIR-ATR technique.

Aktywność enzymów antyoksydacyjnych i zawartość kwasów organicznych w fasoli w obecności szczepu *Serratia plymuthica*

Agnieszka Hanaka¹, Emilia Reszczyńska¹, Artur Nowak², Ewa Ozimek²,
Małgorzata Majewska², Sławomir Dresler^{1,3}, Jolanta Jaroszuk-Ściseł²

¹ Katedra Fizjologii Roślin i Biofizyki, ² Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin, ³ Katedra Chemii Analitycznej, Uniwersytet Medyczny, ul. Chodźki 4a, 20-093 Lublin

Fasolę wielokwiatową (*Phaseolus coccineus*) uprawiano w komorze wegetacyjnej w stałych warunkach fotoperiodu, temperatury i wilgotności. Inokulowano ją szczepem bakteryjnym *Serratia plymuthica*, który wyizolowano z gleb Spitsbergenu. W liściach i korzeniach fasoli oznaczono spektrofotometrycznie aktywność enzymów antyoksydacyjnych (dysmutazy ponadtlenkowej, katalazy i peroksydazy), potencjał antyoksydacyjny i zawartość niskocząsteczkowych kwasów organicznych (winianu, jabłczanu, cytrynianu i bursztynianu).

Nie zaobserwowano istotnych zmian potencjału antyoksydacyjnego w liściach i korzeniach fasoli rosnącej w obecności szczepu *S. plymuthica*. Wykazano natomiast znaczące zmiany zarówno w aktywności enzymów antyoksydacyjnych, jak i w zawartości kwasów organicznych u fasoli inokulowanej *S. plymuthica*. Zatem szczep bakteryjny wpływał na zmianę parametrów biochemicznych rośliny.

The activity of antioxidant enzymes and the content of organic acids in the runner bean in the presence of the *Serratia plymuthica* strain

Runner bean (*Phaseolus coccineus*) was grown in a growth chamber under constant photoperiod, temperature and humidity conditions. The plant was inoculated with the bacterial strain *Serratia plymuthica*, which was isolated from the Spitsbergen soils. The activity of antioxidant enzymes (superoxide dismutase, catalase and peroxidase), the antioxidant potential and the content of low-molecular weight organic acids (tartrate, malate, citrate and succinate) were determined spectrophotometrically in the leaves and roots of the runner bean.

No significant changes in the antioxidant potential were observed in the leaves and roots of runner bean grown in the presence of *S. plymuthica*. On the other hand, significant changes in both the activity of antioxidant enzymes and the content of organic acids were found in runner bean inoculated with *S. plymuthica*. Thus, the bacterial strain changed the biochemical parameters of the plant.

Bioróżnorodność funkcjonalna i aktywność mikroorganizmów w glebach skażonych siarką

Jamal Harchi¹, Przemysław Charzyński¹, Aleksandra Burkowska-But²,
Maciej Walczak²

¹ Katedra Gleboznawstwa i Kształtowania Krajobrazu, Wydział Nauk o Ziemi i Gospodarki
Przestrzennej, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

² Katedra Mikrobiologii Środowiskowej i Biotechnologii, Wydział Nauk Biologicznych i
Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Istniejące od 1933 r. Zakłady Chemiczne „Polchem” zajmowały w Toruniu teren o powierzchni 60 ha. Produkcja obejmowała kwas siarkowy o różnych stężeniach, oleum (tlenek siarki), siarczan sodu i potasu (IV) i wodorosiarczan (IV), superfosfat pyłu prostego, kwas solny, kwas chlorosulfonowy, siarczan sodu, podsiarczyn, rongalit, siarczan cynku oraz odczynniki chemiczne wytwarzane w oparciu o chemikalia techniczne. Ostateczną upadłość zakładu ogłoszono w 2003 roku. Budynki zostały opuszczone, pracownicy zwolnieni, a cała infrastruktura stała się postindustrialną ruiną. Po wyburzeniu na zajmowanym przez „Polchem” terenie wybudowano galerię handlową, obiekt sportowy „Motoarena” oraz stację benzynową. Pozostała część terenu nie jest użytkowana i nie jest zrekultywowana pomimo różnych prób inwestycyjnych. Celem prezentowanych badań była ocena różnic w profilach fizjologicznych zbiorowisk bakterii z gleb skażonych siarką na zdegradowanych terenach przemysłowych zakładu „Polchem” w Toruniu. Profile fizjologiczne na poziomie zespołu mikroorganizmów oceniano przy użyciu płytek Biolog EcoPlate™. Analiza wykazała, że gleby zanieczyszczone siarką wykazują istotnie niższą bioróżnorodność funkcjonalną (wyrażoną jako średnie wybarwienie w studzience i liczba utlenianych źródeł węgla) w porównaniu z glebą kontrolną.

Functional biodiversity and activity of microorganisms in sulfur-contaminated soils

Existing since 1933, the chemical plant “Polchem” occupied in Toruń an area of covering 60 ha. The production included sulphuric acid of various concentrations, oleum (sulphur oxide), sodium and potassium sulphate (IV) and bisulphate (IV), simple dust superphosphate, hydrochloric acid, chlorosulphonic acid, sodium sulphate, hydrosulphite, rongalite, zinc sulphate and reagent chemicals based on the technical chemicals. The plant’s final bankruptcy was declared on 2003. The buildings were abandoned, workers were dismissed, and the entire infrastructure became post-industrial ruins. After the demolition of “Polchem” in this area, a shopping mall, the “Motoarena” sports facility and a petrol station were built. The rest of area is not used and is unreclaimed, despite various investment attempts. The aim of this research was to investigate differences in the physiological profiles of bacterial communities from the sulfur-contaminated soils in the post-industrial areas of the Polchem plant in Toruń. The community-level physiological profiles of microorganisms were evaluated by using the Biolog EcoPlate™ method. The analysis demonstrated that sulphur-contaminated soils, exhibit a significantly lower functional biodiversity (expressed as average well-color development and the numbers of oxidized carbon substrates) compared with the control soil.

Strukturalna różnorodność mikrobiomu ścieków dopływających i odpływających z oczyszczalni ścieków oraz wód odbiornika: analiza metagenomu

Łukasz Jałowicki¹, Jakub Hubeny², Monika Harnisz², Ewa Korzeniewska²,
Grażyna Płaza¹

¹ Zespół Mikrobiologii Środowiska, Instytut Ekologii Terenów Uprzemysłowionych, 40-844 Katowice, Kossutha 6

² Katedra Inżynierii Ochrony Wód i Mikrobiologii Środowiskowej, Wydział Geoinżynierii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, 10-719 Olsztyn, Prawocheńskiego 1/12

Biologiczne oczyszczalnie ścieków są swego rodzaju „czarną skrzynką” pod względem składu mikrobiomu, aktywności i procesów tam zachodzących. Analiza metagenomiczna znacząco poszerza obraz składu i zmian mikrobiomu podczas technologicznego procesu oczyszczania ścieków oraz umożliwia dokładniejsze poznanie jego roli w technologiach biologicznego oczyszczaniu ścieków. Umożliwia zarówno identyfikację mikroorganizmów hodowlanych, jak i tych nie wykazujących wzrostu na tradycyjnych podłożach mikrobiologicznych.

Celem badań było porównanie składu mikrobiomu ścieków dopływających i odpływających z oczyszczalni ścieków i wód odbiornika przy wykorzystaniu analizy metagenomicznej. Zakres badań obejmował: trzykrotny pobór próbek z komunalnej biologicznej oczyszczalni ścieków i rzeki na terenie woj. śląskiego, izolację i wysokoprzepustowe sekwencjonowanie DNA z pobranych próbek, (Illumina HiSeq platforma) oraz analizę bioinformatyczną. Uzyskane sekwencje są zdeponowane w bazie NCBI o numerze BioProject ID PRJNA666519.

Filogenetyczna analiza wykazała, że gromada *Proteobacteria* stanowiła największą frakcję w populacji bakterii we wszystkich badanych próbkach (58,52-62,4 %). Wśród *Proteobacteria* dominującą klasą były β -*Proteobacteria* (15,6 % w ściekach zanieczyszczonych do 31 % w ściekach oczyszczonych). Licznie występowały również *Bacteroidetes* (od 12,4 % w ściekach oczyszczonych do 15,1 % w wodach odbiornika przed rzutem ścieków) oraz *Firmicutes* (ścieki dopływające - 16,72 %; ścieki oczyszczone – 8,34 %). W badanych próbkach zidentyfikowano 629 rodzajów bakterii, w tym 60 było dominujących.

Podsumowując otrzymane wyniki, ścieki oczyszczone pochodzące z badanej oczyszczalni ścieków nie wpłynęły istotnie na skład populacji bakteryjnej w wodach odbiornika. Istotne różnice w składzie populacji bakterii zaobserwowano pomiędzy ściekami dopływającymi i odpływającymi z oczyszczalni, co świadczy o tym, że proces technologiczny w istotny sposób wpływa na skład i zmiany populacji bakterii.

Structural diversity in the microbiome of untreated, treated, and receiving water: metagenomic analysis

Biological wastewater treatment plants (WWTPs) are a specific “black box” in terms of the composition, activity and processes taking place there. Metagenomic analysis significantly broadens “the picture” of the composition and changes of the microbiome structure during the technological processes of wastewater treatment and enables more

accurate understanding of its role in the processes. It facilitates the identification of microbes both cultivated and non-growing on traditional microbiological media.

The aim of the carried out research was to compare the composition of the microbiome of untreated and treated wastewater as well as the receiving water using a metagenomic analysis. The scope of the research included: three sampling campaigns from a municipal biological treatment plant and a river in the Silesia region, isolation and high-throughput sequencing (Illumina HiSeq platform) of metagenomic DNA from the collected samples and bioinformatics analysis. The sequences obtained are deposited in the NCBI database under the BioProject ID number: PRJNA666519.

The phylogenetic analysis showed that the *Proteobacteria* was the largest fraction in all tested samples (58.52 – 62.4 %). The dominant class among *Proteobacteria* was β -Proteobacteria (15.6 % in polluted wastewater to 31 % in treated wastewater). The dominant classes were also *Bacteroidetes* (ranging from 12.4 % in treated wastewater to 15.1 % in receiving water before wastewater discharge) and *Firmicutes* (ranging from 16.72 % in influents to 8.34 % in treated wastewater). In the tested samples 629 types of bacteria were identified, 60 of which being the dominant ones.

Summarising, the treated wastewater from the investigated wastewater treatment plant did not significantly affect the composition of the bacterial community in the receiving water. Significant differences in the structure and composition of the bacterial community were observed between influents and effluents, which proves that the technological process has an impact on the composition and structure of the bacterial community.

*The research was financed under the project of the National Science Centre
no. 2017/26/M/NZ9/00071*

Laboratoryjna ocena warunków wzrostu wybranych izolatów *Colletotrichum coccodes* (Wallr.) Hughes, zasiedlających rośliny psiankowate

Agnieszka Jamiołkowska, Barbara Skwaryło-Bednarz, Marek Kopacki,
Weronika Kursa

Katedra Ochrony Roślin, Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu, Uniwersytet
Przyrodniczy w Lublinie

Colletotrichum coccodes (Wallr.) Hughes to gatunek patogeniczny zasiedlający rośliny z wielu rodzin botanicznych. Doświadczenie przeprowadzono w Katedrze Ochrony Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. Celem pracy była ocena tempa wzrostu wybranych szczepów *C. coccodes* (BPR/316, BPR/628, BPR/1363, K/37, K/39, K/44, K/51, L/4, L/33, LNPV/398) izolowanych z roślin psiankowatych, na różnych podłożach (PDA, MEA, CMA, CD). Badania obejmowały również wpływ temperatury (-10°C, 0°C, 5°C, 10°C, 15°C, 20°C, 25°C i 30°C) na wzrost kolonii i intensywność zarodnikowania grzyba. W wyniku przeprowadzonych badań stwierdzono, że grzyb najlepiej rozwija się w wysokiej temperaturze (najbardziej optymalna 25°C), natomiast temperatura ujemna (-10°C) hamuje jego wzrost i rozwój, ale go nie zabija. Kolonie *C. coccodes* rosną najszybciej na agarze ziemniaczano-glukozowym (PDA), gdzie słabo zarodnikują, a najwolniej na Czapek-Dox, gdzie ich zarodnikowanie jest obfite. Badania stosunków biotycznych wykazały, że *C. coccodes* wykazuje słabe zdolności antagonistyczne, a jego wzrost w warunkach *in vitro* jest ograniczony przez silniej rosnące grzyby.

Laboratory assessment of the growth conditions of selected strains of *Colletotrichum coccodes* (Wallr.) Hughes, colonizing *Solanaceae* plants

Colletotrichum coccodes (Wallr.) Hughes is a pathogen inhabiting plants from many botanical families. Laboratory experiment was carried out at the Department of Plant Protection at the University of Life Sciences in Lublin. The aim of the study was to evaluate the growth rate of selected *C. coccodes* strains (BPR/316, BPR/628, BPR/1363, K/37, K/39, K/44, K/51, L/4, L/33, LNPV/398) isolated from *Solanaceae* plants, on various media (PDA, MEA, CMA, CD). The research included the impact of temperature (-10°C, 0°C, 5°C, 10°C, 15°C, 20°C, 25°C and 30°C) on colony growth and the intensity of fungus sporulation. As a result of the research, it was found that fungus develops best at high temperature (the most optimal 25°C), while the negative temperature (-10°C) inhibits its growth and development, but does not kill it. *C. coccodes* colonies grow fastest on potato-glucose agar (PDA), where they sporulate poorly, and slowest on Czapek-Dox, where their sporulation is abundant. Biotic series studies have shown that *C. coccodes* is a species with weak antagonistic abilities, as its growth *in vitro* is limited by more strongly growing fungi.

Olejki eteryczne stosowane przeciw patogennym mikroorganizmom skóry

Daniel Jamrozik ¹, Maja Wiśniewska ¹, Ewelina Zelek ¹, Weronika Borymska ²,
Ilona Kaczmarczyk-Sedlak ²

¹ Studenckie Koło Naukowe przy Katedrze i Zakładzie Farmakognozji i Fitochemii / Students Scientific Society at the Department of Pharmacognosy and Phytochemistry

² Katedra i Zakład Farmakognozji i Fitochemii, Wydział Nauk Farmaceutycznych w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach / Department of Pharmacognosy and Phytochemistry, Faculty of Pharmaceutical Sciences in Sosnowiec, Medical University of Silesia, Katowice

Skóra jest złożonym narządem odpowiedzialnym m.in. za izolację od środowiska zewnętrznego, ochronę organizmu, termoregulację, percepcję dotyku, bólu czy ciepła. Stanowi również środowisko bytowania wielu mikroorganizmów - bakterii, grzybów czy wirusów. W skład mikrobiomu skóry wchodzi zarówno organizmy niepatogenne jak i patogeny oportunistyczne. Dodatkowo, skóra narażona jest na ekspozycję na liczne patogeny występujące w środowisku zewnętrznym.

Celem niniejszej pracy był przegląd literatury i omówienie wybranych olejków eterycznych pozyskiwanych z roślin stosowanych jako preparaty o działaniu antybiotycznym względem patogennych mikroorganizmów skóry.

Literatura naukowa wskazuje, że liczne olejki eteryczne, stosowane pojedynczo lub pomocniczo w terapii lekami, mogą skutecznie zapobiegać rozwojowi patogenów skórnych.

Essential oils used against pathogenic skin microorganisms

The skin is a complex organ responsible, among others, for isolation from the external environment, body protection, thermoregulation, perception of touch, pain or heat. It is the habitat of many microorganisms - bacteria, fungi or viruses. The skin microbiome consists mainly of non-pathogenic organisms as well as opportunistic pathogens. Moreover, skin can be exposed to multiple pathogens occurring in the external environment.

The aim of this presentation was to review the literature and present selected plant-derived essential oils which can be used as antibiotic agents against skin pathogenic microorganisms.

Scientific literature indicate that numerous essential oils, used as single agents or in combined therapies, can be effective substances inhibiting the development of skin pathogens.

Ekotoksykologiczna ocena procesów degradacji *p*-kumylofenolu, nonylofenolu i 4-*t*-oktylofenolu oraz fenoli lotnych obecnych w odciekach ze składowiska odpadów przez grzyb *Umbelopsis isabellina*

Tomasz Janicki¹, Andrzej Długoński², Mariusz Krupiński¹, Jerzy Długoński¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

²Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Nauk o Środowisku, Uniwersytet Kardynała Stefana Wyszyńskiego w Warszawie, ul. Wóycickiego 1/3, 01-938 Warszawa

Zanieczyszczenia antropogeniczne często charakteryzują się niską podatnością na degradację fizykochemiczną i mikrobiologiczną, co wpływa na akumulację tych substancji w różnych ekosystemach. Szczególnie wymagającą uwagi grupą ksenobiotyków są związki EDCs (Endocrine Disrupting Compounds), które mogą ingerować w układ hormonalny ludzi i zwierząt. Celem pracy była ocena zmiany profilu toksyczności w trakcie procesów eliminacji wybranych ksenobiotyków i fenoli lotnych przez *U. isabellina* z wykorzystaniem szerokiego zestawu testów toksyczności. Oszacowanie potencjału grzyba do redukcji poziomu toksyczności towarzyszącej procesom eliminacji przeprowadzono przy użyciu biotestów wykorzystujących różne gatunki bioindykatorów. Wyniki badań wykazały spadek toksyczności przesączy pochodzających w trakcie inkubacji zarówno z dodatkiem testowanych zanieczyszczeń jak i odcieków dowodząc, że procesy biodegradacji prowadzą do detoksykacji środowiska w stosunku do analizowanych organizmów bioindykacyjnych.

Badania sfinansowano ze środków Narodowego Centrum Nauki w Krakowie (UMO -2014/13/D/NZ9/04743) i projektu UKSW 2020 (DEC-INB-12/2020)

Ecotoxicological assessment of degradation processes of *p*-cumylphenol, nonylphenol , 4-*t*-octylphenol and volatile phenols present in landfill leachate by the fungus *Umbelopsis isabellina*

Anthropogenic pollutants are often characterized by low susceptibility to physicochemical and microbiological degradation, which affects the accumulation of these substances in various ecosystems. A group of xenobiotics that require particular attention are EDCs (Endocrine Disrupting Compounds), which may interfere with the endocrine system of humans and animals. The aim of the study was to assess changes in the toxicity profile during the elimination of selected xenobiotics and volatile phenols by *U. isabellina* using a wide set of toxicity tests. The fungus' potential to reduce the level of toxicity accompanying the elimination processes was estimated by application of biotests using various species of bioindicators. The test results showed a decrease in the toxicity of post-cultivated filtrates during incubation, with the addition of both the tested pollutants and leachates, proving that the biodegradation processes lead to environmental detoxification in relation to the analyzed bioindicating organisms.

This study was supported by The National Science Centre of Poland in Cracow (UMO-2014/13/D/NZ9/04743) and UKSW 2020 Project (DEC-INB-12/2020)

Wpływ otoczkowania i/lub inokulacji nasion siewnych na plonowanie soi zwyczajnej

Wacław Jarecki

Zakład Produkcji Roślinnej, Uniwersytet Rzeszowski

Celem przeprowadzonego doświadczenia było porównanie skuteczności działania ochronnej otoczki (chitozan+alginian/olej jojoba/E) oraz szczepionki bakteryjnej (Nitragina, IUNG PIB Puławy) naniesionych łącznie lub oddzielnie na nasiona siewne soi. Kontrolę stanowiły nasiona bez otoczki i bez inokulanta. Doświadczenie prowadzono w latach 2018-2020 na odmianie Mavka a założone zostało w miejscowości Makowisko (50°3'N 22°47'E), województwo podkarpackie. Skład otoczki został opracowany w laboratorium: Sieć Badawcza Łukasiewicz – Instytut Biopolimerów i Włókien Chemicznych w Łodzi. W trakcie realizacji badań wykazano, że najlepsze efekty dało łączne użycie otoczki wraz z Nitraginą. Wysiew tylko otoczkowanych nasion był mniej skuteczny, z uwagi na mniejszą nodulację. Użycie tylko szczepionki bakteryjnej (*Bradyrhizobium japonicum*) dało korzystne efekty w porównaniu do kontroli, ale zmienne w latach. Przy niekorzystnym układzie warunków pogodowych obsada roślin po wschodach była niższa od oczekiwanej.

Badania realizowano w ramach projektu pt.: Opracowanie innowacyjnej biodegradowalnej otoczki dla nasion soi opartej na biopolimerach z surowców odnawialnych dla zwiększonej tolerancji roślin na niekorzystne warunki środowiskowe. Finansowany przez NCBiR "Środowisko naturalne, rolnictwo i leśnictwo". BIOSTRATEG3/346390/4/NCBR/2017. Okres realizacji 2017-2020.

The effect of seed coating and/or seed inoculation on the yield of soybean

The aim of the experiment was to compare the effectiveness of the protective coating (chitosan+alginate/jojoba oil/E) and the bacterial inoculant (Nitragina, IUNG PIB Puławy) applied together or separately to soybean seeds. The control was seed with no coating and no inoculant. The experiment was carried out in 2018-2020 on the Mavka variety and was established in the town of Makowisko (50°3'N 22°47'E), Podkarpackie Province. The composition of the coating was developed in the laboratory: Łukasiewicz Research Network - Institute of Biopolymers and Chemical Fibers in Łódź. In the course of the research, it was shown that the best results were achieved by using the coating together with Nitragina. Sowing only coating seeds was less effective due to less nodulation. Using only the bacterial inoculant (*Bradyrhizobium japonicum*) produced beneficial effects compared to the control, but variable over the years. With unfavorable weather conditions, the plant density after emergence was lower than expected.

The research was carried out as part of the project: Development of an innovative biodegradable coating for soybeans based on biopolymers from renewable raw materials for increased plant tolerance to adverse environmental conditions. Funded by NCBiR "Natural environment, agriculture and forestry". BIOSTRATEG3 / 346390/4 / NCBR / 2017. Implementation period 2017-2020.

