



IX. OGÓLNOPOLSKIE
SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE
**METAGENOMY
RÓŻNYCH
ŚRODOWISK**

LUBLIN, 23-24 CZERWCA 2025



Książka Abstraktów

Symposium otrzymało dofinansowanie ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego pod nazwą *„Doskonała Nauka II” – nr projektu KONF/SP/0388/2024/02* kwota dofinansowania *147 400 zł*, całkowita wartość projektu *169 850 zł*



Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego



Doskonała
Nauka II



Minister Nauki
i Szkolnictwa Wyższego



**DOFINANSOWANO
ZE ŚRODKÓW
BUDŻETU PAŃSTWA**

**DOSKONAŁA NAUKA II – WSPARCIE
KONFERENCJI NAUKOWYCH**

IX. OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE

„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”

Lublin, 23–24 czerwca 2025 r.

DOFINANSOWANIE

147 400 zł

CALKOWITA WARTOŚĆ

169 850 zł

DATA PODPISANIA UMOWY

grudzień 2024

Redakcja naukowa

Jolanta Jaroszuk-Ściseł
Iwona Komaniecka
Monika Janczarek
Małgorzata Marczak
Andrzej Mazur
Kamila Wliżło
Artur Nowak

Skład i redakcja

Małgorzata Majewska

ISBN 978-83-7847-987-1



Wydawnictwo POLIHYMNIA Sp. z o.o.
20-832 Lublin, ul. Deszczowa 19
tel./fax (81) 746-97-17
e-mail: poczta@polihymnia.pl
www.polihymnia.pl www.ebookipolihymnia.pl

WYKŁADY INAUGURACYJNE I PLENARNE WYGŁOSZĄ:

prof. dr hab. Wiesław Barabasz, Państwowa Akademia Nauk Stosowanych
w Przemysłu

prof. dr hab. Dariusz Bartosik, Uniwersytet Warszawski

prof. dr Heribert Insam, University of Innsbruck, Austria, BioTreat Company

*Wykład realizowany przy wsparciu finansowym Gminy Lublin
w ramach Programu Visiting Professors in Lublin*



prof. dr hab. Adam Jaworski, Uniwersytet Łódzki

prof. dr hab. inż. Małgorzata Jędrzycka, Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

prof. dr Alessio Mengoni, Università Degli Studi Firenze, Włochy

prof. dr François Rineau, Hasselt University, Belgia

prof. dr Adriano Sofo, University of Basilicata, Włochy

prof. dr Jaco Vangronsveld, Hasselt University, Belgia

WYKŁADY NA ZAPROSZENIE WYGŁOSZĄ:

dr hab. Lidia Błaszczyk, prof. IGR, Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

dr hab. Sylwia Różalska, prof. UŁ, Uniwersytet Łódzki

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

ORGANIZATORZY:



Polskie Towarzystwo Mikrobiologów
ul. Chełmska 30/34
00-725 Warszawa



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



Zakład Mikrobiologii
Instytut Uprawy Nawożenia
i Gleboznawstwa
Państwowy Instytut Badawczy
ul. Czarotoryskich 8
24-100 Puławy



Zakład Badań Systemu
Gleba-Roślina
Instytut Agrofizyki
im. B. Dobrzańskiego
Polskiej Akademii Nauk
ul. Doświadczalna 4
20-290 Lublin



Katedra Mikrobiologii
i Medycyny Translacyjnej
Katolicki Uniwersytet Lubelski
Jana Pawła II
ul. Konstantynów 1i
20-708 Lublin



Katedra Biochemii
i Mikrobiologii
Instytut Biologii
Szkoła Główna Gospodarstwa
Wiejskiego
ul. Nowoursynowska 159
02-776 Warszawa

Przewodnicząca Komitetu Organizacyjnego:

dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ścisel, prof. UMCS

Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej (KMPiŚ), UMCS
Przewodnicząca Oddziału Terenowego Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów
(OT PTM) w Lublinie

Członkowie z Instytucji Współorganizujących Sympozjum:

prof. dr hab. Magdalena Frąc (IA, PAN, Lublin); członek OT PTM w Lublinie

prof. dr hab. Anna Gałązka (IUNG, Puławy); członek OT PTM w Lublinie

dr Agata Goryluk-Salmonowicz (SGGW, Warszawa); członek OT PTM w Warszawie

prof. dr hab. Agnieszka Wolińska (KUL, Lublin); członek OT PTM w Lublinie

Członkowie z UMCS:

dr hab. Iwona Komaniecka, prof. UMCS; Katedra Genetyki i Mikrobiologii (KGiM),
UMCS, sekretarz OT PTM w Lublinie

prof. dr hab. Monika Janczarek; KMPiŚ, UMCS, członek OT PTM w Lublinie

dr hab. Małgorzata Majewska; KMPiŚ, UMCS, członek OT PTM w Lublinie

dr hab. Małgorzata Marczak, prof. UMCS; KGiM, UMCS, członek OT PTM
w Lublinie

dr hab. Andrzej Mazur, prof. UMCS; KGiM, UMCS, członek OT PTM w Lublinie

dr Kamila Wlizio; KMPiŚ, UMCS, członek OT PTM w Lublinie

Sekretariat konferencji:

dr Artur Nowak

dr Ewa Ozimek

dr Paulina Adamczyk

dr Mateusz Kutyla

mgr Justyna Dziedzic

mgr Julia Wójtowicz

Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej

Wydział Biologii i Biotechnologii

Instytut Nauk Biologicznych

Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej

ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

e-mail: metagenomy2025@mail.umcs.pl

KOMITET NAUKOWY:

Przewodniczący:

prof. dr hab. Adam Jaworski, Uniwersytet Łódzki

prof. dr hab. Stefan Tyski, Narodowy Instytut Leków, Prezes Zarządu Głównego PTM

V-ce Przewodniczący:

prof. dr hab. Dariusz Bartosik, Uniwersytet Warszawski

prof. dr hab. Wiesław Barabasz, Państwowa Akademia Nauk Stosowanych, Przemysł

Członkowie:

dr hab. Lidia Błaszczuk, prof. IGR, Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań

dr hab. Justyna Bohacz, prof. UP, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

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

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

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

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

prof. dr hab. Łukasz Dziewit, Uniwersytet Warszawski

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

prof. dr Heribert Insam, University of Innsbruck, Austria, BioTreaT Company

dr Monika Elżbieta Jach, Katolicki Uniwersytet Lubelski, Lublin

prof. dr hab. Agnieszka Jamiołkowska, Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin

dr hab. Grzegorz Janusz, prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Lublin

prof. dr hab. inż. Małgorzata Jędrzycka, Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

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

prof. dr hab. Izabela Korona-Głowniak, Uniwersytet Medyczny w Lublinie

dr Beata Kowalska, Instytut Ogródnictwa – PIB w Skierniewicach

prof. dr hab. Joanna Kruszewska, Instytut Biochemii i Biofizyki, PAN, Warszawa

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

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

dr hab. Agnieszka Kuźniar, prof. KUL, Katolicki Uniwersytet Lubelski, Lublin

dr hab. Agnieszka E. Laudy, Warszawski Uniwersytet Medyczny, Warszawa

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

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

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

prof. dr Alessio Mengoni, Università Degli Studi Firenze, Włochy

prof. dr hab. Alicja Niewiadomska, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

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

dr hab. Ewa Oleńska, Uniwersytet Białostocki, Białystok

dr hab. Karolina Oszust, prof. Instytutu, Instytut Agrofizyki PAN, Lublin

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

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

dr hab. Anna Pytlak, Instytut Agrofizyki PAN, Lublin

prof. dr François Rineau, Hasselt University, Belgia
dr hab. Sylwia Różalska, prof. UŁ, Uniwersytet Łódzki
prof. dr Adriano Sofo, University Basilicata, Włochy
dr Sławomir Sułowicz, Uniwersytet Śląski w Katowicach
dr hab. Anna Szafranek-Nakoneczna, prof. KUL, Katolicki Uniwersytet Lubelski, Lublin
dr hab. Magdalena Szczech, prof. IO-PIB, Instytut Ogrodnictwa – PIB w Skierniewicach
prof. dr Jaco Vangronsveld, Hasselt University, Belgia
dr hab. Sylwia Wdowiak-Wróbel, prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie
prof. dr hab. Agnieszka Wolna-Maruwka, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu
dr hab. Małgorzata Wójcik, prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie
dr hab. Marta Wrzosek, prof. UW, Uniwersytet Warszawski
prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn

PATRONAT HONOROWY:

PATRONAT HONOROWY
WOJEWODA LUBELSKI
KRZYSZTOF KOMORSKI



PATRONAT
HONOROWY



PREZYDENT MIASTA LUBLIN
KRZYSZTOF ŻUK



Patronat Marszałka
Województwa Lubelskiego
Jarosława Stawiarskiego

prof. dr hab. Radosław Dobrowolski
(Rektor Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie)

PATRONAT
HONOROWY
JM REKTORA



UMCS

ks. Prof. dr hab. Mirosław Kalinowski
(Rektor Katolickiego Uniwersytetu Lubelskiego Jana Pawła II)



REKTOR
KATOLICKIEGO UNIwersYTETU LUBELSKIEGO JANA PAWŁA II

PATRONAT HONOROWY:

dr hab. Grzegorz Janusz prof. UMCS

(Dyrektor Instytutu Nauk Biologicznych, UMCS w Lublinie)

dr hab. Anna Matuszewska prof. UMCS

(Dziekan Wydziału Biologii i Biotechnologii, UMCS w Lublinie)

prof. dr hab. Cezary Sławiński, czł. koresp. PAN

(Dyrektor Instytutu Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk)

prof. dr hab. Artur Zdunek, czł. koresp. PAN

(Zastępca Dyrektora ds. Naukowych Instytutu Agrofizyki PAN)

prof. dr hab. Mariusz Matyka

(Dyrektor Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – PIB, Puławy)

prof. dr hab. n. med. Ryszard Maciejewski

(Dziekan Wydziału Medycznego KUL)

dr hab. Maciej Masłyk, prof. KUL

(Dyrektor Instytutu Nauk Biologicznych KUL)

dr hab. Sławomir Jaworski, prof. SGGW

(Dyrektor Instytutu Biologii, SGGW w Warszawie)