Identyfikacja cyklicznych lipopeptydów wytwarzanych przez ryzosferowe szczepy *Bacillus* wyizolowane ze składowiska odpadów niebezpiecznych

Wiktor Jarecki¹, Aleksandra Walaszczyk², Andrzej Długoński³, Przemysław Bernat⁴, Katarzyna Paraszek⁴

¹Studenckie Koło Naukowe Biotechnologiczno-Mikrobiologiczne „Bio-Mik”, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, Łódź; ²Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, Łódź; ³Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Kardynała Stefana Wyszyńskiego, Warszawa; ⁴Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, Łódź;

Ryzosferowe szczepy *Bacillus* mogą sprzyjać zdrowotności roślin poprzez ograniczanie rozwoju fitopatogennych grzybów. Celem badań była identyfikacja cyklicznych lipopeptydów (techniką MALDI-TOF/TOF) produkowanych przez siedem szczepów *Bacillus*, wyizolowanych ze składowiska odpadów w Zgierzu (Polska). Oceniono także aktywność przeciwgrzybową szczepów wobec mikroskopijnych grzybów charakteryzujących się zróżnicowanym wpływem na zdrowotność roślin. Stwierdzono, że wszystkie wyizolowane szczepy produkują cykliczne lipopeptydy. Pięć szczepów *Bacillus*, jednocześnie wytwarzających surfaktynę, iturynę i fengicynę, charakteryzowało się silnym działaniem inhibicyjnym wobec szczepu *Botrytis cinerea* oraz niskim wobec szczepu *Trichoderma* sp. Otrzymane wyniki mogą stanowić podstawę w opracowaniu biofungicydów mających zastosowanie w rolnictwie oraz w procesach fitoremediacji.

Badania były finansowane z Grantu Studenckiego przyznanego dla Wiktora Jareckiego przez Uniwersytet Łódzki i Grantu UKSW 2020 (numer grantu DEC-INB-12/20 przyznanego dla Andrzeja Długońskiego

Identification of cyclic lipopeptides produced by rhizosphere *Bacillus* strains isolated from a hazardous landfill

Rhizosphere *Bacillus* strains can positively affect plant health by limiting the development of phytopathogenic fungi. The aim of the research was to identify cyclic lipopeptides (using MALDI-TOF/TOF) produced by seven *Bacillus* strains isolated from a landfill in Zgierz, Poland. The antifungal activity of the strains against selected microscopic fungi with various effects on plant health was also assessed. All isolates were found to produce cyclic lipopeptides and five of them simultaneously produced surfactin, iturin and fengicin. Moreover, those isolates showed strong inhibitory effects against the *Botrytis cinerea* strain and low against the *Trichoderma* sp. strain. The obtained results may constitute the basis for the development of biofungicides applicable in agriculture and in phytoremediation processes.

This study was supported by Student Grant awarded by University of Lodz to Wiktor Jarecki and UKSW 2020 Project (grant number DEC-INB-12/20 awarded to Andrzej Długoński

Ocena rocznego oddziaływania na środowisko glebowe podłoża popieczarkowego, przy użyciu wybranych parametrów aktywności enzymatycznej

Jolanta Joniec¹, Edyta Kwiatkowska¹, Cezary Kwiatkowski²

¹ Katedra Mikrobiologii Środowiskowej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Leszczyńskiego 7, 20-069 Lublin

² Katedra Herbologii i Technik Uprawy Roślin, Zakład Agroturystyki i Rozwoju Obszarów Wiejskich, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin

Celem badań była ocena zmian aktywności enzymatycznych w glebie poddanej rocznemu oddziaływaniu podłoża popieczarkowego. Porównano wpływ tego odpadu z tradycyjnym nawożeniem obornikiem. Poszczególne poletka doświadczalne zostały nawiezione jednorazowymi dawkami podłoża popieczarkowego i obornika oraz nawozem mineralnym NPK w dwóch dawkach, a następnie obsiane *Lolium multiflorum* Lam. Kontrolę stanowiła gleba nienawożona. W próbkach gleby analizowano aktywność proteazy, fosfatazy kwaśnej, arylosulfatazy oraz aktywność hydrolityczną FDA.

Wyniki badań wykazały, że zastosowane warianty nawożenia miały w I i II terminie na ogół stymulujący wpływ na aktywność proteazy oraz aktywność hydrolityczną FDA. Najbardziej korzystnie wpłynęło aplikowanie samego odpadu popieczarkowego i obornika, a niekorzystne okazało się zastosowanie podłoża popieczarkowego z nawożeniem mineralnym na poziomie N2P2K2. W przypadku aktywności fosfatazy kwaśnej i arylosulfatazy zaobserwowano hamowanie pod wpływem wszystkich zastosowanych sposobów nawożenia. Negatywny efekt był widoczny we wszystkich terminach. Najślabszy negatywny wpływ wywarł odpad popieczarkowy wprowadzony do gleby oddzielnie.

Assessment of the annual impact on the soil environment of the spent mushroom substrate using selected parameters of enzymatic activity

The aim of the research was to evaluate changes in enzymatic activities in soil subjected to the annual impact of the spent mushroom substrate. The impact of this waste was compared with traditional fertilization with manure. Individual test plots were fertilized with single doses of spent mushroom substrate and manure as well as NPK mineral fertilizer in two doses, and then sown with *Lolium multiflorum* Lam. The non-fertilized soil was the control. The activity of protease, acid phosphatase, arylsulfatase and hydrolytic activity of the FDA were analyzed in the soil samples.

The test results showed that the applied fertilization variants in the first and second term generally had a stimulating effect on the activity of protease and the hydrolytic activity of the FDA. The application of the spent mushroom substrate and manure alone was the most favorable, while the use of the spent mushroom substrate with mineral fertilization at the level of N2P2K2 proved to be disadvantageous. In the case of acid phosphatase and arylsulfatase activity, inhibition was observed under the influence of all applied methods of fertilization. The negative effect was evident at all times. The waste introduced into the soil separately had the least negative impact.

Identyfikacja hodowalnej frakcji mikrobiomu brodawek korzeniowych *Trifolium rubens*

Michał Kalita, Sylwia Wdowiak-Wróbel, Monika Marek-Kozaczuk,
Wojciech Sokołowski

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

Brodawki korzeniowe roślin motylkowatych mogą być zasiedlane nie tylko przez ryzobia, czyli bakterie wiążące azot atmosferyczny w układzie symbiotycznym z rośliną ale również przez wiele innych rodzajów bakterii, między innymi frakcję hodowalną bakterii - endofity, czy też grupę VBNC (viable but not culturable, żywe ale nie hodowalne). Z 45 brodawek korzeniowych koniczyny długokłosowej (*Trifolium rubens*) wyizolowano 75 izolatów bakteryjnych. Dla 56 z nich uzyskano produkty amplifikacji ze starterami specyficznymi dla sekwencji genu kodującego 16S rRNA. W celu ustalenia przynależności rodzajowej badanych bakterii, stanowiących hodowalną część mikrobiomu brodawek korzeniowych *T. rubens*, przeprowadzono analizę porównawczą otrzymanych sekwencji z wykorzystaniem narzędzia BLAST. Pośród wyizolowanych szczepów zidentyfikowano przedstawicieli następujących rodzajów: *Rhizobium*, *Micromonospora*, *Bacillus*, *Agrobacterium*, *Pantoea*, *Arthrobacter*, *Pseudomonas*, *Paenarthrobacter*, *Variovorax*, *Sphingobium*, *Gordonia*, *Peribacillus*, *Pseudoxanthomonas*.

*Badania finansowane przez NCBR w ramach programu współpraca Polska-RPA
(projekt PL-RPA2/07/TRIFOMIKRO/2019)*

Identification of the culturable fraction of *Trifolium rubens* root nodule microbiome

The root nodules in legumes can be inhabited not only by rhizobia, i.e. bacteria that can fix atmospheric nitrogen as a result of symbiotic interaction with the plant, but also by many other bacterial genera, including the bacterial culture fraction - endophytes or the VBNC group (viable but not culturable). 75 bacterial isolates were isolated from 45 root nodules of ruddy clover (*Trifolium rubens*). Using a set of primers specific for the 16S rRNA gene, amplification products were obtained for 56 isolated strains. In order to determine the taxonomic position of bacteria constituting the culturable fraction of the *Trifolium rubens* root nodule microbiome, a comparative analysis of the 16S rRNA gene sequence was carried out using the BLAST tool. Among the isolated strains, representatives of the following genera were identified: *Rhizobium*, *Micromonospora*, *Bacillus*, *Agrobacterium*, *Pantoea*, *Arthrobacter*, *Pseudomonas*, *Paenarthrobacter*, *Variovorax*, *Sphingobium*, *Gordonia*, *Peribacillus*, and *Pseudoxanthomonas*.

*This work was supported by the National Centre for Research and Development,
Poland-South Africa joint research program (PL-RPA2/07/TRIFOMIKRO/2019)*

Kompletne sekwencje genomów i charakterystyka *Xanthomonas arboricola*, sprawcy bakteryjnej plamistości liści borówki amerykańskiej

Monika Kałużna¹, Joël F. Pothier²

¹Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Konstytucji 3 Maja 1/3 Skierniewice

²Environmental Genomics and Systems Biology Research Group, Institute for Natural Resource Sciences, Zurich University of Applied Sciences (ZHAW), Wädenswil, Switzerland.

W roku 2013 na roślinach borówki wysokiej (*Vaccinium corymbosum* L.) odm. Toro i Duke rosnących w szkółce zlokalizowanej w centralnej Polsce zaobserwowano rdzawo brązowe, nieregularne plamy na liściach, z których wyizolowano bakterie fluoryzujące w świetle UV oraz bakterie o żółtych koloniach. Dwa izolaty tych ostatnich, oznaczone numerami 1311a i 1314c, dały wynik pozytywny w teście PCR ze starterami X1 i X2, specyficznymi dla bakterii rodzaju *Xanthomonas*. Na podstawie analizy częściowych sekwencji genów *gyrB*, *fuyA* i *rpoD* (łącznie 1635 pz) stwierdzono, że badane szczepy nie były ze sobą blisko spokrewnione, jednak wykazały one największe podobieństwo do bakterii gatunku *Xanthomonas arboricola*. Zsekwencjonowano ich genomy z wykorzystaniem technologii krótkiego (MiSeq, Illumina) i długiego odczytu sekwencjonowania (MinION Oxford Nanopore). Wielkość genomów szczepów 1311a i 1314c wynosiła odpowiednio 4,889 i 4,891 Mbp, przy zawartości par G+C 65,7%. Analiza całych genomów przy użyciu Type (Strain) Genome Server (TYGS; <https://tygs.dsmz.de>) potwierdziła przynależność obu szczepów do gatunku *X. arboricola*. Jest to pierwsze doniesienie o występowaniu bakteryjnej plamistości liści borówki amerykańskiej powodowanej przez bakterie należące do rodzaju *Xanthomonas*.

Badania dotyczące patogenów borówki finansowano ze środków projektu Narodowego Centrum Nauki grant UMO-2017/25/B/NZ9/01565. Based upon work from COST Action CA16107 EuroXanth supported by COST (European Cooperation in Science and Technology).

Complete genome sequences and characterization of *Xanthomonas arboricola*, the causal agent of bacterial leaf blight of blueberry

In 2013, on the blueberry (*Vaccinium corymbosum*) cv. Toro and Duke growing in a nursery located in Central Poland russet brown, irregular spots on leaves were observed. From these leaf spots, fluorescent and yellow bacteria were isolated. Two yellow isolates, marked with numbers 1311a and 1314c, were positive in a PCR assay using primers X1 and X2 specific for bacteria belonging to the genus *Xanthomonas*. Based on partial sequences analysis of *gyrB*, *fuyA* and *rpoD* (totalizing 1,635 bp), the strains were not closely related to each other, however, both were placed within the strains of *Xanthomonas arboricola*. Their complete genomes were determined using short (MiSeq, Illumina) and long-read technologies (MinION, Oxford Nanopore). The genomes size of the strains 1311a and 1314c are 4,889,189bp and 4,891,143bp, respectively, with a G+C content of 65.7%. Whole genome-based taxonomic analysis using the Type (Strain) Genome Server (TYGS; <https://tygs.dsmz.de>) confirmed the affinity of these two strains

to *X. arboricola*. It is the first report on the occurrence of bacterial leaf blight on blueberry caused by a *Xanthomonas* species.

This work was financed by the National Science Centre, Poland, Grant UMO-2017/25/B/NZ9/01565 "Molecular basis of pathogenesis and taxonomy of bacterial and fungal pathogens of blueberry".

Based upon work from COST Action CA16107 EuroXanth supported by COST (European Cooperation in Science and Technology).

Różnorodność funkcjonalna zespołów mikroorganizmów w glebach technogenicznych Tatrzańskiego Parku Narodowego

Arletta Kochańska-Jeziorska¹, Urszula Jankiewicz¹, Magdalena Tarnawczyk²,
Łukasz Uzarowicz², Wojciech Kwasowski², Artur Pędziwiatr²

¹Katedra Biochemii i Mikrobiologii, Instytut Biologii, SGGW w Warszawie,

²Katedra Gleboznawstwa, Instytut Rolnictwa, SGGW w Warszawie

Celem pracy było zbadanie funkcjonalnej różnorodności mikrobiologicznej technogenicznych w rejonach historycznego górnictwa i hutnictwa na obszarze Tatrzańskiego Parku Narodowego. Badania obejmowały ocenę wpływu właściwości gleby i głębokości profilu glebowego na aktywność mikrobiologiczną. Z ośmiu profili glebowych pobrano 27 prób glebowych. Badano podstawowe właściwości chemiczne gleb: pH, całkowita zawartość węgla organicznego, azotu i siarki. Przeprowadzono ocenę różnorodności funkcjonalnej mikroorganizmów w oparciu o technikę CLPP (Community Level Physiological Profiling), z wykorzystaniem systemu Biolog®EcoPlates™ (Biolog Inc., Hayward, CA, USA). Na podstawie zebranych danych przeprowadzono analizę składowych głównych.

Zaobserwowano różnice w wykorzystaniu substratów węglowych pomiędzy badanymi profilami glebowymi. Dodatnio skorelowane ze średnią absorbancją (AWCD – Average Well-Color Development) są pH i wskaźnik Evaness. Węglowodany i kwasy karboksylowe były najefektywniej wykorzystywanymi substratami węglowymi.

Microbial Functional Diversity in Technosols of the Tatra National Park

The objective of this study was to describe microbial functional diversity in technogenic soils in areas of old mining and smelting in the Tatra Mountains, southern Poland. The study involved the assessment of the influence of soil properties and the soil profile depth on the soil microbial activity. The experiment was conducted in 8 locations. In total, 27 samples were analyzed. The following soil properties were investigated: pH, contents of total organic carbon, total nitrogen, and total sulfur. The microbiological study included the microbial functional diversity evaluation based on the community-level physiological profiling (CLPP) technique, performed by using Biolog®EcoPlates™ System (Biolog Inc., Hayward, CA, USA). Changes in microbial structure and their metabolic activity were the consequence of an effect of soil chemical properties. Metabolic activity varied greatly not only between samples but also between soil profiles (different locations). The pH and the Evaness index are positively correlated with the Average Well-Color Development (AWCD). Carbohydrates and carboxylic acids were the most preferentially utilized by Technosols microorganisms.

Aktywność owadobójcza mieszanin białek krystalicznych *Bacillus thuringiensis* z substancjami pochodzącymi z *Litsea cubeba*

Edyta Konecka, Agata Winnicka, Adam Kaznowski

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Zakład Mikrobiologii,
ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Bakterie *Bacillus thuringiensis* wytwarzają kryształy białkowe zawierające toksyny Cry o aktywności owadobójczej stosowane w produkcji środków ochrony roślin będących alternatywą dla insektycydów chemicznych. Celem badań było określenie przydatności nowych biopreparatów zawierających dwa różnie działające czynniki: bakteryjne toksyny krystaliczne oraz substancje roślinne.

W badaniach wykorzystano mieszaniny białek Cry izolatu *B. thuringiensis* MPU B9 wyhodowanego z próbek pobranych od martwych owadów oraz substancji roślinnych pochodzących z werbeny egzotycznej *Litsea cubeba*: cytralu i geraniolu firmy Sigma-Aldrich. Toksyczność mieszanin oznaczono wobec światłówki naziemnicy *Spodoptera exigua* z rzędu Lepidoptera (szkodnik warzyw, zbóż i roślin ozdobnych w uprawach polowych i szklarniowych).

Między toksynami Cry i substancjami roślinnymi występowała addycja wobec *S. exigua*. Zastosowanie bioinsektycydu zawierającego dwa różnie działające składniki wykazujące efekt addycji względem szkodników mogłoby hamować powstawanie odporności u owadów. Badania wpisują się w nurt poszukiwań nowych rozwiązań w ochronie roślin obejmujących stosowanie preparatów nieszkodliwych dla organizmów pożytecznych i przyjaznych dla środowiska przy jednoczesnej wysokiej skuteczności w ograniczaniu liczby szkodliwych insektów.

Insecticidal activity of mixtures containing *Bacillus thuringiensis* crystalline proteins and substances from *Litsea cubeba*

Bacteria *Bacillus thuringiensis* form protein crystals composed of Cry toxins with insecticidal activity which are used in plant protection and have become an alternative for chemical preparations. The aim of our study was to evaluate the usefulness of new biopreparations consisting of two components with different mode of action: bacterial and plant substances.

Mixtures of Cry proteins of isolate *B. thuringiensis* MPU B9 cultured from the material taken from dead insects and plant substances from mountain pepper *Litsea cubeba*: citral and geraniol purchased from Sigma-Aldrich were used. The toxicity of mixtures was determined against beet armyworm *Spodoptera exigua* from the order Lepidoptera (pest of field and greenhouse crops: vegetable, cereals, and ornamentals).

The Cry toxins and plant substances showed additive effect against *S. exigua*. The usage of insecticide composed of two ingredients acting in addition against insects will not induce insect resistance. Our research is part of the search for new solutions in plant protection, including the use of environmentally friendly preparations that are safe for beneficial organisms and have high effectiveness in reducing the number of insect pests.

Wpływ plazmy niskotemperaturowej na bioróżnorodność grzybów zasiedlających sadzonki wierzby *Salix* sp.

Marek Kopacki¹, Barbara Skwaryło – Bednarz¹, Agnieszka Jamiołkowska¹,
Joanna Pawłat²

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie¹, Politechnika Lubelska²

Materiał badawczy stanowiły zdrewniałe pędy dwóch gatunków wierzby: *Salix caprea* i *Salix lapponica*. Po aplikacji plazmy przy pomocy generatora plazmy niskotemperaturowej wytworzonego na Politechnice Lubelskiej przy zastosowaniu kombinacji z wykorzystaniem dwóch gazów roboczych: powietrza i azotu w trzech czasach: 60 s, 120 s i 300 s. Określono następujące cechy morfologiczne: masę sadzonek przed i po aplikacji plazmy, różnicę masy sadzonek, liczbę i łączną długość powstałych korzeni oraz liczbę i łączną długość powstałych pędów. Analiza badanych cech wykazała zróżnicowanie pomiędzy kombinacjami a największe oddziaływanie dotyczyło w większości aplikacji plazmy z powietrzem jako gazem roboczym przy 300 sekundowym czasie aplikacji. Zaobserwowano wpływ aplikacji plazmy na przyrost masy sadzonek i proces ukorzeniania. Kolejne doświadczenie było związane z wpływem plazmy na szkodliwe grzyby zasiedlające sadzonki wierzby wykazujące objawy chorobowe. Zaobserwowano, że najliczniej wystąpił na badanych wierzbach *Alternaria alternata*, *Botrytis cinerea* oraz grzyby z rodzaju *Penicillium*. W większości przypadków dłuższy czas aplikacji powodował ograniczenie grzybów.

Effect of non-thermal plasma on biodiversity of fungi inhabiting willow *Salix* sp. seedlings

The research material consisted of woody shoots of two species of willow: *Salix caprea* and *Salix lapponica*. After the application of the plasma with a low-temperature plasma generator produced at the Lublin University of Technology using a combination of two working gases: air and nitrogen at three times: 60 s, 120 s and 300 s. The following morphological features were determined: the weight of seedlings before and after plasma application, the difference the weight of the cuttings, the number and total length of the resulting roots, and the number and total length of the resulting shoots. The analysis of the tested features showed a difference between the combinations and the greatest impact was in most applications of plasma with air as working gas at 300 seconds of application time. The effect of plasma application on the weight gain of seedlings and the rooting process was observed. Another experiment was related to the effect of plasma on harmful fungi inhabiting willow seedlings showing disease symptoms. It was observed that *Alternaria alternata*, *Botrytis cinerea* and *Penicillium* fungi were the most numerous on the studied willows. In most cases, the longer application time reduced the fungus

Identyfikacja bakterii w bioaerozolu z wykorzystaniem techniki MALDI-TOF MS

Jacek Kozdrój¹, Krzysztof Frączek²

¹ Instytut Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Rzeszowski, ² Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

Powietrze jest środowiskiem, w którym różne bakterie występują jako składniki bioaerozolu i w tej postaci rozprzestrzeniają się, stając się łatwo dostępne dla ludzi. Jeżeli w składzie bioaerozolu znajdują się również bakterie chorobotwórcze lub oportunistyczne, ekspozycja na nie ludzi może stanowić istotne zagrożenie zdrowotne. Ze względów poznawczych, ale także sanitarnych ma znaczenie szybkie i skuteczne identyfikowanie gatunków bakterii w próbkach bioaerozolowych pobieranych w różnych obiektach lub środowisku zewnętrznym. W przeprowadzonych badaniach powietrza postanowiono wykorzystać do diagnostyki izolatów bakteryjnych technikę spektrometrii masowej MALDI-TOF. Wśród zidentyfikowanych bakterii stwierdzono obecność 18 gatunków w szklarniach palmiarni, 12 gatunków w szklarni z ogórkami, 6 gatunków w szklarni z ziołami, 11 gatunków w tunelach foliowych z ogórkami, 9 gatunków w ogrodzie botanicznym, 6 oraz 8 gatunków w powietrzu gospodarstwa ogrodniczego oraz ulicy miejskiej a także 22 gatunki w parkach miejskich. Skład jakościowy bioaerozolu bakteryjnego był zasadniczo odmienny w każdym z analizowanych miejsc. Znaczący na to wpływ ma obecność i rodzaj roślin stwierdzany w poszczególnych miejscach.

Identification of bacteria in bioaerosols using the MALDI-TOF MS technique

Air is an environment in which various bacteria exist as components of bioaerosols and spread in this form, becoming easily accessible to humans. If the composition of the bioaerosol also contains pathogenic or opportunistic bacteria, human exposure to them may pose a significant health risk. For cognitive and sanitary reasons, it is important to quickly and efficiently identify bacterial species in bioaerosol samples collected at various facilities or in the external environment. In the conducted air tests, it was decided to use the MALDI-TOF mass spectrometry technique for the diagnosis of bacterial isolates. Among the identified bacteria, 18 species in the greenhouses of the palm house, 12 species in the greenhouse with cucumbers, 6 species in the greenhouse with herbs, 11 species in polytunnels with cucumbers, 9 species in the botanical garden, 6 and 8 species in the air of the garden farm and the city street were found, as well as 22 species in city parks. The qualitative composition of bacterial bioaerosol was significantly different in each of the analysed sites. It is significantly influenced by the presence and type of plants found in particular places.

Wpływ biowęglu na utlenianie metanu i strukturę społeczności bakterii metanotroficznych w glebie

Adam Kubaczyński¹, Anna Walkiewicz¹, Anna Pytlak¹, Jarosław Grządziel²,
Anna Gałązka², Małgorzata Brzezińska¹

1. Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN, 2. Zakład Mikrobiologii Rolniczej,
Instytut Gleboznawstwa i Uprawy Roślin – Państwowy Instytut Badawczy (IUNG-PIB).

Wzbogacanie gleb biowęglem jest zabiegiem umożliwiającym sekwestrację węgla oraz poprawę właściwości fizykochemicznych gleby. Obecnie szeroko dyskutowanym zagadnieniem jest także potencjał biowęglu w ograniczaniu emisji gazów cieplarnianych z gleby. Pozwoliłoby to zarówno na pożyteczne zagospodarowanie odpadowej biomasy, jak również na przeciwdziałanie niekorzystnym zmianom klimatu. W pracy przeanalizowano wpływ biowęglu ze zrębków drzewnych na proces utleniania metanu (CH₄) oraz emisję dwutlenku węgla (CO₂) z gleby ugorowanej. Siłą sprawczą obydwu procesów są mikroorganizmy glebowe, toteż w celu dokładniejszego poznania przyczyn zmian w emisyjności gleby, przeanalizowano strukturę zbiorowisk drobnoustrojów. Stwierdzono, że dodatek biowęglu powodował trwałą i wyraźną poprawę szybkości utleniania CH₄ oraz pozytywnie wpłynął na różnorodność społeczności bakterii metanotroficznych w glebie. Przeprowadzone badania potwierdziły również krótkotrwały charakter zwiększonej emisji CO₂, obserwowanej jedynie bezpośrednio po aplikacji biowęglu.

*Badania realizowano w ramach projektu „Woda w glebie – monitoring satelitalny w poprawie retencji wodnej przy użyciu biowęglu”
(BIOSTRATEG3/345940/7/NCBR/2017), sfinansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju.*

The influence of biochar on methane oxidation and the structure of the methanotrophic bacterial community in soil

Soil enrichment with biochar is a treatment, which was suggested as a way to carbon sequestration and improvement of soil physicochemical properties. The biochar potential to reduce greenhouse gas (GHG) emissions from soil is also a widely discussed issue. This would allow to beneficial management of waste biomass and inhibition of negative climate changes. The study analyzed the effect of wood offcuts biochar on the methane (CH₄) oxidation and the carbon dioxide (CO₂) emission from fallow soil. The driving force behind both processes are soil microorganisms, therefore, in order to better understand the changes of soil emissivity, the structure of microbial communities was analyzed. It was found that the biochar addition resulted in a permanent and clear improvement of the CH₄ oxidation rate and positively affected the diversity of the methanotrophic bacteria in soil. The presented research also confirmed the increase of CO₂ emission, but only as a short-term effect of biochar application.

Research was conducted under the project “Water in soil - satellite monitoring and improving the retention using biochar” no. BIOSTRATEG3/345940/7/NCBR/2017 which was financed by Polish National Centre for Research and Development.

Wpływ dodatku polepszacza glebowego na kiełkowanie i wczesny wzrost wybranych roślin

Wojciech Filip Kucaj¹, Krystyna Cybulska²

Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
Wydział Kształtowania Środowiska, Katedra Bioinżynierii

Współczesny trend zaburzenia naturalnego obiegu pierwiastków związany jest postępowaniem cywilizacji, mechanizacją oraz chemizacją produkcji roślinnej i zwierzęcej. Próchniczotwórcze i pokarmowe zasoby nie powracają do gleby, lecz stają się czynnikiem oddziałującym na wszystkie elementy środowiska. Właściwe gospodarowanie poprodukcyjnymi i użytkowymi odpadami biologicznego pochodzenia jest niezbędne w celu minimalizacji presji na środowisko.

Przeprowadzono badania wpływu dodatku kompostu na podstawowe parametry fizykochemiczne gleby, zawartość biomasy żywych mikroorganizmów oraz zdolność i siłę kiełkowania trzech wybranych roślin. Badania prowadzono na dwóch różnych typach gleb. Pierwsza próba stanowiła kontrolę a kolejne wzbogacone zostały kompostem w 3 różnych dawkach: 1,25%, 6,25%, 12,5%.

Stwierdzono znaczące zmiany, wraz ilością dodanego kompostu w zakresie: odczynu gleby, jej zasolenia, zawartości ogólnych form C, N, S oraz makroelementów Mg, P, K, a także zawartości metali ciężkich: Cu, Zn, Fe, Mn, Pb, Cr, Ni, Cd. Ponadto wykazano oddziaływanie dodatku kompostu na zawartość biomasy żywych mikroorganizmów oraz siłę kiełkowania roślin w obu glebach. Parametry te korelowały ze sobą i były następstwem zmian warunków fizykochemicznych wynikających z dodatku kompostu.

Effect of addition of a soil improver on germination and early growth of selected plants

The contemporary trend of disturbing the natural circulation of elements is related to the progress of civilization, mechanization, and chemization of plant and animal production. The humus-forming and food resources do not return to the soil but become a factor affecting all environmental elements. Proper management of post-production and post-consumer biological waste is essential to minimize the pressure on the environment.

The influence of the compost addition on the basic physicochemical soil parameters, the biomass content of living microorganisms, and the germination capacity and strength of three selected plants was investigated. The research was carried out in two different types of soil. The first attempt was a control, and the subsequent ones were enriched with compost in 3 different doses: 1.25%, 6.25%, 12.5%.

Significant changes were found, along with the amount of added compost in terms of soil pH, its salinity, the content of general forms C, N, S, and macronutrients (Mg, P, K), as well as the content of heavy metals (Cu, Zn, Fe, Mn, Pb, Cr, Ni, Cd). These parameters correlated with each other and resulted from changes in physicochemical conditions resulting from the addition of compost. Moreover, the effect of compost addition on the biomass content of living microorganisms and the germination power of plants in both soils was demonstrated.

Fenotypowe i genotypowe podstawy mechanizmu Quorum Sensing (QS) u *Aeromonas* sp.

Maria Kurzylewska, Patrycja Madej, Karolina Pityńska, Katarzyna Dworaczek,
Jolanta Kutkowska, Anna Turska- Szewczuk

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

Bakterie z rodzaju *Aeromonas* zostały najlepiej poznane jako oportunistyczne patogeny ryb, wywołujące m.in. chorobę MAI/MAS u karpia i pstrąga tęczowego. Doniesienia literaturowe wskazują, że wśród przedstawicieli *Aeromonas* najpowszechniejszy jest typ 1 Quorum Sensing (AI-1), wykorzystujący cząsteczki sygnałowe, laktony N-acylo-L-homoseryny (AHL). Aktywacja AHL wpływa na dojrzewanie biofilmu i koreluje ze zjadliwością tych bakterii. Systemy QS, w których pośredniczą AHL, wymagają dwóch składników, induktora sygnału (homolog LuxI), katalizującego wytworzenie AHL i regulatora odpowiedzi (homolog LuxR), który wiąże się z AHL tworzącymi kompleks z receptorem, w celu regulacji transkrypcji genów.

Badania przeprowadzono na 34 izolatach *Aeromonas* sp. pozyskanych z polskich gospodarstw rybackich. Fenotyp produkcji AHL oznaczono metodą płytek dwuwarstwowych z wykorzystaniem szczepu biosensorowego *Chromobacterium violaceum* CV026. Obecność genów AI-1 *luxRI* identyfikowano na podstawie produktów reakcji PCR (~800 pz), które następnie poddano sekwencjonowaniu. Zdolność do wytwarzania biofilmu zbadano metodą spektrofotometryczną z wykorzystaniem mikrohodowli i fioletu krystalicznego. W wyniku przeprowadzanych analiz stwierdzono, że mechanizm QS i zdolność do wytwarzania biofilmu występują powszechnie u polskich izolatów *Aeromonas* sp. pozyskanych od ryb.

Phenotypic and genotypic foundations of the Quorum sensing (QS) mechanism in *Aeromonas* sp.

Bacteria of the genus *Aeromonas* are best known as opportunistic pathogens of fish, causing e.g. MAI/MAS disease in carp and rainbow trout. Literature reports indicate that type 1 Quorum Sensing (AI-1) based on signaling molecules N-acyl-L-homoserine lactones (AHL), is the most common among *Aeromonas* representatives. Activation of AHL influences the maturation of the biofilm and correlates with the virulence of these bacteria. AHL-mediated QS systems require two components, i.e. a signal inductor (LuxI homolog), which catalyzes the production of AHL, and a response regulator (LuxR homolog), which binds to receptor-complex AHLs to regulate gene transcription. The study was carried out on 34 isolates of *Aeromonas* sp. obtained from Polish fish farms. The phenotype of the strains towards AHL production was determined with the bilayer plate method with the use of the biosensor strain *Chromobacterium violaceum* CV026. The presence of AH-1 *luxRI* genes was identified by the PCR amplified products (~ 800 bp), which were then sequenced. The ability to produce biofilm was tested with the spectrophotometric method using microculture and crystal violet. The analyses demonstrated that the QS mechanism and the ability to produce biofilm are common in Polish *Aeromonas* sp. obtained from fish.

Fitotosyczność środowiskowych szczepów *Escherichia coli*

Jolanta Kutkowska, Aleksandra Pomarańska, Joanna Kulik,
Teresa Urbanik-Sypniewska

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

Choroby przenoszone przez żywność są ciągle wyzwaniem dla zdrowia publicznego. Jednym nich jest rosnąca częstość występowania ognisk infekcji po spożyciu świeżych produktów np. szpinak, sałata, rzodkiewka, kiełki roślinne zanieczyszczonych takimi patogenami jak *Salmonella enterica* i enterohemolityczne szczepy *Escherichia coli* (EHEC).

Doświadczenie miało na celu określenie czy adhezja szczepów środowiskowych *E. coli* różniących się obecnością antygenu O157 i genów kodujących toksynę Shiga do powierzchni nasion koniczyzny i gorczycy wpływa na ich zdolność kiełkowania. Użyto nasion koniczyzny łąkowej *Trifolium pratense* (czerwona) odmiana NIKE i gorczycy białej *Sinapsis alba*.

Stwierdzono, że szczepy *E. coli* serotyp O157 produkujące toksynę Shiga (STX) znacząco hamowały kiełkowanie nasion gorczycy (32 -53%) i słabiej koniczyzny (20 - 35%). Jednak największy procent zahamowania wykazał izolat *E. coli* bez antygenu O157, a posiadający gen *stx*.

Uzyskane wyniki wskazują, że produkcja toksyny Shiga ma istotny wpływ na fitotoksyczność szczepów *E. coli*. Szczepy produkujące toksynę, w których antygen O157 nie jest wykrywany, także mogą stanowić zagrożenie epidemiczne.

Phytotoxicity of environmental strains of *Escherichia coli*

Foodborne diseases continue to be a public health challenge. One of them is the increasing incidence of infection outbreaks after consuming fresh products such as spinach, lettuce, radish, plant sprouts contaminated with pathogens such as *Salmonella enterica* and enterohemolytic strains of *Escherichia coli* (EHEC).

The experiment was aimed at determining whether the adhesion of environmental strains of *E. coli* differing in the presence of the O157 antigen and genes encoding the Shiga toxin to the surface of seeds affects their germination capacity. The seeds of red clover *Trifolium pratense* (red) NIKE variety and white mustard *Sinapsis alba* were used.

It was found that the strains of *E. coli* serotype O157 producing Shiga toxin (STX) significantly inhibited the sprouting of seeds of mustard (32-53%) and to a lesser extent (20-35%) of clover. The greatest percentage of inhibition was shown by *E. coli* isolate lacking the O157 antigen and carrying the *stx* gene.

The obtained results indicate that the production of Shiga toxin has a significant impact on the phytotoxicity of *E. coli* strains. Toxin producing strains in which the O157 antigen is not detected may also pose an epidemic threat.

Synteza sideroforów przez bakterie wyizolowane z gleb rejonu subpolarnego (testy *in vitro*)

Małgorzata Majewska¹, Agnieszka Hanaka², Anna Słomka¹

¹ Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, ² Katedra Fizjologii Roślin i Biofizyki, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

Przeanalizowano możliwość syntezy sideroforów przez 10 szczepów bakteryjnych: *Alcaligenes faecalis* (3 szczepy), *Pseudomonas fluorescens* (1 szczep), *Serratia liquefaciens* (2 szczepy) i *Serratia plymuthica* (4 szczepy) w zakresie temperatur od 0°C do 36°C. Badane szczepy wyizolowano z gleb północno-zachodniej części Ziemi Wedla Jarlsberga położonej w południowo-zachodniej części Spitsbergenu, największej wyspy Archipelagu Svalbard. Wydzielanie tego rodzaju chelatorów określano na podstawie różowo-pomarańczowych stref powstających wokół kolonii bakteryjnych rosnących na podłożu błękitnym (podłoże zawierające Chrome Azurol S).

Badane szczepy wykazywały różną wydajność produkcji sideroforów zależną od temperatury oraz długości okresu inkubacji. Największe strefy dyfuzji sideroforów w podłożu zaobserwowano po 7 dniach wzrostu bakterii w temperaturze 20°C i 28°C. Takich stref nie stwierdzano wokół kolonii formowanych w temperaturze 0°C aż do 10. dnia inkubacji. W tak niskiej temperaturze konieczna była znacznie dłuższa inkubacja, aby strefy stały się możliwe do zaobserwowania. Pomimo tego, że mikroorganizmy pochodziły z gleb klimatu subpolarnego, to synteza sideroforów przez badane szczepy występowała także w temperaturze 36°C i była równie wydajna jak w 10°C.

Synthesis of siderophores by bacteria isolated from soils of the subpolar region (*in vitro* tests)

The ability to produce siderophores by 10 bacterial strains: *Alcaligenes faecalis* (3 strains), *Pseudomonas fluorescens* (1 strain), *Serratia liquefaciens* (2 strains) and *Serratia plymuthica* (4 strains) was examined in the temperature range from 0°C to 36°C. The studied bacteria strains were isolated from the soils in the north-west part of Wedel Jarlsberg Land situated in the southwestern area of Spitsbergen, the largest island of the Svalbard Archipelago. The secretion of this type of chelators was visualized as a pink-orange zone around the bacterial colonies growing on a blue medium (supplemented with Chrome Azurol S).

The tested strains demonstrated a different efficiency of the siderophores production dependent on the temperature and length of incubation period. The largest diffusion zones of the siderophores in a medium were observed after 7 days of bacterial growth at 20°C and 28°C. These zones were not found around colonies formed at 0°C until the 10th day of incubation. At such a low temperature, much longer incubation was required to make the zones visible. Despite that the microorganisms came from the soils of a subpolar climate, the synthesis of siderophores by the studied strains was also found at 36°C and was as efficient as at 10°C.

Solubilizacja fosforanu wapnia przez bakterie pochodzące z gleb rejonu subpolarnego

Małgorzata Majewska¹, Agnieszka Hanaka², Ewa Ozimek

¹ Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, ² Katedra Fizjologii Roślin i Biofizyki,
Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii
Curie-Skłodowskiej, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

Mikroorganizmy biorą udział w transformacjach nieorganicznych i organicznych związków fosforu (P) w glebie. Do podstawowych mechanizmów mikrobiologicznego uruchamiania P należą: uwalnianie kationów wodorowych (H⁺), produkcja kwasów organicznych oraz biosynteza fosfataz. Celem badań było określenie wydajności solubilizacji Ca₃(PO₄)₂ przez 10 szczepów bakteryjnych należących do następujących gatunków: *Alcaligenes faecalis* (3 szczepy), *Pseudomonas fluorescens* (1 szczep), *Serratia liquefaciens* (2 szczepy) i *Serratia plymuthica* (4 szczepy). Wymienione bakterie zostały wyizolowane z gleb Spitsbergenu. W badaniach zastosowano metodę płytkową pozwalającą na obserwowanie stref przejaśnienia powstających wokół kolonii formowanych na pożywce zawierającej nierozpuszczalny Ca₃(PO₄)₂ jako jedyne źródło P. Wzrost tych bakterii stwierdzono na standardowym agarze tryptonowo-sojowym (TSA) w zakresie temperatur od 0°C do 36°C, dlatego też, w tym samym zakresie temperatur testowano możliwość solubilizacji nierozpuszczalnych fosforanów. *P. fluorescens* i wszystkie szczepy należące do rodzaju *Serratia* rozpuszczały Ca₃(PO₄)₂ podczas 7-dniowej inkubacji w temperaturze 14°C, 20°C, 28°C i 36°C, a *P. fluorescens* był najsilniejszym solubilizatorem. W temperaturze 6°C tylko bakterie *P. fluorescens* i *S. liquefaciens* (szczep nr 86) rozpuszczały Ca₃(PO₄)₂. Natomiast w temperaturze 0°C żaden z nich nie tworzył stref przejaśnienia wokół formowanych kolonii.

Solubilization of tricalcium phosphate by bacteria originating from the soils of the subpolar region

Microorganisms are involved in the transformation of inorganic and organic phosphorus (P) compounds in the soil. The basic mechanisms of microbial activation of P include: release of hydrogen cations (H⁺), production of organic acids and biosynthesis of phosphatases. The aim of the study was to determine the efficiency of Ca₃(PO₄)₂ solubilization by 10 bacterial strains belonging to the following species: *Alcaligenes faecalis* (3 strains), *Pseudomonas fluorescens* (1 strain), *Serratia liquefaciens* (2 strains) and *Serratia plymuthica* (4 strains). These bacteria were isolated from the soils of the north-west part of Wedel Jarlsberg Land (Spitsbergen). In the study, the plate method was used to observe the clear zones around the colonies formed on the medium containing insoluble Ca₃(PO₄)₂ as the only source of P. The growth of these bacteria was observed on the standard tryptic soy agar (TSA) in the temperatures range from 0°C to 36°C, therefore also, the possibility of solubilizing the insoluble phosphates was tested in the same temperature range. *P. fluorescens* and all *Serratia* strains solubilized Ca₃PO₄ during 7-day incubation at 14°C, 20°C, 28°C and 36°C, and *P. fluorescens* was the strongest solubilizer. At 6°C only *P. fluorescens* and *S. liquefaciens* (strain no. 86) solubilized Ca₃(PO₄)₂. On the other hand, at 0°C none of them formed clear zones around the colonies.

Czy skład mykobiomu próbek roślin i gleby z plantacji truskawek jest identyczny dla odmian Honeoye, Aprica i Dipred?

Dominika Grażyna Malarczyk, Jacek Panek, Magdalena Frąć

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk

Rośliny uprawne są naturalnie zasiedlane przez liczne mikroorganizmy, między innymi grzyby mikroskopowe. Różnice w składzie mykobiomu różnych gatunków roślin oraz ich części są faktem, natomiast ważnym aspektem zrównoważonego rolnictwa jest określenie kluczowych mikroorganizmów występujących na danej uprawie roślin i jej odmianie.

Grzyby mikroskopowe wchodzące w skład mykobiomu gleby, ryzosfery, korzeni oraz części nadziemnych roślin truskawek odmian Honeoye, Aprica oraz Dipred zostały zidentyfikowane poprzez sekwencjonowanie fragmentu ITS1 przy użyciu technologii Illumina MiSeq. Otrzymane sekwencje przeanalizowano w środowisku QIIME2, wykorzystując w identyfikacji taksonomicznej bazę UNITE 8.2, a dalsze analizy wyników przeprowadzono z użyciem RStudio v.1.4.

Nie stwierdzono zróżnicowania w ilości zaobserwowanych wariantów sekwencji ampliconu (ASV), różnorodności Simpsona i efektywnej liczbie gatunków (ENS) mykobiomu trzech odmian truskawek. Odmiana Honeoye charakteryzowała się najmniejszym rozrzutem wielkości tych czynników. Wyodrębniono również ASVs charakterystyczne oraz wspólne dla każdej z przebadanych odmian tej rośliny.

Is the mycobiome composition of plant and soil samples of strawberry plantations identical for Honeoye, Aprica and Dipred cultivars?

Crop plants are naturally colonized by numerous microorganisms, including microscopic fungi. While differences in the composition of the mycobiomes of different plant species and different plant parts are a fact, an important aspect of sustainable agriculture is to identify the key microorganisms present in a given plant and its cultivar.

Microscopic fungi present in the mycobiome of bulk soil, rhizosphere, roots and shoots of strawberry plants cultivars Honeoye, Aprica and Dipred were identified by sequencing the ITS1 fragment using Illumina MiSeq technology. Obtained sequences were analyzed in QIIME2 environment, using UNITE 8.2 database for taxonomic identification, and further analyses of the results were performed using RStudio v.1.4.

No differences were found in the number of amplicon sequence variants (ASVs), Simpson's diversity and the effective number of species (ENS) of the mycobiome of different strawberry cultivars, while the cultivar Honeoye was characterized by the least spread of these factors. Characteristic and core ASVs were also found for each of the tested cultivars of this plant.

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

Porównanie charakterystyki genetycznej i fenotypowej grzybów obecnych w ekosystemie leśnym i rolniczym

Anna Marzec-Grządziel¹, Anna Gałązka¹, Karolina Furtak¹, Karolina Gawryjolek¹, Jarosław Grządziel¹

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

Lasy pełnią wiele ważnych funkcji, konieczne jest więc zachowanie ich bioróżnorodności. Jednym z podstawowych elementów ekosystemu jest gleba, której kluczowy aspekt - mikroorganizmy, pełni szereg pozytywnych funkcji. Porównanie informacji genetycznych i fenotypowych uzyskanych z ekosystemów naturalnych oraz użytkowanych przez człowieka, może nieść wiele interesujących wniosków.

Celem badań była charakterystyka genetyczna oraz funkcjonalna grzybów w glebie uprawianej rolniczo i leśnej, porównanie tych ekosystemów pod względem aktywności biologicznej. Materiał do badań stanowiły próby gleby pobrane z lasu, przyległego do niego pola uprawnego, oraz granicy między nimi. Ocena fenotypowa przeprowadzona została przy użyciu systemu Biolog (FF Plates), natomiast bioróżnorodność genetyczna określona została za pomocą technik NGS.

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

Comparison of genetic and phenotypic profiles of fungi present in forest and agricultural ecosystems

Forests perform many important functions, so it is necessary to preserve their biodiversity. One of the basic elements of the ecosystem is the soil, which key aspect - microorganisms, performs a number of positive roles. Comparison of genetic and phenotypic data obtained from natural and cultivated ecosystems may bring many interesting conclusions.

The aim of the study was genetic and functional characterization of fungi in agricultural and forest soils, comparison of these ecosystems in terms of biological activity. The material for the study included the soil samples taken from the forest, the adjacent cultivated field, and the border between them. Phenotypic evaluation was performed using the Biolog system (FF Plates), while genetic biodiversity was determined using NGS techniques.

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"

Zróżnicowanie funkcjonalne zbiorowisk grzybów w glebie zdegradowanej nawożonej fosforowym bionawozem

Mateusz Mącik¹, Agata Gryta¹, Lidia Sas-Paszt², Magdalena Frąc¹

1. Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk

2. Instytut Ogrodnictwa w Skierniewicach

Grzyby pełnią fundamentalną rolę w prawidłowym działaniu agroekosystemów oraz stanowią istotny element glebowej sieci troficznej. Celem badań było określenie sezonowych zmian w profilu funkcjonalnym zbiorowisk grzybów zasiedlających glebę zdegradowaną nawożoną fosforowym bionawozem. Doświadczenie polowe obejmowało następujące warianty nawożenia: FC-dawka optymalna bez wzbogacenia mikrobiologicznego, FA100-dawka optymalna zawierająca mikroorganizmy oraz FA60-dawka zredukowana o 40% wzbogacona mikrobiologicznie. Pobór próbek gleby odbywał się w trzech terminach: jesień 2018 (A18), lato 2019 (S19) oraz jesień 2019 (A19). Profil funkcjonalny zbiorowisk grzybów określono dzięki sekwencjonowaniu następnej generacji oraz zastosowaniu narzędzia FUNGuild. Uzyskane wyniki wskazują, że badana gleba była zdominowana przez saprotrofy. W wariantach FA100 (S19-A19) oraz FA60 (S19-A19) zaobserwowano spadek względnej obfitości patotrofów. W wariantach FA100 (A18) oraz FA60 (A18) zanotowano także wzrost względnej obfitości grzybów zdolnych do mykoryzy arbuskularnej.

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

Functional diversity of fungal communities in the degraded soil amended with phosphorus biofertilizer

Fungi play a fundamental role in the proper functioning of agroecosystems and thought to be a key element of the soil food web. The aim of this study was to determine the seasonal changes in the functional profile of fungal communities inhabiting degraded soil amended with phosphorus biofertilizer. The field experiment included the following fertilization treatments: FC-optimal dose of fertilizer without microorganisms, FA100-optimal dose containing microorganisms and FA60-dose reduced by 40% containing microorganisms. Soil samples were taken on three terms: autumn 2018 (A18), summer 2019 (S19) and autumn 2019 (A19). The functional profile of fungal communities was determined using Next Generation Sequencing and FUNGuild online database. The obtained results indicate that the studied soils were dominated by the saprotrophs. A decrease in the relative abundance of pathotrophs was observed in FA100 (S19-A19) and FA60 (S19-A19) treatments. An increase in the relative abundance of arbuscular mycorrhizal fungi was noted in FA100 (A18) and FA60 (A18) treatments.

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

Uniwersalne właściwości bakterii antagonistycznych w ochronie jabłoni przed chorobami

Artur Mikiciński, Hubert Głos, Joanna Puławska, Piotr Sobiczewski

Instytut Ogrodnictwa PIB

Z fylosfery różnych roślin sadowniczych oraz ze środowiska glebowego, spod tych upraw, wyisobniono ponad 2000 izolatów bakteryjnych, które następnie oceniano pod kątem przydatności do zwalczania najważniejszych chorób jabłoni. W pierwszym etapie przeprowadzono ocenę ich zdolności ochronnych przed czynnikiem sprawczym szarej pleśni (*Botrytis cinerea*), w teście przesiewowym na jabłkach (Gala Must). Spośród izolatów najsilniej hamujących rozwój choroby (skuteczność 80-90%) wytypowano 20, które następnie poddano ocenie w zwalczaniu zarazy ogniowej (*Erwinia amylovora*), w teście na zawiązkach owoców gruszy. Również przeprowadzono testy oceny (na jabłkach) ich skuteczności w zwalczaniu takich chorób jabłoni jak: brunatna zgnilizna (*Monilinia fructigena*), gorzka zgnilizna (*Neofabraea* spp.), mokra zgnilizna (*Penicillium expansum*) oraz alternarioza (*Alternaria alternata*). Cztery izolaty, spośród badanych bakterii (AM3/18, AM14/8, AM20/18, AM8/18), wykazały zadawalającą skuteczność w testach laboratoryjnych przeciwko wszystkim wymienionym chorobom. Przy użyciu metod molekularnych określono przynależność systematyczną badanych izolatów do gatunków: *Pantoea agglomerans* (AM3/18), *Pantoea allii* (AM14/8) i *Pantoea ananatis* (AM20/18, AM8/18).

Badania finansowane z projektu BioSafeFood „Opracowanie technologii produkcji wysokiej jakości, bezpiecznych dla konsumenta owoców i warzyw z zastosowaniem nowych biopreparatów w ochronie upraw przed chorobami”, nr umowy:

POIR.04.01.02-00-0100/17-00 współfinansowany przez Unię Europejską z Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój 2014-2020 i NCBiR.

Universal properties of antagonistic bacteria in protecting apple trees against diseases

More than 2,000 bacterial isolates were obtained from the phyllosphere of various fruit plants and from the soil under these crops. They were then assessed for their suitability for controlling the most important apple diseases. In the first step, their protective abilities against the causative agent of gray mold (*Botrytis cinerea*) were assessed in the screening test on apple fruits (Gala Must). Among the isolates with the strongest disease control properties (80-90% efficiency), 20 were selected, which were then assessed for the ability of the fire blight (*Erwinia amylovora*) control in the pear fruit test. Tests were also carried out to assess (on apples) their effectiveness in protection against diseases of apple trees such as: brown rot (*Monilinia fructigena*), bull's eye rot (*Neofabraea* spp.), blue mold (*Penicillium expansum*) and *Alternaria* rot (*Alternaria alternata*). Four isolates from among the tested bacteria (AM3/18, AM14/8, AM20/18, AM8/18) showed satisfactory effectiveness in laboratory tests against all the above-mentioned diseases. Using molecular methods, the tested isolates were identified as:

Pantoea agglomerans (AM3/18), *Pantoea allii* (AM14/8) and *Pantoea ananatis* (AM20/18, AM8/18).

The research financed by BioSafeFood “Development of a technology for producing high-quality, consumer-safe fruit and vegetables using new biopreparations to protect crops against diseases” no.POIR.04.01.02-00-0100/17-00 co-financed by UE European Regional Development Fund, POIR 2014-2010, and NCBiR.

Właściwości mikrobiologiczne i biochemiczne gleb ukształtowanych z gruntów pogórnich

Agnieszka Mocek-Płóćiniak¹, Waldemar Spsychalski², Artur Głowacki²,
Dariusz Kayzer³

¹ Katedra Mikrobiologii Ogólnej i Środowiskowej, ² Katedra Gleboznawstwa i Ochrony Gruntów,

³ Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Celem przeprowadzonych badań było oznaczenie aktywności enzymatycznej - dehydrogenaz, ureazy, fosfatazy zasadowej i proteaz oraz liczebności heterotroficznych bakterii, grzybów pleśniowych, promieniowców, a także bakterii z rodzaju *Azotobacter* sp. w glebach tworzących się z gruntów pogórnich. Badania prowadzono w latach 2015-2017 na polach doświadczalnych, należących do Katedry Gleboznawstwa i Rekultywacji UP w Poznaniu, na zwałowisku Pątnów. Próbkę do analiz pobrano z warstw gleby 0-30 cm i 30-60 cm. Pierwszym badanym czynnikiem były dwa uproszczone płodozmiany: rzepakowo-zbożowy (naprzemienna uprawa pszenicy oraz rzepaku ozimego) oraz paszowo-zbożowy (uprawa przez cztery lata lucerny z trawami, a przez kolejne dwa lata pszenicy ozimej). Drugim czynnikiem w ramach podbloków były 3 wzrastające poziomy nawożenia mineralnego: 0NPK, 1NPK oraz 2NPK. Powstałe gleby należą do gleb *Calcaric Regosols*. Aktywność mikrobiologiczna badanych gleb charakteryzowała się dużą zmiennością zarówno w sezonie wegetacyjnym, jak i w kolejnych latach prowadzonych badań. Spośród zastosowanego systemu zmianowania, korzystniejszy wpływ na aktywność mikrobiologiczną i biochemiczną wywierał płodozmiann paszowo-zbożowy.

The Microbiological and Biochemical Properties of Post-Mining Soils

The aim of the study was to analyse the enzymatic activity of dehydrogenases, urease, alkaline phosphatase and proteases and to measure the count of heterotrophic bacteria, moulds, actinobacteria and bacteria of the *Azotobacter* sp. genus in post-mining soils. The research was conducted between 2015 and 2017 on experimental fields of the Pątnów dump, which belongs to the Department of Soil Science and Reclamation, Poznań University of Life Sciences. Soil samples for analysis were collected at depths of 0-30 cm and 30-60 cm. The first factor under analysis was two simplified crop rotation systems, i.e. a rapeseed and cereal system (alternating cultivation of wheat and winter rapeseed) and a forage and cereal system (the cultivation of alfalfa with grasses for four years followed by the growing of winter wheat for the next two years). The second factor under analysis was three sub-blocks with increasing mineral fertilisation levels: 0NPK, 1NPK and 2NPK. The post-mining soils were classified as *Calcaric Regosols*. The microbiological activity of the soils exhibited high variability both in the growing season and in subsequent years of the research. The forage and cereal crop rotation system had better effect on the soil microbiological and biochemical activity than the other system.

Wpływ biostymulatorów i nawozów dolistnych na parametry mikrobiologiczne i agronomiczne w uprawie łubinu białego (*Lupinus albus* L.)

Alicja Niewiadomska¹, Hanna Sulewska², Agnieszka Wolna -Maruwka¹,
Karolina Ratajczak², Dorota Swędrzyńska¹

Katedra Mikrobiologii Ogólnej i Środowiskowej¹, Katedra Agronomii², Uniwersytet
Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Szydlowska 50, 60-656 Poznań

Celem pracy była ocena wpływu dwóch biostymulatorów (Titanit, Rooter) oraz sześciu nawozów dolistnych (Optysil, Metalosate Potassium, Bolero Bo, ADOB 2.0 Zn IDHA, ADOB B, ADOB 2.0 Mo) na łubin biały. Ponadto oceniono aktywność enzymatyczną dehydrogenaz, fosfatazy kwaśnej i zasadowej, katalazy, poziom biologicznego wiązania azotu, plon, biometrię roślin, fluorescencję chlorofilu oraz zawartość chlorofilu. Doświadczenie polowe przeprowadzono w latach 2016-2018 w Gorzynie. Najlepsze efekty w plonowaniu roślin uzyskano po zastosowaniu Optysilu i ADOB Zn IDHA. Trzyletnie wyniki dehydrogenazy (DHA), fosfatazy alkalicznej (PAL) i biologicznego wskaźnika żyzności gleby (BIF) pokazują, że biostymulatory i większość stosowanych nawozów dolistnych nie zawsze stymulowały aktywność tych enzymów i plonowanie łubinu białego w porównaniu z obiektem kontrolnym. Analiza wyników aktywności kwaśnej fosfatazy (PAC) wskazuje, że przez cały okres wegetacyjny łubinu białego nawozy dolistne i biostymulatory obniżały aktywność tego enzymu. Analizy biologicznego wiązania azotu wykazały, że nawozy i biostymulatory istotnie stymulowały aktywność nitrogenazy pod plantacją łubinu białego.

The influence of bio-stimulants and foliar fertilizers on microbial and agronomic parameters in white lupine (*Lupinus albus* L.) cultivation

The aim of this study was to assess the effect of two biostimulators (Titanit, Rooter) and six foliar fertilizers (Optysil, Metalosate Potassium, Bolero Bo, ADOB 2.0 Zn IDHA, ADOB B, ADOB 2.0 Mo) on white lupine. In addition, we evaluated the enzymatic activity of dehydrogenase, acid, and alkaline phosphatases, catalase, the level of biological nitrogen fixation, yield, plant biometric, chlorophyll fluorescence and chlorophyll content. A field experiment was conducted between 2016 and 2018 at the Gorzyń. The best effects in plant yield were obtained after the application of Optysil and ADOB Zn IDHA. The three years results of dehydrogenase (DHA), alkaline phosphatase (PAL), and the biological index of soil fertility (BIF), show that the bio-stimulants and most of the foliar fertilizers used did not always stimulate the activity of these enzymes and index in the white lupine crops, as compared with the control treatment. Analysis of the results of the acid phosphatase activity (PAC) shows that during the entire white lupine growing season the foliar fertilizers and bio-stimulants decreased the activity of this enzyme. The analyses of biological nitrogen fixation showed that the fertilizers and bio-stimulants significantly stimulated nitrogenase activity under the white lupine plantation.

Metabolity mykopasożytniczego szczepu *Trichoderma koningiopsis* i fitopatogenicznego szczepu *Fusarium culmorum* w obecności metali ciężkich (Cd, Zn, Pb) w podłożu

Artur Nowak, Wiktoria Portka, Jolanta Jaroszuk-Ściśeł

Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Wydział Biologii i Biotechnologii, UMCS,
ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

W hodowlach fitopatogenicznego *Fusarium culmorum* oraz mykopasożytniczego *Trichoderma koningiopsis* na podłożu RB z dodatkiem (2 µg/mL) jonów metali ciężkich Cd, Zn, Pb stwierdzono obecność: egzopolimerów (EPS), związków fenolowych (ZF), związków kompleksujących żelazo (ZKFe) oraz sideroforów hydroksamowych (SH). Ich stężenie i efektywność wytwarzania oraz biomasa grzybni, były bardzo zróżnicowane, zależne od metalu, źródła C (glukoza, sacharoza, chityna), okresu (5, 7, 12, 14 dni) i temperatury (12°C, 20°C, 28°C) inkubacji. Obecność Zn w niewielkim stopniu wpływała na wzrost szczepów. Szczep *F. culmorum* był wrażliwszy na obecność Cd i Pb niż mykopasożyt – uzyskana biomasa fitopatogena była niższa w porównaniu do kontroli, w przeciwieństwie do biomasy mykopasożyta, która w 20°C była wyższa niż w kontroli. W obecności jonów Pb metali najsilniej (nawet 30-krotnie) wzrastało stężenie EPS. Pb oraz Cd w najwyższym stopniu (ok. 10-krotnie) stymulowały wytwarzanie ZF. W hodowlach mykopasożyta stężenie ZKFe było zwykle wyższe niż w hodowlach fitopatogena, a najwyższy (ok. 10-krotny) wzrost obserwowano w obecności metali i glukozy w 7. dniu inkubacji w 28°C. Stężenie SH wzrosło najsilniej w hodowli mykopasożyta w obecności cynku. Mykopasożyt może być zatem składnikiem zarówno preparatu biokontrolnego jak i bioremediacyjnego.

Metabolites of the mycoparasitic strain *Trichoderma koningiopsis* and the phytopathogenic strain *Fusarium culmorum* with heavy metals (Cd, Zn, Pb) in media

In cultures of phytopathogenic *Fusarium culmorum* and mycoparasitic *Trichoderma koningiopsis* on RB medium with the addition of (2 µg/mL) heavy metal ions Cd, Zn, Pb, the presence of: exopolymers (EPS), phenolic compounds (ZF), iron complexing compounds (ZKFe) and siderophores hydroxamic acid (SH) were found. Their concentration and production efficiency as well as mycelial biomass were very diverse, depending on the metal, source C (glucose, sucrose, chitin), period (5, 7, 12, 14 days) and temperature (12°C, 20°C, 28°C) of incubation. The presence of Zn had a slight influence on the growth of the strains. The *F. culmorum* strain was more sensitive to the presence of Cd and Pb than the mycoparasite - the obtained phytopathogen biomass was lower compared to the control, in contrast to the mycoparasite biomass, which was higher at 20°C than in the control. In the presence of metal Pb ions, the concentration of EPS increased the most (even 30 times). Pb and Cd stimulated the production of ZF to the greatest extent (about 10 times). In the mycoparasite cultures, the concentration of ZKFe was usually higher than in the phytopathogen cultures, and the highest (approx. 10-fold) increase was observed in the presence of metals and glucose on the 7th day of incubation at 28°C. SH concentration increased most strongly in mycoparasite culture in the presence of zinc. Thus, mycoparasite can be component of both a biocontrol and bioremediation preparation.

Wpływ pożarów pochodzenia antropogenicznego na wzajemne relacje między mikroorganizmami i mezofauną.

Izabella Olejniczak¹, Ewa Górską², Dariusz Gozdowski², Paweł Boniecki¹,
Edyta Hewelke², Anna Prędecka³

¹Uniwersytet Kardynała Stefana Wyszyńskiego, ul. Wóycickiego 1/3, 01-938 Warszawa

²Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, ul. Nowoursynowska 161, 02-787 Warszawa

³Szkoła Główna Służby Pożarniczej, ul. J. Słowackiego 52/54, 01-628 Warszawa

Pożary należą do kluczowych czynników kształtujących ekosystemy. W istotny sposób wpływają na własności fizykochemiczne gleby oraz występujące w niej organizmy glebowe, w tym mikroorganizmy i mezofaunę. Mikroorganizmy (obejmujące bakterie i grzyby glebowe) i mezofauna (w tym Collembola i Acari) pełnią kluczową rolę w procesach glebowych. Badania prowadzono w latach 2015-2018, w Kampinoskim Parku Narodowym, na obszarach kontrolnych oraz wypalonych na skutek mocnego i słabego pożaru powierzchniowego. Celem prezentowanych badań było określenie; 1) czy i w jaki sposób pożary wpływają na wzajemne relacje między mikroorganizmami glebowymi i mezofauną glebową oraz 2) czy i w jaki sposób relacje te zmieniają się wraz upływem czasu od pożaru. Nasze badania wykazały, że wzajemne relacje między mikroorganizmami i mezofauną zależą od pożaru i zmieniają się wraz z upływem czasu od pożaru, przy czym zależności te są dodatkowo modyfikowane przez siłę pożaru.

The impact of the fires of anthropogenic origin on the relationship between microorganisms and mesofauna

Fires are among the key factors shaping ecosystems. In significantly affect physicochemical properties of the soil, and present in the soil organisms, including microorganisms and mesofauna. Microorganisms (including soil bacteria and fungi) and mesofauna (including Collembola and Acari) play a key role in soil processes. The research was carried out in 2015-2018, in the Kampinos National Park, in control areas and areas burned out as a result of a high severity and low severity surface fires. The aim of the presented research was to determine: 1) whether and how fires affect the relationship between soil microorganisms and soil mesofauna, and 2) whether and how these relationships change over time after the fire. Our research has shown that the interrelationships between microorganisms and mesofauna depend on the fire and change with time from the fire, with these relationships being further modified by the severity of the fire.

Wpływ aldehydu cynamonowego i geraniolu na aktywność metaboliczną *Staphylococcus aureus* i *Escherichia coli*

Daria Olkiewicz¹, Maciej Walczak¹

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

Celem przeprowadzonych badań było określenie wpływu dwóch substancji roślinnych o aktywności przeciwbakteryjnej – aldehydu cynamonowego i geraniolu – na aktywność metaboliczną *Staphylococcus aureus* ATCC6538 (Gram +) i *Escherichia coli* ATCC8739 (Gram -). Dokonano tego za pomocą testów aktywności enzymatycznej (API ® ZYM) i mikromacierzy BIOLOG EcoPlate TM.

Testy wykonane na zestawie do oceny aktywności enzymatycznej API ® ZYM wykazały, że mieszanina aldehydu cynamonowego i geraniolu (1:1) zmniejsza aktywność esterazy (C 4) *S. aureus* w stężeniu MIC (0,0625 mg/ml), a w stężeniu MBC (1,25 mg/ml) wynik badania aktywności enzymu był negatywny. Również esteraza lipaza (C 8) wytwarzana przez tę bakterię była silnie hamowana już w stężeniu równym MIC. W przypadku *E. coli* także zaobserwowano inhibicję enzymów. Efekt hamujący zaobserwowano w przypadku produkowanej przez *E. coli* arylamidazy leucyny – w stężeniu MIC (0,5 mg/ml) spadła aktywność tego enzymu, a wyraźną inhibicję zaobserwowano w stężeniu MBC (1 mg/ml). Również aktywność enzymatyczna β -galaktozydazy i α -glukozydazy była hamowana przez badaną mieszaninę. W przypadku pierwszego enzymu, w stężeniu równym MIC zaobserwowano niewielki spadek aktywności, lecz w stężeniu równym MBC inhibicja była już wyraźna. Natomiast aktywność α -glukozydazy była silnie hamowana już w stężeniu równym MIC. Badania wykonane przy użyciu mikropłytek EcoPlate TM potwierdzają istotny negatywny wpływ na aktywność enzymów wytwarzanych przez bakterie. Zarówno aldehyd cynamonowy jak i geraniol znacząco obniżały zdolność eksponowanych mikroorganizmów do metabolizowania różnego rodzaju źródeł węgla. Rezultaty przeprowadzonych analiz pokazują, że oba badane związki mają istotny wpływ hamujący na aktywność metaboliczną bakterii, co może być wyjaśnieniem ich przeciwbakteryjnych właściwości.

Projekt został sfinansowany ze środków Universitas Copernicana Thoruniensis In Futuro- modernizacja Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w ramach Zintegrowanego Programu Uczelni.

Nr projektu: POWR.03.05.00-00-Z302/17-00 z dnia 08.12.2017 r.

The influence of cinnamaldehyde and geraniol on the metabolic activity of *Staphylococcus aureus* and *Escherichia coli*

The aim of the conducted research was the evaluation of the influence of two plant substances with antibacterial activity – cinnamaldehyde and geraniol on *Staphylococcus aureus* ATCC6538 (Gram +) and *Escherichia coli* ATCC8739 (Gram -) metabolic activity. The analyzes were performed by using enzymatic activity tests (API ® ZYM) and EcoPlate TM microarrays (BIOLOG).

The tests performed on the system for the research of enzymatic activity API® ZYM showed, that the mixture of cinnamaldehyde and geraniol (1:1) decreases *S. aureus* Esterase (C 4) activity in MIC concentration (0.0625 mg/ml) and in MBC concentration the result of enzymatic activity test was negative. Also, Esterase Lipase (C 8) produced by *S. aureus* was strongly inhibited already in MIC concentration. In the case of *E. coli* inhibition of enzymes was also observed. The inhibitory effect was observed in the case of produced by *E. coli* Leucine arylamidase – in MIC concentration (0.5 mg/ml) the activity of this enzyme decreased, and intensive inhibition was observed in MBC concentration (1 mg/ml). Also, the enzymatic activity of β -galactosidase and α -glucosidase was inhibited by the tested mixture. In the case of the first enzyme, in MIC concentration small decrease of activity was observed, but in MBC concentration the inhibition was already intensive. Whereas α -glucosidase was strongly inhibited already in MIC concentration. The research performed by using EcoPlate™ microplates confirmed a significant negative influence on the activity of enzymes produced by bacteria. Cinnamaldehyde, as well as Geraniol, decreased the ability of exposed microorganisms to metabolize various carbon sources in a significant way. The results of conducted analyzes show that both tested compounds have significant inhibitory effect on bacterial metabolic activity, what can explain their antibacterial properties.

The project was funded by Universitas Copernicana Thoruniensis In Futuro-modernization of Nicolaus Copernicus University as part of the Integrated University Program.

[Project number: POWR.03.05.00-00-Z302/17-00]

Biopreparat na bazie izolatów grzybów z rodzaju *Trichoderma* do naturalizacji ryzosfery malin

Karolina Oszust, Michał Pylak, Magdalena Frąc

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk
k.oszust@ipan.lublin.pl, m.frac@ipan.lublin.pl

Opracowano, w skali laboratoryjnej, biopreparat bazujący na konsorcjum antagonistycznych grzybów z rodzaju *Trichoderma*, przeznaczony do naturalizacji ryzosfery malin. W kontekście możliwych sposobów zastosowań, przygotowano różne formy biopreparatu, w tym preparat do aplikacji podczas sadzenia malin (pelet lub żel) oraz preparat do podlewania roślin (proszek do zawieszenia w wodzie).

Badania obejmowały również określenie wpływu wybranego konsorcjum opartego na izolatach *Trichoderma* spp. na parametry biometryczne roślin malin i jakość gleby spod tej rośliny. W tym celu zostało założone doświadczenie wazonowe, uwzględniające różne sposoby naturalizacji (aplikacja na korzenie i podlewanie) oraz infekcję fitopatogenami (z rodzaju *Botrytis cinerea*, *Verticillium* sp., *Colletotrichum acutatum*, *Phytophthora* sp.). Odnotowano pozytywny wpływ naturalizacji na przyrost biomasy części nadziemnych malin w obiektach zakażonych *B. cinerea*, *C. acutatum* i *Verticillium* sp.

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

Biopreparation based on fungal isolates from *Trichoderma* genus for the naturalization of the raspberry rhizosphere

A laboratory-scale development of a biopreparation for the naturalization of the raspberry rhizosphere based on the *Trichoderma* genus consortium was proposed in the context of two application scenarios. The first was a ready-to-use formulation to be introduced while planting (pellets, gel). The second was a variant to be applied with naturalizing watering (soluble powder).

We sought the positive influence of the selected *Trichoderma*-based consortium on raspberry plants and soil-associated properties. Thus, a raspberry pot experiment was set up to take advantage of *Botrytis cinerea*, *Verticillium* sp., *Colletotrichum acutatum*, *Phytophthora* sp. pathosystems and different *Trichoderma*-protection strategies, such as root inoculations and watering. The certain correspondence of the effectiveness of the naturalization strategy at least in terms of the aboveground biomass increased as an initial effect, with the type of pathogen being noted, especially for *B. cinerea*, *Colletotrichum acutatum* and *Verticillium* sp.

The study was financed by The National Centre for Research and Development within the framework of the project BIOSTRATEG, contract number BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Określenie przynależności gatunkowej i aktywności metabolicznej szczepów *Mortierella antarctica*

¹Ewa Ozimek, ¹Jolanta Jaroszuk-Ściśeł, ²Justyna Bohacz, ³Agnieszka Hanaka,
¹Małgorzata Majewska, ¹Anna Słomka, ¹Artur Nowak

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej,

³Zakład Fizjologii Roślin i Biofizyki, Wydział Biologii i Biotechnologii,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin;

²Katedra Mikrobiologii Środowiskowej, Wydział Agrobioinżynierii,
Uniwersytet Przyrodniczy, ul. Leszczyńskiego 7, 20-069 Lublin

Na podstawie klasycznych metod identyfikacji mikroorganizmów określono cechy makroskopowe: wielkość, barwę, strukturę kolonii (w tym obecność charakterystycznych koncentrycznych płatów lub pasów) i przeprowadzono wstępną identyfikację gatunkową izolatów grzybów strzępkowych pochodzących z gleb Spitzbergenu. Obserwacje mikroskopowe mikrokultur badanych grzybów pozwoliły na określenie kształtu i wielkości trzonków zarodnikowych, zarodni i zarodników oraz obecności chlamydospor. Identyfikacja gatunkowa oparta o analizę sekwencji ITS1, ITS4 rDNA potwierdziła przynależność obydwu izolatów (MA DEM4 i MA DEM10) do gatunku *Mortierella antarctica*. Do oceny profilu metabolicznego szczepów *M. antarctica* DEM4 i *M. antarctica* DEM10 wykorzystano system Biolog FF MicroPlate. Spośród badanych podłoży (PDA, Martin, Chapek Dox, Ashby) i temperatur (9 °C, 15 °C, 20 °C i 28 °C), optymalnym dla wzrostu badanych szczepów było podłoże Chapek Dox, na którym najintensywniej rosły w 20 °C. Ponadto w hodowlach płynnych obydwu szczepów wykryto obecność kwasu giberelinowego (GA) oraz kwasu indolilo-3-octowego (IAA)

Praca naukowa finansowana z projektu NCN Miniatura 1 - nr 2017/01/X/NZ9/00837

The taxonomic classification and metabolic activity of the *Mortierella antarctica* strains

Based on the classical methods of microorganism identification, the macroscopic features: size, color, colony structure (including the presence of the characteristic concentric lobes or stripes) were determined and the preliminary species identification of the filamentous fungi from the Spitzbergen soils was performed. Microscopic observations of microcultures of the studied fungi allowed to determine the shape and size of spore-bearing stems, sporangia and spores, as well as the presence of chlamydospores. Species identification based on the ITS1, ITS4 rDNA sequence analysis confirmed the belonging of both isolates (MA DEM4 and MA DEM10) to the species *Mortierella antarctica*. The Biolog FF MicroPlate system was used to assess the metabolic profile of *M. antarctica* DEM 4 and *M. antarctica* DEM 10 strains. Among tested media (PDA, Martin, Chapek Dox, Ashby) and temperatures (9 °C, 15 °C, 20 °C i 28 °C), the optimal one for the growth of the tested strains was the Chapek Dox medium, on which they grew most intensively at 20 °C. In addition, the presence of GA and IAA were detected in the liquid cultures of both strains.

*This work was supported by project of National Science Centre, Poland Miniatura 1
No. 2017/01/X/NZ9/00837*

Wpływ suszy na zmiany mykobiomu ryzosfery wybranych odmian ziemniaka

Jacek Panek^{1*}, Magdalena Frąć¹, 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 należy do najpowszechniej uprawianych roślin na świecie. Susza, w związku z postępującymi zmianami klimatu jest zjawiskiem występującym w ostatnich latach z nasiloną częstością oraz intensywnością. Dlatego też bardzo ważne jest poszukiwanie odmian ziemniaka, które poprzez interakcje z mikroorganizmami glebowymi, cechują się odpornością na czynniki stresowe, takie jak susza. Celem badań było określenie zmian zachodzących w składzie mykobiomu ryzosfery wybranych odmian ziemniaka pod wpływem stresu abiotycznego – suszy. Do badań wybrano 13 odmian ziemniaka cechujących się zbliżonym mykobiomem w warunkach kontrolnych oraz glebę kontrolną – bez rośliny. Próbkę ryzosfery pobrano po 19 tygodniach wzrostu w wazonach, a następnie izolowano z nich DNA, a po amplifikacji sekwencjonowano region ITS2 na platformie Illumina MiSeq. Zaobserwowano trend wskazujący na to, że ogólny skład mykobiomu roślin poddanych stresowi suszy zmieniał się w kierunku składu organizmów zasiedlających glebę kontrolną. Zaobserwowano jednak odmiany, takie jak Pasja pomorska, Kama czy Tewadi, których mykobiom pod wpływem suszy uległ niewielkim zmianom.

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

Changes in mycobiome composition of selected potato cultivars induced by drought

Potato belongs to the most commonly cultivated plants in the world. Climate change induced drought is getting more frequent and intensive in last years. That is why studies toward finding resistant cultivars of potato are important. Aim of the study was to determine the drought induced changes in mycobiome composition of 13 selected potato cultivars. Rhizosphere samples were collected after 19 weeks of growth in pots. DNA was isolated and after amplification ITS2 region was sequenced using Illumina MiSeq platform. General trend – composition of samples treated with drought drifted towards composition of bulk soil microorganisms. However such cultivars as: Pasja pomorska, Kama or Tewadi were found to be resistant to mycobiome changes.

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

Wstępne badania lipopolisacharydów bakterii metylotroficznych izolowanych z różnych gatunków roślin

Anna Pastuszka, Iwona Komaniecka, Wojciech Sokołowski, Sylwia Wdowiak-Wróbel, Adam Choma

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

Metylotrofy stanowią zróżnicowaną grupę drobnoustrojów zdolnych do wykorzystywania zredukowanych związków jednowęglowych, jako źródła energii. Do ich względnych przedstawicieli można zaliczyć rodzaj *Methylobacterium*. Wykazano, że metylobakterie korzystnie wpływają na wzrost i plonowanie wielu roślin uprawnych. Bakterie te między innymi wytwarzają fitohormony oraz związki przyspieszające kiełkowanie nasion. Podobnie jak inne bakterie Gram-ujemne, *Methylobacterium* syntetyzują lipopolisacharydy (LPSy). Te integralne i niezbędne komponenty ścian komórkowych są zbudowane z trzech odrębnych regionów: łańcucha O-swoistego, rdzenia oligosacharydowego oraz lipidu A. W przypadku bakterii symbiotycznych potwierdzono ważną rolę LPS mikrosymbiontów w prawidłowym przebiegu infekcji rośliny gospodarza. LPS-y produkowane przez rizobia cechują się znacznym zróżnicowaniem strukturalnym. Niestety w porównaniu z nimi, nadal niewiele wiadomo na temat budowy chemicznej i właściwości biologicznych lipopolisacharydów produkowanych przez metylobakterie.

Celem badań, była wstępna analiza porównawcza LPSów ekstrahowanych z wybranych szczepów *Methylobacterium* będących izolatami z brodawek roślin motylkowatych oraz szczepu *M. oryzae* CBMB20 (endosymbionta ryżu).

Initial studies of lipopolysaccharides from methylophilic bacteria isolated from various plant species

Methylophilic are a heterogenous group of organisms capable of using reduced monocarbon compounds as an energy source. The genus *Methylobacterium* belongs to their relative representative. It has been shown that methylobacteria have a positive effect on the growth and yielding of many crops. These bacteria produce phytohormones and compounds that accelerate seed germination.. Like most of Gram-negative bacteria, *Methylobacterium* spp. synthesize lipopolysaccharides. These integral and essential components of the cell walls consist of three distinct regions: the O-specific chain, the oligosaccharide core, and the lipid A. In the case of symbiotic bacteria, the important role of LPS in the proper process of infection a 'host' plant by microsymiont has been confirmed. LPSs produced by rhizobia are characterized by significant structural differentiation. Unfortunately, compared to them, there is scanty knowledge about the chemical structure and biological properties of lipopolysaccharides produced by methylobacteria.

The aim of the study was the preliminary comparative analysis of LPS extracted from selected strains of *Methylobacterium* being isolates from root nodules of leguminous plants and from rice – (*M. oryzae* CBMB20).

Ocena przydatności preparatu czynników Nod do usprawnienia procesu biologicznej redukcji azotu atmosferycznego

Janusz Podleśny¹, Jerzy Wielbo², Anna Podleśna¹, Andrzej Perzyński¹, Karolina Smytkiewicz¹, Dominika Kidaj²

¹Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa-Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

²Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie (UMCS)

W pracy przedstawiono wyniki badań dotyczące wpływu dolistnego stosowania czynników Nod (NFs) na liczbę i masę brodawek korzeniowych oraz aktywność nitrigenazy w uprawie grochu siewnego. Badania przeprowadzono w warunkach hali wegetacyjnej Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa-Państwowego Instytutu Badawczego w Puławach, w wazonach Mitscherlicha zawierających mieszaninę ziemi i piasku w stosunku 5:2. Preparat NFs uzyskano w Zakładzie Genetyki i Mikrobiologii UMCS w Lublinie z wyselekcjonowanego szczepu bakterii *Rizobium leguminosarum* bv. *viciae* GR09. Oprysk roślin wykonano w fazie 5–6 liści grochu (BBCH 14), stosując 10 ml preparatu na 1 wazon. Wykazano, że zastosowanie ww. preparatu wpływało korzystnie na liczbę i masę brodawek korzeniowych oraz aktywność nitrigenazy, w różnym stopniu w zależności od fazy rozwojowej roślin. Liczba brodawek korzeniowych w okresie kwitnienia była większa niż w fazie zielonego strąka, ale ich masa istotnie mniejsza. Natomiast aktywność nitrigenazy była większa w okresie kwitnienia niż zielonego strąka. Konsekwencją tych zmian był przyrost plonu nasion grochu siewnego spowodowany zwiększoną obsadą strąków na roślinie i liczbą nasion z rośliny.

The evaluation of usefulness of a Nod factors preparation to improve the process of biological reduction of atmospheric nitrogen

The results of studies on the effect of foliar use of Nod factors (NFs) on the number and weight of nodules as well as the activity of nitrogenase at pea cultivation are presented in the paper. Studies were conducted in the greenhouse of Institute of Soil Science and Plant Cultivation – State Research Institute in Puławy, in Mitscherlich pots containing the mixture of soil and sand in the ratio 5:2. NFs preparation was obtained at the Department of Genetics and Microbiology UMCS in Lublin from selected strain of *Rizobium leguminosarum* bv. *viciae* GR09 bacteria. Spray of plants was performed in the 5-6 leaf stage (BBCH 14), using 10 ml of a preparation on 1 pot. It was shown that the use of NFs preparation had a positive effect on the number and weight of nodules as well as on nitrogenase activity however, this influence was different depending on developmental phase of plants. The number of nodules during the flowering was greater than during the green pod stage but their weight was significantly lower. Whereas, nitrogenase activity was greater in the flowering than in the green pod phase. A consequence of these changes was the increase of pea seed yield caused by greater pod density on a plant and number of seeds per plant.

Integrony i geny oporności na antybiotyki bakterii obecnych w powietrzu miejskim

Adam Polilejko, Jonasz Strzoda, Julia Bilińska,
Joanna Mokracka, Ryszard Koczura

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

Oporność bakterii na antybiotyki stwierdza się głównie u szczepów klinicznych, ale antybiotykooporne drobnoustroje występują również w środowisku naturalnym. Mimo wielu doniesień na temat obecności integronów i genów oporności w środowisku, niewiele wiadomo o roli powietrza w szerzeniu się antybiotykooporności.

Próbki powietrza pobierano z użyciem aspiratora MD8 w pobliżu oczyszczalni ścieków obsługującej Poznań i okolice. Bakterie oporne na antybiotyki izolowano na podłożu agarowym BHI z dodatkiem tetracykliny (20 mg/L), cefotaksymu (2 mg/L) lub ciprofloksacyny (2 mg/L). Obecność genów integraz integronów i oporności na antybiotyki wykrywano metodą PCR.

Liczba bakterii opornych na tetracylinę wynosiła 5.0×10^2 cfu/m³, na cefotaksym – 0.9×10^2 cfu/m³, a na ciprofloksacynę – 1.1×10^2 cfu/m³. W powietrzu stwierdzono obecność szczepów *Enterobacterales* z integronami klasy 1 i 2. Region zmienny integronów zawierał geny odpowiedzialne za oporność na aminoglikozydy ((*aadA*), trimetoprim (*dfrA*) jak również arsen (*arsB*). Oporność na tetracykliny była determinowana głównie genami *tet(A)*, *tet(B)*, *tet(C)*, *tet(E)* i *tet(M)*. U szczepów opornych na antybiotyki β-laktamowe wykryto geny *bla_{TEM}* i *bla_{OXA}*. Wśród plazmidowych genów oporności na fluorochinolony wykryto *qnrA*.

Integrans and antibiotic resistance genes of bacteria present in urban air

Antibiotic resistance is typically identified in clinical strains, yet antibiotic-resistant bacteria can be found also in various environments. Although there are many reports on the presence on integrons and antibiotic resistance genes in environmental settings, little is known the importance of air as a conduit for antibiotic resistance.

The air was sampled with the use of MD8 air sampler in the vicinity of a wastewater treatment plant serving Poznań and nearby area. Antibiotic-resistant bacteria were isolated on BHI agar supplemented with tetracycline (20 mg/L), cefotaxime (2 mg/L), and ciprofloxacin (2 mg/L). The presence of integron integrase and antibiotic resistance genes were detected by PCR.

The number of tetracycline-resistant bacteria was 5.0×10^2 cfu/m³, cefotaxime-resistant bacteria – 0.9×10^2 cfu/m³, and ciprofloxacin-resistant bacteria – 1.1×10^2 cfu/m³. We isolated *Enterobacterales* strains harboring class 1 and class 2 integrons. The variable regions of integrons contained genes responsible for resistance to aminoglycosides (*aadA*) and trimethoprim (*dfrA*) as well as those associated with arsenic resistance (*arsB*). Resistance to tetracycline was conferred mostly by *tet(A)*, *tet(B)*, *tet(C)*, *tet(E)*, and *tet(M)* genes. Genes responsible for resistance to β-lactam antibiotics included *bla_{TEM}* and *bla_{OXA}*. Plasmid-mediated fluoroquinolone resistance was conferred by *qnrA*.

Zmiany mikrobioty glebowej w wyniku naturalizacji ryzosfery malin bakteriami wyizolowanymi z roślin dzikorosnących

Michał Pylak¹, Karolina Oszust¹, Jacek Panek¹, Magdalena Frąć¹

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

Praca nad nowymi formułacjami biopreparatów to niezbędny element nowoczesnego rolnictwa. Tego typu produkty mogą chronić roślinę przed patogenami, ale również pozytywnie wpływać na jakość mikrobiologiczną gleby i na ograniczenie ich mikrobiologicznej degradacji. Przeprowadzono doświadczenie wazonowe, w którym inokulum antagonistycznych szczepów bakterii (*Arthrobacter* spp., *Pseudomonas* sp., *Rhodococcus* sp.) pozyskanych z ryzosfery malin dzikorosnących stosowano na rośliny. Pierwszy sposób aplikacji obejmował wprowadzenie inokulum na korzenie malin przed sadzeniem, drugi podlewanie zawiesiną mikroorganizmów 4 tygodnie po sadzeniu, a trzeci oba sposoby aplikacji zastosowane jednocześnie. W doświadczeniu uwzględniono również wpływ patogenów grzybowych. Analizę różnorodności taksonomicznej mikroorganizmów wykonano z wykorzystaniem sekwencjonowania następnej generacji w technologii Illumina®. Skład taksonomiczny gleby charakteryzował się dużą zmiennością, a mikrobiom rdzeniowy określonych strategii naturalizacji i patosystemów cechował się swoistymi dla nich mikroorganizmami należącymi m.in. do rzędów *Azospirillales*, *Bacillales*, *Burkholderiales*, *Chthoniobacterales* i *Xanthomonadales*.

Changes in soil microbiota as a result of the naturalization of the raspberry rhizosphere with bacteria isolated from wild plants

Work on new formulations of biopreparations is an indispensable element of modern agriculture. These types of products can protect the plant against pathogens, but also have a positive effect on the microbiological quality of the soil and reduce its microbiological degradation. A pot experiment was carried out in which the inoculum of antagonistic bacterial strains (*Arthrobacter* spp., *Pseudomonas* sp., *Rhodococcus* sp.) Obtained from the rhizosphere of wild-growing raspberries was applied in plant cultivation. First method included inoculum application to the roots of raspberry seedlings before planting, and second, during watering 4 weeks after planting, and third combined treatment has been applied. Fungal pathogens contamination was also considered in the experiment. The analysis of the taxonomic diversity of microorganisms was performed using Illumina® Next Generation Sequencing (NGS). The taxonomic composition of the soil was characterized by high variability, and the core microbiome of certain naturalization strategies and pathosystems was characterized by specific microorganisms, including *Azospirillales*, *Bacillales*, *Burkholderiales*, *Chthoniobacterales* and *Xanthomonadales*.

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

Wpływ biowęgla na produkcję metanu w procesie fermentacji wysłodków buraczanych

Anna Pytlak¹, Agnieszka Kasprzycka¹, Anna Szafranek-Nakonieczna²,
Jarosław Grządziel³, Adam Kubaczyński¹, Kinga Proc¹, Paulina Onopiuk²,
Anna Walkiewicz¹, Cezary Polakowski¹, Anna Gałązka³, Justyna Lalak-
Kańczugowska⁴, Zofia Stępniewska⁵, Andrzej Bieganowski¹

1. Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, 2. Instytut Nauk Biologicznych, Katolicki
Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, 3. Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Gleboznawstwa i
Uprawy Roślin – Państwowy Instytut Badawczy (IUNG-PIB), 4. Zakład Interakcji Roślina-
Patogen, Instytut Genetyki Roślin PAN, 5. Katedra Biochemii i Chemii Środowiska, Katolicki
Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II.

Jednym z substratów wykorzystywanych do produkcji biogazu może być materiał odpadowy z produkcji cukru z buraków cukrowych. W pracy przeanalizowano osad fermentacyjny zawierający wysłodki buraczane wzbogacone biowęgłem pod kątem produkcji biogazu i struktury zbiorowisk drobnoustrojów. Stwierdzono, że dodatek biowęgla ma pozytywny wpływ na proces fermentacji. Za główną przyczynę zmian w produkcji biogazu uznano przekształcenie społeczności mikroorganizmów. Zaproponowano, że biowęgiel oprócz tego, że pośredniczy w międzygatunkowym transferze elektronów, może także stanowić siedlisko dla bakterii hydrolitycznych. Przedstawione badania wskazują na wysoki potencjał biowęgla do stymulacji procesu fermentacji metanowej.

Artykuł został sfinansowany z działalności statutowej Instytutu Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk.

Influence of biochar on methane production in the fermentation of beet pulp

One of the substrates used for the production of biogas may be waste material from sugar production from sugar beets. The study analyzed the fermentation sludge containing beet pulp enriched with biochar in terms of biogas production and the structure of microbial communities. It was found that the addition of biochar has a positive effect on the fermentation process. The major cause of changes in biogas production was found to be the transformation of the microbial community. It has been suggested that biochar, in addition to mediating interspecies electron transfer, may also create a habitat for hydrolytic bacteria. The presented research shows the high potential of biochar to stimulate the methane fermentation process.

The article has been financed through statutory activities of Institute of Agrophysics, Polish Academy of Sciences.

Możliwość zastosowania immobilizowanej grzybni *Bjerkandera adusta* CCBAS 930 do usuwania antybiotyków antracyklinowych

Kamila Rybczyńska-Tkaczyk

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

Celem pracy była ocena usuwania antybiotyków antracyklinowych (daunomycyna – DNR, doksorubicyna – DOX i mitoksantron – MTX) przez immobilizowaną grzybnię *B. adusta* CCBAS 930. Podczas biotransformacji antracyklin przez szczep *B. adusta* CCBAS 930 oznaczano aktywność oksydoreduktaz: peroksydazy uniwersalnej (VP), dysmutazy ponadtlenkowej (SOD), katalazy (CAT) i oksydazy glukozy (GOX), zawartość związków fenolowych (PhC) i wolnych rodników (SOR). Dodatkowo zbadano fitotoksyczność (*Lepidium sativum* L.), biotoksyczność (test MARA) i genotoksyczność antracyklin. Po 120 godzinach ponad 90% antybiotyków antracyklinowych zostało usuniętych przez unieruchomioną grzybnię *B. adusta* CCBAS 930. Produkcja peroksydazy VP nie zmieniała się podczas 4-tygodniowego przechowywania unieruchomionej grzybni w 4°C. Jednak zawartość związków fenolowych i wolnych rodników wzrastała wraz z czasem przechowywania unieruchomionej grzybni. Skuteczna biotransformacja antracyklin była skorelowana z ich detoksykacją i spadkiem genotoksyczności.

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie RKM/S/21/2020

Possibility of using immobilized mycelium of *Bjerkandera adusta* CCBAS 930 for the removal of anthracycline antibiotics

The aim of this study was to evaluate the removal of anthracycline antibiotics (daunomycin - DNR, doxorubicin – DOX and mitoxantrone - MTX) by immobilized mycelium of *B. adusta* CCBAS 930. The activity of oxidoreductases: versatile peroxidases (VP), superoxide dismutase (SOD), catalase (CAT) and glucose oxidase (GOX), levels of phenolic compounds (PhC) and free radicals (SOR) were determined during the biotransformation of anthracyclines by *B. adusta* strain CCBAS 930. Moreover, phytotoxicity (*Lepidium sativum* L.), biotoxicity (MARA assay) and genotoxicity of anthracyclines were evaluated. After 120h more than 90% of anhracyclines were removed by immobilized mycelium of *B. adusta* CCBAS 930. The production of VP peroxidase does not change during the 4- week storage of the immobilized mycelium at 4°C. However, the content of phenolic compounds and free radicals increases with the storage time of the immobilized mycelium. Effective biotransformation of anthracyclines were correlated with detoxification and genotoxicity decrease.

University of Life Sciences in Lublin, RKM/S/21/2020

Wpływ autoszczepienia gleby na zmiany ilości biomasy żywych mikroorganizmów

Kacper Rygielski¹, Krystyna Cybulska²

Pracownia Mikrobiologii i Biochemii Środowiska, Katedra Bioinżynierii
Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
Słowackiego 17, 71-434 Szczecin

Szczepienie gleby mikroorganizmami jest jednym ze sposobów ich rekultywacji, czy też znacznej poprawy właściwości biologicznych. Zabiegi te przeprowadzane są przy użyciu różnych rodzajów mikroorganizmów, dostosowanych do zamierzonego celu. Charakteryzują się one różną skutecznością. Zwykle dużą efektywność wykazuje szczepienie mikroorganizmami stosowanymi do usuwania z gleby substancji ropopochodnych, stymulowania wzrostu i plonowania roślin. Metoda autoszczepienia, polegająca na wprowadzaniu mikroorganizmów pochodzących ze środowiska lub organizmu który jest zaszczipiany, a więc mikroorganizmów własnych, jest znana i stosowana w różnych przypadkach, zwłaszcza w medycynie czy weterynarii.

Przeprowadzono badania zmian w zawartości biomasy żywych mikroorganizmów w trzech glebach poddanej zabiegowi autoszczepienia z miejscowości Kępica, Świerżno i Stuchowo zlokalizowanych w Północno-Zachodniej Polsce. W pierwszej kolejności z gleby wyizolowano macierzyste mikroorganizmy i stworzono szczepionkę. Następnie wprowadzono ją w stężeniach 1%, 5%, 10% do różnych gleb. Kontrolę stanowiła gleba niezaszczepiona. Glebę inkubowano przez okres trzech miesięcy.

Ilość biomasy żywych mikroorganizmów w glebie oznaczano fizjologiczną metodą SIR (Substrate Induced Respiration) opracowaną przez Andersona i Domscha. Interpretację statystyczną wyników wykonano z użyciem programu Statistica 12.

Największe ilości biomasy żywych mikroorganizmów stwierdzono w glebie ze Stuchowa, najmniejsze w glebie ze Świerżna. Zabieg autoszczepienia spowodował wysoko istotne statystycznie zwiększenie ilości biomasy żywych mikroorganizmów we wszystkich badanych glebach. Zwiększenie to zmieniało się podczas inkubacji gleby i wynosiło średnio dla badanych gleb od około od 20-30% na jej początku do 10-15% na końcu.

The effect auto-inaculation of the soil on the change in the amount of live microbial biomass

Auto-inaculation of soil with microorganisms is one of the ways of their reclamation or significant improvement of their biological properties. These treatments are carried out using various types of microorganisms adapted to the intended purpose. They are characterized by different effectiveness. Usually, bioaugmentation with micro-organisms is used to remove petroleum substances from the soil, stimulating plant growth and yield.

The auto-inaculation method, involving the introduction of microorganisms originating from the environment or the organism being bioaugmented own microorganisms, is known and used in various cases, especially in medicine or veterinary medicine.

The study of changes in the biomass content of living microorganisms was carried out in three types of soil subjected to autovaccination with native microflora from Kepica, Swierzno and Stuchowo from north-western Poland. First, the parent microorganisms were isolated from the soil and a vaccine was developed. Then it was introduced in concentrations of 1%, 5%, 10% into various soils. The control was uninoculated soil. The soil was incubated for three months. The amount of live microbial biomass in the soil was determined by the physiological method SIR (Substrate Induced Respiration) developed by Anderson and Domsch. The statistical interpretation of results was performed using the Statistica 12 software.

The highest amounts of live microbial biomass were found in the soil from Stuchowo, the smallest in the soil from Swierzno. The autovaccination procedure resulted in highly significant increase in the amount of living microbial biomass in all tested soils. This increase changed during the soil incubation and ranged from 20–30 % at the beginning to 10–15 % at the end for the tested soils.

Charakterystyka mikrobioty jelitowej guniaka czerwczyka, *Amphimallon solstitiale*, pod kątem odporności na nicień entomopatogeniczne

Ewa Sajnaga¹, Marcin Skowronek¹, Agnieszka Kalwasińska², Waldemar
Kazimierczak¹, Magdalena Lis¹

¹ Interdyscyplinarne Centrum Badań Naukowych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II,
ul. Kostantynów 1J, Lublin

² Katedra Mikrobiologii Środowiskowej i Biotechnologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w
Toruniu, ul. Lwowska 1, Toruń

Nicień należące do rodzajów *Steinernema* i *Heterorhabditis* są obligatoryjnymi pasożytami owadów. Znalazły one szerokie zastosowanie jako biopreparaty do kontroli liczebności szkodników owadów. Żerujące w glebie na korzeniach drzew i innej materii organicznej larwy guniaka czerwczyka, *Amphimallon solstitiale*, wraz z innymi przedstawicielami rodziny poświętnikowatych (Scarabaeidae), podczas okresowego zwiększania liczebności wyrządzają duże szkody w uprawach oraz szkółkach leśnych i sadowniczych. Celem pracy było zbadanie potencjalnego związku między składem mikrobioty jelitowej larw guniaka a cechą odporności na nicień entomopatogeniczne (EPN), wykazywaną przez niektóre osobniki. W badaniach zastosowano ekspozycję owadów na nicień entomopatogeniczne w celu wyodrębnienia odpornych osobników oraz sekwencjonowanie nanoporowe genu kodującego 16S rRNA na matrycy DNA bakteryjnego wyizolowanego z jelita środkowego grupy owadów odpornych na EPN oraz kontrolnych. W oparciu o otrzymane wyniki stwierdzono, że mikrobiota bakteryjna jelita środkowego owadów odpornych na EPN wykazywała niższe wskaźniki różnorodności Shannon-Wiennera i Evenness, a także różniła się znacząco w składzie taksonów bakteryjnych, w porównaniu do grupy kontrolnej. Łącznie zidentyfikowano 72 rodzajów bakteryjnych, których było znacząco więcej i 92 rodzaje, których było znacząco mniej w grupie owadów odpornych na EPN. Badane grupy owadów różniły się także kluczowymi rodzajami w skonstruowanych sieciach mikrobiomu. Badania wpływu mikrobioty jelitowej owada na przebieg infekcji EPN mogą mieć istotne znaczenie w podwyższeniu skuteczności EPN stosowanych w biologicznej kontroli szkodników owadów.

Praca została sfinansowana ze środków NCN (projekt OPUS nr 2016/21/B/NZ9/0186) oraz Katolickiego Uniwersytetu Lubelskiego Jana Pawła II.

Characterization of the gut microbiota of the summer chafer, *Amphimallon solstitiale*, associated with resistance to entomopathogenic nematodes

Nematodes from the genera *Steinernema* and *Heterorhabditis* are highly virulent to insects; hence, they are used as a control agent for insect pests. Larvae of the summer chafer, *Amphimallon solstitiale*, together with some other species of the Scarabaeidae family, feeding on the roots and other organic matter can be extremely destructive to agricultural and forest ecosystems during occasional population outbreaks. This study focuses on the potential relationships between gut microbiota of *A. solstitiale* and their

resistance to entomopathogenic nematodes (EPN). We exposed insects to EPN aiming to select resistant individuals and performed nanopore sequencing of 16S rRNA gene based on bacterial DNA isolated from midgut of EPN-resistant and control groups of insects. The midgut microbiota of the EPN-resistant insects was found to display lower Shannon-Wiener and Evenness diversity indices, compared to the control group. The communities also differed significantly in the composition of the bacterial taxa. In total, the EPN-resistant group of larvae were enriched in 72 bacterial genera and depleted in 96 genera. The studied groups of insects have also different keystone genera in the created microbiome networks. Research on the impact of insect microbiota on the course of EPN infection may be essential for efficient management of insect pests.

*Supported by The National Science Center, Poland (grant nr 2016/21/B/NZ9/0186)
and John Paul II Catholic University of Lublin.*

Monitoring wybranych genów wirulencji u izolatów *Campylobacter* spp. pozyskanych od koni

Marek Selwet

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Badania dotyczyły określenia u bakterii *Campylobacter* spp. częstotliwości występowania wybranych genów wirulencji (*cadF*, *flaA*, *iam*) oraz genów odpowiedzialnych za powstawanie cytotoksyny CDT (*cdtA*, *cdtB*, *cdtC*). Obiekt badawczy stanowiło 100 próbek kału pobranych od ogierów niewykazujących objawów kampanylobakteriozy. Obecność bakterii z rodzaju *Campylobacter* spp. stwierdzono u 25 osobników (25%). Zastosowane w badaniach techniki biologii molekularnej pozwoliły spośród próbek pozytywnych wyodrębnić następujące gatunki bakterii: *C. jejuni* (68%); *C. coli* (28%) i *C. lari* (4%). Łącznie w obrębie oznaczonych gatunków stwierdzono występowanie genów: *cadF* (n=10); *flaA* (n=5); *iam* (n=3); *cdtA* (n=1); *cdtB* (n=10) i *cdtC* (n=2). U żadnego z pozyskanych izolatów nie stwierdzono jednoczesnego występowania genów odpowiedzialnych za syntezę toksyny CDT.

Monitoring of selected virulence genes in *Campylobacter* spp. isolates obtained from horses

The research concerned the determination of the frequency of occurrence of selected virulence genes (*cadF*, *flaA*, *iam*) and genes responsible for the formation of the CDT cytotoxin (*cdtA*, *cdtB*, *cdtC*) in *Campylobacter* spp. The research object consisted of 100 faecal samples collected from stallions showing no symptoms of campylobacteriosis. The presence of bacteria of the genus *Campylobacter* spp. Was found in 25 individuals (25%). The molecular biology techniques used in the research allowed us to distinguish the following species from the positive samples: *C. jejuni* (68%); *C. coli* (28%) and *C. lari* (4%). In total, the following genes were found within the marked species: *cadF* (n=10); *flaA* (n=5); *iam* (n=3); *cdtA* (n=1); *cdtB* (n=10) and *cdtC* (n=2). In none of the obtained isolates, the simultaneous presence of genes responsible for the synthesis of CDT toxin was found.

Wpływ ołowiu na aktywność dehydrogenaz w glebie pod uprawą amarantusa

Barbara Skwaryło-Bednarz, Agnieszka Jamiołkowska, Marek Kopacki

Katedra Ochrony Roślin, Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu,
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

W doświadczeniu wazonowym oceniano wpływ różnych dawek ołowiu - Pb (0, 50, 100, 200 i 400 mg·kg⁻¹ gleby) na aktywność dehydrogenaz w glebie pod uprawą amarantusa odmiany Rawa (*Amaranthus cruentus* L.). Roślina ta została wybrana ze względu na udowodnione zwiększone możliwości pobierania miedzi z gleby i jej wbudowywania w swoją biomasę oraz wspomaganą fitostabilizację, a przez to przeciwdziałanie dużemu ograniczeniu ilości mikroorganizmów glebowych i aktywności enzymatycznej. W warunkach przeprowadzonego doświadczenia wazonowego stwierdzono wzrost aktywności dehydrogenaz w glebie na wszystkich obiektach w okresie wegetacji amarantusa. Wykazano, że zaaplikowanie kolejno wzrastających dawek Pb przyczyniło się do istotnego zmniejszenia aktywności dehydrogenaz w glebie w badanych fazach rozwojowych (BBCH19, BBCH41, BBCH73) w odniesieniu do obiektów kontrolnych. Największą aktywnością dehydrogenaz cechowały się obiekty bez zastosowanego nawożenia Pb, a najmniejszą bliską zera, obiekty z największą dawką tego mikroelementu. Zaaplikowanie większych dawek Pb przyczyniło się do zmniejszenia aktywności dehydrogenaz w badanych fazach rozwojowych w odniesieniu do obiektów kontrolnych. Przeprowadzona analiza statystyczna wykazała wysokie istotne ujemne zależności pomiędzy wprowadzoną dawką Pb a aktywnością dehydrogenaz w badanych fazach rozwojowych.

Effect of the lead on dehydrogenases activity in the soil under amaranth cultivation

In the pot experiment, the influence of different doses of lead - Pb (0, 50, 100, 200 and 400 mg · kg⁻¹ of soil) on the activity of dehydrogenases in soil under the cultivation of *Amaranthus cruentus* L. was investigated. This plant was chosen for its ability to uptake copper from the soil and incorporate it into biomass, as well as promote phytostabilization, which prevents a significant reduction in soil microorganisms and enzymatic activity. In all experimental combinations, an increase in the activity of dehydrogenases in soil was found during the vegetation of amaranth. It was shown that the application of successively increasing doses of Pb contributed to a significant reduction in the activity of dehydrogenases in soil in the growth stages (BBCH19, BBCH41, BBCH73) compared to the control. The highest activity of dehydrogenases was found in the objects without Pb fertilization, and the lowest (close to zero) in the objects with the highest dose of this microelement. The application of higher doses of Pb contributed to a reduction in the activity of dehydrogenases in the studied growth stages as compared to controls. The performed statistical analysis showed high significant negative relationships between the introduced Pb dose and the activity of dehydrogenases in the studied growth stages.

Wpływ czynników Nod na parametry wymiany gazowej i plonowanie grochu siewnego

Karolina Smytkiewicz¹, Janusz Podleśny¹, Jerzy Wielbo², Anna Podleśna¹,
Dominika Kidaj²

¹ Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

² Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej (UMCS) w Lublinie

Eksperyment prowadzono w hali wegetacyjnej Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowego Instytutu Badawczego w Puławach, w wazonach Mitscherlicha zawierających mieszaninę 5 kg ziemi ogrodowej i 2 kg piasku. W badaniach uwzględniono dwie odmiany grochu siewnego: Wiato (typ liściasty) oraz Model (typ afile). W badaniach zastosowano preparat zawierający czynniki Nod wytworzony w UMCS w Lublinie.

Celem badań było określenie wpływu czynników Nod na parametry fizjologiczne, cechy morfologiczne i wielkość plonu nasion grochu siewnego.

Zastosowanie czynników Nod polepszyło równomierność i dynamikę wschodów analizowanych odmian grochu oraz korzystnie wpłynęło na rozwój powierzchni liściowej roślin. Badanie wykazało, że preparat czynników Nod zwiększył intensywność fotosyntezy oraz przewodność szparkową w obu analizowanych odmianach grochu siewnego. Jednakże, wyższe wartości tych parametrów stwierdzono w roślinach odmiany Model (typ afile) niż odmiany Wiato (typ liściasty).

Effect of Nod factors on gas exchange parameters and yielding of pea

The experiment was conducted in the greenhouse of the Institute of Soil Science and Plant Cultivation - State Research Institute in Puławy. Mitscherlich pots containing a mixture of 5 kg of garden soil and 2 kg of sand were used for the study. Two pea cultivars were used to the studies: Wiato (with traditional foliage) and Model (afila type). In the studies were use a preparation containing Nod factors which was made in the UMCS in Lublin.

The aim of the study was to determine the effect of Nod factors, on physiological parameters, morphological features and seed yield of pea.

The use of Nod factors improved the uniformity and dynamics of emergence of the both cultivars. It had a beneficial effect on the development of the leaf surface of plants. The study showed that the preparation increased the intensity of photosynthesis and stomatal conductance in both analyzed pea cultivars. However, higher values of these parameters were obtained for the cultivar Model (afila type) than for the cultivar Wiato (with traditional foliage).

Efektywność oczyszczania ścieków bytowych z zastosowaniem filtra włókninowego

Justyna Starzyk¹, Marcin Spychała²

¹Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Mikrobiologii Ogólnej i Środowiskowej,

²Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Inżynierii Wodnej i Sanitarnej

Przedmiotem doświadczenia była ocena skuteczności działania filtra włókninowego w oczyszczaniu ścieków bytowych. Badania prowadzono pod kątem analizy liczebności mikroorganizmów heterotroficznych oraz patogennych, tj. *Escherichia coli*, bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae* oraz *Clostridium perfringens*. Doświadczenie miało charakter laboratoryjny, w tym celu wykorzystano układ do filtracji skonstruowany specjalnie na potrzebę doświadczenia. W doświadczeniu wykorzystano geowłókninę TS20, pochodzącą z firmy Polyfelt®. Materiał biologiczny został pobrany z osadnika gnilnego z przydomowej oczyszczalni ścieków znajdującej się we wsi Rybojedzko w gminie Stęszew w powiecie poznańskim. W badanym materiale oznaczono skuteczność oczyszczania ścieków na podstawie analizy liczebności wybranych grup drobnoustrojów patogennych oraz ogólnej liczebności bakterii heterotroficznych na selektywnych podłożach.

Wykazano, iż skuteczność usuwania bakterii heterotroficznych wynosiła 83,5%, *Escherichia coli* oraz pozostałych bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae* aż 99,9% oraz *Clostridium perfringens* 96,6%.

Efficiency of domestic sewage treatment using a nonwoven filter

The aim of the study was evaluation the effectiveness of a non-woven filter in the treatment of domestic sewage. Studies were carried out to analyze the number of heterotrophic and pathogenic microorganisms, i.e. *Escherichia coli*, bacteria *coliforms* and *Clostridium perfringens*. The experiment had a laboratory character, for this purpose a filtration system designed especially for the experiment was used. In the experiment the geotextile TS20 from Polyfelt® company was used. The biological material was collected from a septic tank from a domestic sewage treatment plant located in the village of Rybojedzko in the municipality of Stęszew in the district of Poznan. In the material studied, the effectiveness of sewage treatment was determined on the basis of the analysis of the number of selected groups of pathogenic microorganisms, and the total number of heterotrophic bacteria on selective substrates.

It was shown that the efficiency of the total number of heterotrophic bacteria removal was 83.5%, *Escherichia coli* and other *coliforms* was as high as 99.9% and *Clostridium perfringens* 96.6%.

Wstępna charakterystyka chemiczna LPS i lipidów błonowych z endofitycznych bakterii z rodzaju *Pseudomonas* i *Rhizobium*

Anita Swatek¹, Katarzyna Broda¹, Maciej Wasilewski¹, Iwona Komaniecka¹,
Katarzyna Kasperkiewicz², Zofia Seget-Piotrowska,² Adam Choma¹

1 – Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, Wydział Biologii i Biotechnologii,
Katedra Genetyki i Mikrobiologii, 2 – Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk
Przyrodniczych, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska.

Endofity to mikroorganizmy izolowane z powierzchniowo wysterylizowanych tkanek roślinnych bądź z wewnętrznej części rośliny, które nie wywołują żadnych chorób u swoich gospodarzy, ale są zdolne do wytwarzania substancji stymulujących wzrost roślin. Do badań wykorzystano trzy szczepy endofityczne: *Rhizobium rubi*, *Rhizobium radiobacter* oraz *Pseudomonas* sp. Pochodzą one z kolekcji Katedry Mikrobiologii UŚ w Katowicach. Bakterie zostały wyizolowane z roślin pochodzących z terenów zanieczyszczonych wielopierścieniowymi węglowodorami aromatycznymi.

Z otrzymanych mas bakteryjnych wyekstrahowano preparaty fosfolipidowe, które następnie poddano analizie techniką TLC i spektrometrii mas. Dominującym lipidem błonowym w badanych preparatach jest fosfatydyloetanolamina.

Profile LPS uzyskano przez rozdzielanie techniką SDS-PAGE wskazując na obecność gładkiej formy LPS (S-LPS) o średniej długości łańcuchów polisacharydowych. W przypadku *R. rubi* i *R. radiobacter* obecna jest także w znaczących ilościach frakcja szorstka LPS. Dla wszystkich szczepów wykonano profile kwasów tłuszczowych oraz określono masę molekularną lipidu A.

*Badania finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach projektu
OPUS nr: 2020/37/B/NZ8/00855*

Preliminary chemical characteristics of LPS and membrane lipids from endophytic bacteria of the genus *Pseudomonas* and *Rhizobium*

Endophytes are microorganisms isolated from surface sterilized plant tissues or from the inner part of the plant. Endophytes do not cause any disease to their hosts, but are able to produce plant growth stimulants. Three endophytic strains were used for the study: *Rhizobium rubi*, *Rhizobium radiobacter* and *Pseudomonas* sp. They come from the collection of the Department of Microbiology of the University of Silesia in Katowice. Bacteria were isolated from plants from areas contaminated with polycyclic aromatic hydrocarbons.

Phospholipid preparations were extracted from the obtained bacterial masses, which were then analyzed by TLC and mass spectrometry. The dominant membrane lipid in the tested preparations is phosphatidylethanolamine.

LPS profiles obtained by separation using SDS-PAGE indicate the presence of a smooth form of LPS (S-LPS) with an average length of polysaccharide chains. In the case of *R. rubi* and *R. radiobacter*, the rough fraction of LPS is also present in significant amounts. Total fatty acid profiles and the molecular weight of lipid A were determined for all strains.

The research was financially supported by the National Centre of Sciences in the frame of project OPUS no. 2020/37/B/NZ8/00855

Czy biostymulatory modyfikują aktywność enzymatyczną gleby?

Dorota Swędrzyńska¹, Arkadiusz Swędrzyński², Waldemar Zielewicz², Alicja Niewiadomska¹, Agnieszka Wolna-Maruwka¹

¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Mikrobiologii Ogólnej i Środowiskowej

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Łąkarstwa i Krajobrazu Przyrodniczego

Jednym z zadań biostymulatorów jest zwiększanie dostępności, dla roślin, składników pokarmowych w glebie poprzez stymulowanie aktywności biologicznej gleby. Celem pracy było zbadanie wpływu wybranych biostymulatorów bazujących na ekstrakcie z alg morskich (N-14, PinKstart, Physiostart, Physioactive), stosowanych równolegle z nawożeniem mineralnym (NPK), na aktywność enzymatyczną gleby (dehydrogenazy, fosfatazy – kwaśna i zasadowa, katalaza, ureaza) w uprawie dwóch mieszanek pastewnych – trawiastej i motylkowato-trawiastej. Badania przeprowadzono w 3 i 4 roku trwania doświadczenia polowego. Analiza uzyskanych wyników wykazała, że nawożenie mineralne NPK bez biostymulatorów obniżało aktywność enzymatyczną gleby w porównaniu z nienawożoną kontrolą. Zastosowanie biostymulatorów w większości przypadków nie zmieniło tego efektu, za wyjątkiem preparatu Physioactiv, przy zastosowaniu którego obserwowano istotny wzrost aktywności dehydrogenaz, katalazy i fosfatazy zasadowej. Wpływ zastosowanych kombinacji nawozowych na aktywność enzymatyczną gleby miał charakter wielowymiarowy i w zdecydowanej mierze pośredni - w największym stopniu wynikał z modyfikacji pH środowiska glebowego (Physioactiv to biostymulator, w którego składzie aż 76% stanowi CaCO₃) i składu botanicznego runi.

Do biostimulants modify soil enzymatic activity?

One of the tasks of biostimulants is to increase the availability of soil nutrients to plants by stimulating biological activity of soil. The aim of the study was to investigate the effect of selected biostimulants based on sea algae extract (N-14, PinKstart, Physiostart, Physioactive), used in parallel with mineral fertilization (NPK), on soil enzymatic activity (dehydrogenase, phosphatase - acidic and alkaline, catalase, urease) in the cultivation of two forage mixtures - grass and papilionaceous-grass. The research was carried out in the 3rd and 4th year of the field experiment. The analysis of the obtained results showed that mineral NPK fertilization without biostimulants decreased the enzymatic activity of the soil in comparison with the non-fertilized control. The use of biostimulants did not change this effect in most cases, with the exception of Physioactiv, where a significant increase in the activity of dehydrogenases, catalase and alkaline phosphatase was observed. The influence of the applied fertilizer combinations on the enzymatic activity of the soil was multidimensional and, to a large extent, indirect - it resulted to the greatest extent from the modification of the pH of the soil environment (Physioactiv is a biostimulant with CaCO₃ as much as 76%) and the botanical composition of the sward.

Mikroorganizmy odpowiedzialne za degradację materii organicznej w profilu gleby torfowej

Anna Szafranek-Nakoneczna¹, Anna Pytlak², Weronika Goraj¹, Ewelina Tokarz³, Artur Banach¹, Andrzej Górski¹, Anna Sochaczewska¹, Danuta Urban⁴

¹ Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Wydział Nauk Ścisłych i Nauk o Zdrowiu, ² Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, Zakład Biogeochemii Środowiska Przyrodniczego, ³ Regionalna Dyrekcja Ochrony Środowiska w Lublinie, Wydział, Spraw Terenowych II w Chełmie, ⁴ Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Instytut Gleboznawstwa, Inżynierii i Kształtowania Środowiska, Zakład Przyrodniczych Podstaw Leśnictwa

Torfowiska to dynamiczne ekosystemy, w których warunki hydrologiczne determinują skład roślinności torfotwórczej tworzącej kolejne jego pokłady oraz jej rozkład. Celem przeprowadzonych badań było określenie struktury społeczności mikroorganizmów uczestniczących w transformacji zdeponowanej w profilu torfowiska (Pojezierze Łęczyńsko-Włodawskie) materii organicznej do CH₄ i CO₂. Przeprowadzone badania potwierdziły formowanie CH₄ w całym badanym profilu. Aktywność metanogeniczna torfu była wyższa niż gytii i sięgała 5,8 mg CH₄ kg⁻¹ d⁻¹. Identyfikacja (z wykorzystaniem sekwencjonowania następnej generacji - NGS), potwierdziła obecność zarówno bakterii (m.in. *Acidobacteriaceae*, *Pedosphaeraceae*, *Beijerinckiaceae*) jak i archeonów (w tym metanogenów z rodzin: *Methanoregulaceae*, *Methanosaetaceae*) w społeczności mikroorganizmów. Proporcje pomiędzy zidentyfikowanymi mikroorganizmami były zmienne w poszczególnych poziomach torfowiska.

Badania finansowane w ramach projektu NCN, MINIATURA 3, Nr: 2019/03/X/NZ8/01158

Microorganisms responsible for the degradation of organic matter in the peat soil profile

Peatlands are dynamic ecosystems in which the hydrological conditions determine the composition of peat-forming vegetation that forms its subsequent layers and the process of its decomposition. The aim of the research was to determine the structure of the community of microorganisms involved in the transformation of organic matter in the peat profile (Łęczna-Włodawa Lake District) to CH₄ and CO₂. Obtained results confirmed the formation of CH₄ in the whole peat profile. The methanogenic activity of peat was higher than that of gyttja and reached 5.8 mg CH₄ kg⁻¹ d⁻¹. Identification (base on next generation sequencing) confirmed the presence of both *Bacteria* (e.g. *Acidobacteriaceae*, *Pedosphaeraceae*, *Beijerinckiaceae*) and *Archaea* (including methanogens from the families: *Methanoregulaceae*, *Methanosaetaceae*) in the community of microorganisms. The proportions between the identified microorganisms were variable in particular peat layers.

Research funded by the National Science Center, Poland, MINIATURA 3, No: 2019/03 /X/NZ8/01158

Lignany roślinne a mikroorganizmy jelitowe – wzajemne oddziaływanie i potencjalne korzyści zdrowotne

Katarzyna Szałabska-Rapała¹, Weronika Borymska²,
Ilona Kaczmarczyk-Sedlak²

Szkoła Doktorska Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach, dyscyplina nauk farmaceutycznych – Katedra i Zakład Farmakognozji i Fitochemii,
Wydział Nauk Farmaceutycznych w Sosnowcu,
Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, ul. Jagiellońska 4, 41-200 Sosnowiec
Katedra i Zakład Farmakognozji i Fitochemii, Wydział Nauk Farmaceutycznych w Sosnowcu,
Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, ul. Jagiellońska 4, 41-200 Sosnowiec

Lignany należą do polifenolowych wyspecjalizowanych metabolitów roślinnych. Ich prozdrowotne właściwości wynikają głównie z aktywności przeciwutleniającej. Lignany roślinne mogą być dostarczane do organizmu wraz z dietą, a wśród najczęściej spotykanych są lignany lniane, lignany sezamu czy lignany słonecznika.

Lignany w dwojaki sposób wchodzi w interakcje z mikroorganizmami jelitowymi. Po przyjęciu ich wraz z pokarmem mogą być aktywnie przekształcane przez florę jelitową, np.: sekoizolarycirezynol do enterodiolu, a następnie do enterolaktonu lub metairezynol do enterolaktonu. Z drugiej strony wiadomo, iż dieta wpływa na skład mikroflory jelitowej – może sprzyjać rozwojowi chorobotwórczych patogenów, schorzeń takich jak cukrzyca czy otyłość, lub odwrotnie, promować szczelność jelit, wspomagać odporność organizmu czy też ułatwiać trawienie pokarmu.

Celem niniejszej pracy był przegląd literatury naukowej dotyczącej wzajemnego oddziaływania i potencjalnych korzyści zdrowotnych między lignanami roślinnymi a mikroorganizmami jelitowymi. W toku analizy licznych publikacji naukowych stwierdzono, że takie zależności istnieją i mogą być korzystne dla zdrowia człowieka.

Plant lignans and intestinal microorganisms – interplay and potential health benefits

Lignans are polyphenolic compounds that are specialized plant metabolites. Their pro-health features result mainly from antioxidant activity. Plant lignans can be delivered to the body along with the diet - the most common are linseed lignans, sesame lignans or sunflower lignans.

Lignans interplay with the gut microbes in two ways. After ingesting with food, they can be actively transformed by the intestinal microflora, for instance into: secoisolaricizresinol to enterodiol, and then to enterolactone or metairezinol to enterolactone. On the other hand, it is known that diet influences the composition of the intestinal microbiome. It can induce the development of pathogens, diseases such as diabetes or obesity, or vice versa, promote intestinal tightness, support the body's immunity or facilitate digestion of the food.

The aim of this study was to review the scientific literature on the interaction between plant lignans and gut microorganisms and its potential health benefits. In the course of the analysis of numerous scientific publications, it was found that such relationships exist and may be beneficial to human health.

Typ ziemi okrywowej a patogeniczność *Pseudomonas tolaasii* w uprawie pieczarki

Joanna Szumigaj-Tarnowska, Joanna Augustyniak, Zbigniew Uliński

Zakład Uprawy i Nawożenia Roślin Ogrodniczych,

Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy

Polska jest największym producentem pieczarki w Europie. Roczna produkcja tych grzybów sięga 350 tysięcy ton, a ponad 70% produkcji trafia na rynki zagraniczne. Choroby bakteryjne pieczarki są jednym z poważniejszych problemów branży pieczarkarskiej, bowiem wpływa na rozwój i nasilenie chorób bakteryjnych mają często warunki uprawowe. Bakteriozy, wywoływane przez gatunek *Pseudomonas tolaasii*, charakteryzują się powstawaniem ciemnobrązowych, wklęsłych plam na kapeluszach, a także na trzonkach grzybów. Porażone owocniki stają się lepkie i często ulegają zniekształceniom. Plamistości mogą rozwinąć się również na pieczarkach w warunkach chłodniczych.

Celem pracy była ocena wpływu rodzaju ziemi okrywowej stosowanej w uprawie pieczarki na występowanie i nasilenie plamistości brunatnej wywoływanej przez bakterie *P. tolaasii*.

Badania prowadzono w warunkach uprawowych. W badaniach wykorzystano trzy różne typy okryw. Po nałożeniu okryw na podłoże pieczarkowe, uprawę infekowano zawiesiną komórek bakterii. Nasilenie choroby badano na podstawie plonu owocników zdrowych i porażonych w dwóch rzutach. Wykazano, że okrywa ciężka sprzyjała nasileniu plamistości brunatnej. Na tej okrywie uzyskiwano najwyższy plon owocników porażonych, już przy niskiej liczbie komórek bakterii wprowadzonych do okrywy. W przypadku najwyższej liczby komórek bakterii rozwój choroby nie zależał od rodzaju okrywy.

Type of casing soil and pathogenicity of *Pseudomonas tolaasii* in the mushroom cultivation

Poland is the largest producer of mushrooms in Europe. The annual production of these mushrooms reaches 350,000 tons, and over 70% of the production goes to foreign markets. Bacterial diseases of mushrooms are one of the most serious problems of the mushroom industry. Brown blotch, caused by *Pseudomonas tolaasii*, is characterized by the formation of dark brown, concave spots on the mushroom caps.

The aim of the study was to evaluate the effect of the type of casing soil used in mushroom cultivation on the occurrence of brown spot caused by *P. tolaasii* bacteria.

Three different types of casing soil were used in the research. The casing soil was inoculated with a suspension of bacterial cells. The severity of the disease was examined on the basis of the yield of healthy and infected fruiting bodies in two projections. It was shown that heavy casing soil was conducive to the development of brown spot.

***Streptomyces* sp. nov. wyizolowany z osadu oceanu Antarktycznego i jego właściwości przeciwdrobnoustrojowe**

Magdalena Świecimska¹, Patrycja Golińska¹, Michael Goodfellow²

¹Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

²School of Natural and Environmental Sciences, Newcastle University, Newcastle-upon-Tyne, UK

Pozycję taksonomiczną szczepu 3A3^T, wyizolowanego z osadów dennych Oceanu Antarktycznego, zbadano z wykorzystaniem podejścia wielofazowego. Analiza genu 16S rRNA izolatu wykazała 99,7% podobieństwa sekwencji nukleotydowej do *Streptomyces pratensis* DSM 105114^T. Analiza chemicznych markerów komórkowych potwierdziła przynależność izolatu 3A3^T do rodzaju *Streptomyces*. Analizy porównawcze genomów i właściwości fenotypowych izolatu z jego najbliższym filogenetycznym sąsiadem pozwoliły na odróżnienie ich od siebie. Wartość hybrydyzacji DNA-DNA *in silico* (dDDH) pomiędzy izolatem 3A3^T a *S. pratensis* DSM 105114^T wynosiła 26,3%, a średnie podobieństwo nukleotydów (ANI) 84,2%. Wartości te były znacznie poniżej rekomendowanych dla wyodrębnienia nowego gatunku bakterii, wskazując na przynależność izolatu 3A3^T do odrębnego taksonu. Genom szczepu 3A3^T posiadał wiele klastrów genów odpowiedzialnych za syntezę metabolitów w szczególności o działaniu przeciwbakteryjnym, przeciwgrzybowym, przeciwwirusowym, przeciwmalarycznym i przeciwnowotworowym. W badaniach *in vitro* izolat wykazywał aktywność przeciwbakteryjną wobec bakterii Gram-dodatnich (*Bacillus subtilis*, *Micrococcus luteus* i *Staphylococcus aureus*) oraz przeciwgrzybową wobec *Phoma lingam* i *Fusarium culmorum*.

***Streptomyces* sp. nov. isolated from ocean sediments from Antarctic ocean and its antimicrobial activity**

Taxonomic status of strain 3A3^T isolated from the sediments collected from the Antarctic ocean was established using the polyphasic taxonomy. The analysis of 16S rRNA gene sequence showed 99.7% sequence similarity to *Streptomyces pratensis* DSM 105114^T. The chemical cell markers of isolate 3A3^T were characteristic for the genus *Streptomyces*. The genome analysis and phenotypic properties of the isolate and its closest phylogenetic neighbour distinguished them from each other. The value of digital DNA-DNA hybridization (dDDH) between isolate 3A3^T and *S. pratensis* DSM 105114^T was 26.3% and average nucleotide identity (ANI) was 84.2%. The values were low below cut off points recommended to establish novel species of bacteria, indicating that isolate 3A3^T belong to a novel taxa. Analysis of the genome of 3A3^T strain revealed the presence of many gene clusters responsible for the synthesis of metabolites especially those with antibacterial, antifungal, antiviral, antimalarial, and antitumor properties. The isolate showed antibacterial activity against Gram-positive bacteria (*Bacillus subtilis*, *Micrococcus luteus* and *Staphylococcus aureus*) and antifungal activity against *Phoma lingam* and *Fusarium culmorum*.

Rozpoznanie mikrobiomu endofitów zasiedlających tkanki pszenicy orkiszowej (*Triticum spelta* L.)

Kinga Włodarczyk¹, Agnieszka Kuźniar¹, Jarosław Grządziel², Anna Gałązka²,
Agnieszka Wolińska¹

¹Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Katedra Biochemii i Chemii Środowiska, ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin

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

Bakterie endofityczne rozwijają się wewnątrz roślin i nie wywierają negatywnego wpływu na gospodarza. Na zbiorowiska gatunków bakteryjnych występujących w roślinach wpływają czynniki takie jak fragment tkanki roślinnej, pora roku i warunki glebowe. Obecność i identyfikacja endofitów jest opisywana w odniesieniu do różnych fragmentów roślin uprawnych, w tym pszenicy. Nie mniej jednak mikrobiom pszenic orkiszowych jest wciąż nierozpoznany.

Celem pracy była metagenomiczna analiza bakterii endofitycznych zasiedlających tkanki liści, korzeni i koleoptyli dwóch odmian pszenicy orkiszowej: *Triticum spelta* L. cv. Rokosz i *Triticum spelta* L. cv. Schwabenkorn.

Wykazano, że odmiana oraz fragment rośliny miały wpływ na różnorodność mikrobiomu endofitycznego. W tkankach pszenicy odmiany 'Rokosz' jako dominanty występowały bakterie z rodzajów *Flavobacterium* i *Janthinobacterium*. Ponadto odnotowano obecność bakterii reprezentujących rodzaje *Pseudomonas*, *Pedobacter* i *Duganella*. Z kolei we fragmentach pszenicy 'Schwabenkorn' zdecydowanym dominantem były szczepy bakterii z rodzaju *Pseudomonas*.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach projektu LIDER IX – 0024/L-9/2017

Identification of the endophytic microbiome inhabiting spelt wheat tissues (*Triticum spelta* L.)

Endophytic bacteria develop inside plants and have no negative effect on the host. Factors such as the type of plant tissue, season and soil conditions affect the communities of bacterial species found in plants. The presence and identification of endophytes is described for various crop plant fragments, including wheat. However, *T. spelta* microbiome still remains unrecognised,

The aim of this study was metagenomic analysis of endophytic bacteria colonizing tissues of leaves, roots and coleoptiles of two spelt wheat cultivars: *Triticum spelta* L. cv. Rokosz and *Triticum spelta* L. cv. Schwabenkorn.

It was demonstrated that variety and plant fragment affected the diversity of the endophytic microbiome. Bacteria of the genera *Flavobacterium* and *Janthinobacterium* as dominant were present in the tissues of spelted wheat of the 'Rokosz' variety. In addition, bacteria representing the genera *Pseudomonas*, *Pedobacter*, and *Duganella* were noted. In turn, in wheat fragments of *T. spelta* L. cv. 'Schwabenkorn' the definite dominant bacteria were *Pseudomonas* sp.

This studies was supported by the National Centre for Research and Development under the LIDER IX programme - 0024/L-9/2017

Wrażliwość wybranych szczepów bakterii na obecność diklofenaku w środowisku

Danuta Wojcieszewska, Joanna Żur, Urszula Guzik

Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk Przyrodniczych, Instytut Biologii,
Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Jagiellońska 28, 40-032 Katowice

Diklofenak należy do niesteroidowych leków przeciwzapalnych i odznacza się na tle innych leków z tej grupy stosunkowo wysoką toksycznością. Celem pracy była ocena wrażliwości na diklofenak szczepów *Serratia quinivorans* KB1, *Raoultella terrigena* KB7, *Klebsiella aerogenes* KB18, *Enterobacter bugandensis* KB19 i *Enterobacter tabacii* KB26 poprzez wyznaczenie minimalnego stężenia hamującego (MIC), analizę aktywności enzymów będących markerami zanieczyszczenia środowiska, ocenę wpływu leku na stres oksydacyjny, a także zmiany w profilach błonowych kwasów tłuszczowych. Zbadano również potencjał degradacyjny szczepów względem diklofenaku w warunkach kometabolicznych. Wartości MIC diklofenaku wynosiły od 39 mg/l do 312 mg/l w zależności od badanego szczepu. Profil błonowych kwasów tłuszczowych wskazywał na zmiany wynikające z obecności diklofenaku. Stopień peroksydacji lipidów oraz aktywność katalazy wskazywała, że diklofenak generuje stres oksydacyjny. Ponadto u wszystkich badanych szczepów zaobserwowano podwyższoną aktywność fosfatazy kwasowej oraz zasadowej, za wyjątkiem szczepu KB19. Aktywność 1,2- i 2,3-dioksygenazy katecholowej oraz ocena potencjału degradacyjnego wykazała, że szczepy KB7 i KB18 odznaczały się największym potencjałem degradacyjnym.

Praca sfinansowana przez Narodowe Centrum Nauki, Polska, 2018/29/B/NZ9/00424

Sensitivity of selected bacterial strains to the presence diclofenac in the environment

Diclofenac belongs to nonsteroidal anti-inflammatory drugs and has relatively high toxicity compared to other drugs from this group. The aim of the study was to assess the sensitivity of strains *Serratia quinivorans* KB1, *Raoultella terrigena* KB7, *Klebsiella aerogenes* KB18, *Enterobacter bugandensis* KB19 and *Enterobacter tabacii* KB26 to diclofenac by determining the minimum inhibitory concentration (MIC), analyzing the activity of enzymes that are markers of environmental pollution, assessing the effect of xenobiotics on oxidative stress, as well as changes in the profile of membrane fatty acids. The degradation potential of examined strains relative to diclofenac under cometabolic conditions was also investigated. MIC of diclofenac from 39 mg/L to 312 mg/L was obtained, depending on the strain tested. The profile of membrane fatty acids resulted from the presence of diclofenac. The degree of lipid peroxidation and catalase activity indicated that diclofenac generates oxidative stress. Increased acid and alkaline phosphatase activity was observed in all strains tested, with the exception of KB19 strain. The activity of catechol 1,2- and 2,3-dioxygenase and assessment of degradation potential showed that strains KB7 and KB18 had the greatest degradation potential.

The work was financed by the National Science Center, Poland, 2018/29/B/NZ9/00424

Sezonowa zmienność aktywności funkcjonalnej mikroorganizmów zasiedlających osady denne Stawu Kardynalskiego w Ślesinie

Agnieszka Wolińska¹, Anna Gałązka², Jacek Podlewski³

¹ Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów, ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin, *e-mail: agnieszka.wolinska@kul.pl

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

³ Fundacja Potulicka, Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

Celem badań było rozpoznanie sezonowych zmian w aktywności funkcjonalnej (metabolicznej) mikroorganizmów zasiedlających osady denne Stawu Kardynalskiego w Ślesinie, dedykowanego ekologicznej hodowli karpia nakielskiego. Materiał badawczy stanowiło łącznie 40 prób osadów dennych pobieranych wiosną, latem, jesienią i zimą 2020 r. (po 10 prób w każdej porze roku z wytypowanych lokalizacji stawu). Zastosowano technikę Biolog EcoPlates, opartą na zmianie barwy wskaźnika podczas rozkładu źródła węgla. Płytkę EcoPlate zawiera 31 różnych substratów węglowych umieszczonych w trzech powtórzeniach oraz wodę, jako próbę kontrolną. Na podstawie wartości wskaźnika AWCD wykazano, że najwyższa aktywność metaboliczna bakterii charakteryzowała próby pobierane latem i zimą. Preferencje w metabolizowaniu substratów węglowych przedstawiały się następująco: kwasy karboksylowe > węglowodany > aminokwasy > polimery > aminy i amidy.

Badania zostały sfinansowane przez KUL w ramach grantów uniwersyteckich (1/6-20-20-10-0603-0003-0499)

Seasonal variability of functional activity of microorganisms inhabiting bottom sediments of the Cardinal Pond in Ślesin

The aim of the study was to recognize seasonal changes in the functional (metabolic) activity of microorganisms inhabiting the bottom sediments of the Cardinal Pond in Ślesin, dedicated to the ecological production of Nakło carp. The study material consisted of 40 bottom sediment samples collected in the spring, summer, autumn, and winter of 2020 (10 samples in each season from selected pond locations). The Biolog EcoPlates technique was applied, based on the color change of the indicator during the decomposition of the carbon source. The EcoPlate contains 31 different carbon substrates placed in triplicate and water as a control. Based on the AWCD index values, it was shown that the highest bacterial metabolic activity characterized the samples collected in summer and winter. The preferences of metabolizing carbon substrates were as follows: carboxylic acids > carbohydrates > amino acids > polymers > amines and amides.

The research was financed by the Catholic University of Lublin under the following university grants (1/6-20-20-10-0603-0003-0499)

Wpływ nawozu organicznego na bazie biowęgla na strukturę społeczności bakteryjnej oraz plon kukurydzy (*Zea mays* L.)

Agnieszka Wolna-Maruwka,¹ Alicja Niewiadomska¹, Tomasz Piechota²,
Aleksandra Grzyb¹, Dorota Swędrzyńska¹

¹Katedra Mikrobiologii Ogólnej i Środowiskowej, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Szydlowska 50, 60-656 Poznań

²Katedra Agronomii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Dojazd 11, 60-656 Poznań

Celem badań było odkrycie różnic w strukturze bakterii oraz poziomie aktywności enzymatycznej gleby po aplikacji bionawozu wytworzonego z substratu lignocelulozowego i biowęgla z dodatkiem wybranych mikroorganizmów (alg, grzybów strzępkowych z rodzaju *Glomus* lub konsorcjum bakterii *Bacillus* sp.), jak również ocena plonu roślin. Stwierdzono, że wprowadzone bionawozy wpływały zarówno na strukturę, jak również zawartość procentową poszczególnych jednostek taksonomicznych bakterii (OTU). Za wyjątkiem bionawozu z dodatkiem arbuskularnych grzybów mykoryzowych (AM) odczyn gleby okazał się czynnikiem w niewielkim stopniu skorelowanym dodatnio z aktywnością enzymatyczną gleby oraz wybranymi parametrami roślin. Zastosowanie bionawozu z dodatkiem AM przyczyniło się ponadto do istotnego zwiększenia wartości indeksu BIF, wzrostu plonu ziarna kukurydzy oraz zawartości skrobi w roślinach.

The effect of organic fertilizer based on biochar on the structure of the bacterial community and the yield of maize (*Zea mays* L.)

The aim of the study was to discover differences in the structure of bacteria and the level of soil enzymatic activity after the application of a biofertiliser made of lignocellulosic substrate and biochar containing various microorganisms (algae, mycorrhizal fungi of the *Glomus* genus or the consortium of *Bacillus* sp. bacteria), as well as the estimation of plants yield. The biofertilisers influenced both the structure and the percentage share of individual bacterial operational taxonomic units (OTU). The soil pH exhibited a minimal positive correlation with the soil enzymatic activity and selected plant parameters, except the biofertiliser variant with arbuscular mycorrhiza (AM). Moreover, the AM biofertiliser significantly increased the BIF value, the yield of maize seeds and the starch content in the plants.

Aktywność hydrolityczna bakterii eofitycznych roślin uprawnych i chwastów

Małgorzata Woźniak, Anna Gałązka

Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy, e-mail: m.wozniak@iung.pulawy.pl; agalazka@iung.pulawy.pl

Interakcje między roślinami a mikroorganizmami (zwłaszcza endosymbioza) to istotny element koncepcji zrównoważonego rolnictwa. Bakterie endofityczne są postrzegane jako ważne źródło bioaktywnych metabolitów wtórnych i innych produktów naturalnych. Enzymy pochodzenia mikrobiologicznego wykazują duży potencjał do zastosowania w biotechnologii, w tym w badaniach rolniczych.

Dwadzieścia trzy endofityczne szczepy bakterii wyizolowano z fragmentów łodyg i korzeni roślin uprawnych i chwastów, reprezentujących zarówno różne gatunki, jak i gromady. Bakterie zidentyfikowano poprzez sekwencjonowanie fragmentów genu 16S rRNA. W celu oceny produkcji proteazy, szczepy endofitów bakteryjnych wysiano na płycie z agarem zawierającym mleko odtłuszczone. Wytwarzanie celulazy przez bakterie określono na podłożu zawierającym karboksymetylocelulozę. Piętnaście szczepów bakterii wykazywało zdolność do syntezy proteaz. Aktywność celulolityczną zaobserwowano dla dwunastu szczepów bakterii. Największy potencjał hydrolizy karboksymetylocelulozy odnotowano dla szczepu bakteryjnego o kodzie SR3 (*Delftia acidovorans*) wyizolowanego z korzenia *Secale cereale* (L.). Natomiast szczep sklasyfikowany jako *D. acidovorans* z korzenia *Zea mays* (ZR4) wytwarzał najwyższy poziom proteazy.

Badania sfinansowano z Tematu Badawczego nr 1.21 (2017-2019), realizowanego w ramach działalności Statutowej IUNG-PIB, Puławy

Hydrolytic activity of endophytic bacteria of crops and wild plants

Plant-microbe interactions (especially endosymbiosis) is an important element of concept for sustainable agriculture. The endophytic bacteria are viewed as important source of bioactive secondary metabolites and others natural products. Enzymes of microbial origin have a strong potential for biotechnological applications in several fields including agricultural. Twenty three endophytic bacteria strains were isolated from stem and root fragments of crops and wild plants, representing both different species and phyla. Bacteria were identified by sequencing 16S rRNA gene fragments. For evaluating protease production one loop full of bacterial strains was streaked on skimmed milk agar plate. Cellulase production by the endophytic bacteria was determined on medium with carboxymethyl cellulose. Fifteen bacteria isolates were able to produce protease. Cellulolytic activity was observed in twelve bacterial isolates. The highest potential to hydrolyse of carboxymethyl cellulose was recorded in bacterial strain coded SR3 (*Delftia acidovorans*) from root of *Secale cereale* (L.). Whereas, the strain classified as *D. acidovorans* from root of *Zea mays* (ZR4) produced the highest level of protease.

This research was supported by the project nr 1.21 (2017 – 2019) the statutory activity of IUNG-PIB in Pulawy

Wpływ *Methylobacterium oryzae* CBMB20 na vegetację *Arabidopsis thaliana*

Katarzyna Zamłyńska, Adam Choma, Dorota Samborska

Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Instytut Nauk Biologicznych, UMCS,
ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

Methylobacterium spp. to mikroorganizmy, zaliczane do tzw. bakterii PGPR (ang. plant growth promoting rhizobacteria). Mogą nawiązywać relacje symbiotyczne z roślinami wyższymi. Bakterie te produkują auxyny, cytokininy, witaminy oraz deaminazę ACC. Związki te promują wzrost roślin.

Celem badań było sprawdzenie, czy *Methylobacterium oryzae* CBMB20 stymuluje wzrost rzodkiewnika pospolitego.

Arabidopsis thaliana uprawiano bezglebowo, stosując uprawę hydroponiczną w podłożu Hoglanda. Rośliny podzielono na cztery grupy: 1. rośliny, które wyrosły z nasion zaprawianych *M. oryzae* (miano 10^7); 2. rośliny, których korzenie moczo w zawiesinie *M. oryzae* (miano 10^7); 3. rośliny opryskiwane *M. oryzae* (miano 10^7); 4. rośliny kontrolne. Każda grupa liczyła po 36 roślin. Część z nich zakażano fitopatogenami: *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* 147 (miano 10^8) oraz *Pseudomonas syringae* DC 3000 (miano 10^8), po czym obserwowano strefy nekrozy. Po 10 tyg. uprawy wszystkie rośliny zebrano, zważono świeżą masę oraz zmierzono wielkość rozet.

Wykazano, że największą masę zieloną oraz wielkość rozety posiadały rośliny wyrosłe z nasion zaprawianych w *M. oryzae*. Na roślinach należących do tej grupy, zakażonych *X. campestris* oraz *P. syringae* obserwowano najmniejsze strefy nekrozy w porównaniu z roślinami z pozostałych grup. Z przeprowadzonych doświadczeń wynika, że *M. oryzae* CBMB20 może mieć wpływ na vegetację *Arabidopsis thaliana*. W dalszych etapach badań planuje się sprawdzić, czy *M. oryzae* CBMB20 wywołuje indukowaną odporność systemiczną (ISR) u *Arabidopsis thaliana*.

Effect of *Methylobacterium oryzae* CBMB20 on the vegetation of *Arabidopsis thaliana*

Methylobacterium spp. are microorganisms included into the PGPR bacteria (plant growth promoting rhizobacteria). They can establish symbiotic relationships with higher plants. These bacteria produce auxins, cytokinins, vitamins and ACC deaminase. These compounds promote plant growth.

The aim of the study was to examine whether *Methylobacterium oryzae* CBMB20 stimulates the growth of *Arabidopsis thaliana*.

Arabidopsis thaliana was cultivated using hydroponics in Hogland medium. The plants were divided into four groups: 1. plants grown from seeds treated with *M. oryzae* (10^7 CFU); 2. plants whose roots were soaked in *M. oryzae* (10^7 CFU); 3. plants sprayed with *M. oryzae* (10^7 CFU); 4. control plants. There were 36 plants in each group. Some of them were infected with phytopathogens: *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* 147 (10^8 CFU) and *Pseudomonas syringae* DC 3000 (10^8 CFU), then the areas of necrosis were determined. After 10 weeks of cultivation, all plants were harvested, fresh weight of plants and the size of the rosettes were measured.

It was shown that plants grown from seeds treated with *M. oryzae* have the bigger green mass and the size of the rosettes. Also, on plants belonging to this group the smallest necrosis areas were observed. The conducted experiments show that *M. oryzae* CBMB20 has a positive effect on *Arabidopsis thaliana* vegetation. In our research plans we are going to check if *M. oryzae* CBMB20 induces induced systemic immunity in *A. thaliana*.

*Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach realizacji projektu
Miniatura 4 2020/04/X/NZ8/00179*

Bioróżnorodność i zakres endofitycznych i fitopatogennych gatunków bakterii zidentyfikowanych w próbkach roślin badanych w laboratorium Kliniki Chorób Roślin

Weronika Zenelt ¹, Krzysztof Krawczyk ², Natasza Borodynko-Filas ¹

¹ Klinika Chorób Roślin i Bank Patogenów, Instytut Ochrony Roślin PIB,
ul. Władysława Węgorka 20, 60-318 Poznań

² Zakład Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Instytut Ochrony Roślin PIB,
ul. Władysława Węgorka 20, 60-318 Poznań

Nowoczesne rolnictwo i hodowla roślin muszą stale spełniać wysokie i wciąż rosnące wymagania konsumentów i odbiorców. W tym kontekście jednym z warunków efektywnego zarządzania każdym gospodarstwem jest dostęp do szybkiej i skutecznej diagnostyki patogenów roślin, której wynik wraz z oceną ekspertów dostarcza hodowcom narzędzi do skutecznego ograniczania występowania chorób roślin. W pracy przedstawiono informacje o bioróżnorodności i spektrum endofitycznych i fitopatogennych gatunków bakterii zidentyfikowanych w próbkach roślin dostarczonych do Kliniki Chorób Roślin w latach 2013-2019. W trakcie badań z wykorzystaniem systemu Biolog Gen III określono przynależność gatunkową większości wykrytych w tkankach roślinnych szczepów bakteryjnych jako endofitów oraz nie powodujących objawów chorobowych na roślinach. Dane te zostały zestawione i porównane z liczbą stwierdzonych identyfikacji dla danego gatunku oraz danymi dotyczącymi patogeniczności gatunków bakterii wobec roślin. W ten sposób uzyskano cenne dla środowiska naukowego informacje o składzie gatunkowym mikrobiomu bakteryjnego badanych przez nas roślin uprawnych, które skonfrontowano z dostępnymi danymi literaturowymi. W pracy szczególną uwagę zwrócono na pomidora, który jest rośliną najczęściej dostarczaną do badań w Klinice Chorób Roślin i ze względu na jego znaczenie gospodarcze.

Indukcja stresu oksydacyjnego przez paracetamol - atypowy NLPZ

Joanna Żur-Pińska¹, Ariel Marchlewicz¹, Danuta Wojcieszńska¹,
Urszula Guzik¹

Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Wydział Nauk Przyrodniczych,
Uniwersytet Śląski w Katowicach, Jagiellońska 28, 40-032, Katowice

Paracetamol, klasyfikowany jako atypowy niesteroidowy lek przeciwpalny (NLPZ) to jeden z najpopularniejszych leków przeciwbólowych świata. Wzrastająca konsumpcja analgetyków, związana m.in. ze zmianą cywilizacyjnymi, powoduje ciągły wzrost stężeń tych leków obserwowany w środowisku. Biologiczne metody oczyszczania, o znacznie łagodniejszym charakterze niż metody chemiczne, obejmują m.in. zabiegi bioremediacyjne, wykorzystujące bakterie o szczególnych cechach warunkujących degradację mikrozanieczyszczeń, do których zaliczamy paracetamol. W badaniach wykorzystano szczep *Pseudomonas moorei* KB4, który zdolny jest do degradacji wysokich stężeń związków o strukturze aromatycznej. Po ekspozycji komórek szczepu KB4 przez czas 48h na paracetamol w stężeniu 25 mg/L zbadano poziom stresu oksydacyjnego oraz peroksydacji lipidów. W porównaniu do kontroli, którą stanowiły komórki KB4 namnażane z wykorzystaniem glukozy jako jedyne źródła węgla, paracetamol indukował stres oksydacyjny wyrażony zwiększoną aktywnością katalazy oraz dysmutazy ponadtlenkowej. Stężenie aldehydu malonowego również wskazuje na wywołaną działaniem paracetamolu peroksydację lipidów.

*Badania zostały wykonane w ramach grantu Narodowego Centrum Nauki
2018/29/B/NZ9/00424.*

Oxidative stress induction by paracetamol – atypical NSAID

Paracetamol, classified as an atypical non-steroidal anti-inflammatory drug (NSAID), is one of the most popular painkillers in the world. The increasing consumption of analgesics, mostly related to civilization changes, causes a continuous increase in the concentrations of these drugs observed in the environment. Biological methods of environmental treatment, of a much milder nature than chemical methods, include, among others bioremediation treatments using bacteria with specific characteristics that determine the degradation of micropollutants, including paracetamol. In this research, we used *Pseudomonas moorei* KB4 strain, which is capable of degrading high concentrations of compounds with an aromatic structure. After exposing the cells of the KB4 strain for 48 hours to paracetamol at a concentration of 25 mg/L, the level of oxidative stress and lipid peroxidation were examined. Compared to the control, which was KB4 cells propagated with the use of glucose as the sole carbon source, paracetamol induced oxidative stress expressed by increased activity of catalase and superoxide dismutase. Malondialdehyde concentration also indicates lipid peroxidation induced by paracetamol.

*This research was funded by the National Science Centre, grant number
2018/29/B/NZ9/00424*