PATRONAT MEDIALNY:

Polskie Radio Lublin

laboratorium  **360**

SPONSORZY:



PATRONAT NAUKOWY:



POLSKIE TOWARZYSTWO
GENETYCZNE



PWN



IX. OGÓLNOPOLSKIE
SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE
**METAGENOMY
RÓŻNYCH
ŚRODOWISK**
LUBLIN, 23-24 CZERWCA 2025

CEL I ZAKRES KONFERENCJI

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

Celem Sympozjum jest również dyskusja naukowa i pokazanie najnowszych metod badania mikroorganizmów obejmujących genomikę, genetykę i biologię molekularną, które pozwalają poznać lepiej biochemię i fizjologię bakterii i grzybów, a także ich znaczenie w ochronie środowiska i rolnictwie. Podczas Sympozjum prezentowane będą techniki oraz wyniki badań „omicznych” w analizie próbek środowiskowych. Badania te umożliwiają poznawanie nowych mikrobiomów, monitorowanie składu konsorcjum mikroorganizmów oraz badanie możliwości ich wykorzystania w rolnictwie i ochronie środowiska.

Sympozjum jest miejscem wymiany doświadczeń w stosowaniu najnowocześniejszych metod badawczych i technik „omicznych”, w tym z zakresu bioinformatyki i analizy danych, umożliwiających kompleksowego rozpoznania bioróżnorodności drobnoustrojów w różnych środowiskach. To wydarzenie naukowe pozwoli na integrację oraz nawiązywanie nowych i zacieśnianie istniejących kontaktów środowiska naukowego z obszaru nauk rolniczych, biologicznych, środowiskowych i biotechnologicznych, zwłaszcza w zakresie prowadzenia interdyscyplinarnych badań i realizacji wspólnych projektów badawczych. Konferencja ta jest jedynym w Polsce, cyklicznym wydarzeniem, obejmującym, promującym i rozpowszechniającym wykorzystanie technik wysokoprzepustowego sekwencjonowania do zastosowania

w rolnictwie i ogrodnictwie, kompleksowego rozpoznania bioróżnorodności drobnoustrojów w agroekosystemach.

Symposium daje możliwość zaprezentowania wyników badań młodym adeptom nauki. W każdej dotychczasowej edycji Symposium uczestniczyło ponad 100 naukowców, będących specjalistami i ekspertami z zakresu ekologii mikroorganizmów, fitopatologii, genetyki, mikrobiologii, bioinformatyki, ochrony środowiska oraz rolnictwa.

Dziewiąta edycja Symposium to kolejna okazja do spotkania badaczy wykorzystujących różne techniki sekwencjonowania i umożliwi kontynuację dyskusji nad możliwościami i perspektywami badania próbek środowiskowych przy wykorzystaniu metod metagenomicznych.

Symposium otrzymało dofinansowanie ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego pod nazwą
„Doskonała Nauka II” – nr projektu KONF/SP/0388/2024/02
kwota dofinansowania **147 400 zł**, całkowita wartość projektu **169 850 zł**



Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego



Doskonała
Nauka II



Minister Nauki
i Szkolnictwa Wyższego

PROGRAM
IX. OGÓLNOPOLSKIEGO SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNEGO
„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”
UMCS, Lublin, 23–24 czerwca 2025 roku

Miejsce obrad: Budynek Instytutu Informatyki UMCS, Lublin, ul. Akademicka 9, piętro I, Aula D105

Pierwszy dzień Sympozjum – 23.06.2025 r. (poniedziałek)	
8:00 – 9:00	Rejestracja uczestników konferencji i Kawa powitalna Budynek Instytutu Informatyki UMCS, Lublin, ul. Akademicka 9, piętro I, Aula D105
	SESJA INAUGURACYJNA
9:00 – 9:30	<p style="text-align: center;">UROCZYSTE OTWARCIE SYMPOZJUM</p> <p style="text-align: center;">dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ściśeł, prof. UMCS; prof. dr hab. Magdalena Frąc; prof. dr hab. Anna Gałązka; dr Agata Goryluk-Salmonowicz; prof. dr hab. Agnieszka Wolińska</p> <p>Przywitanie uczestników przez organizatorów i przedstawicieli Patronów Honorowych i Naukowych, władz Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, Wydziału Biologii i Biotechnologii UMCS oraz władz jednostek współorganizatorów a także przedstawicieli władz Miasta i Województwa</p>
	WYKŁADY SESJI INAUGURACYJNEJ Moderatorzy prowadzący sesję: prof. dr hab. Stefan Tyski; prof. dr hab. Zofia Piotrowska-Seget; prof. dr hab. Adam Choma
9:30 – 10:10	WYKŁAD INAUGURACYJNY I prof. dr hab. Dariusz Bartosik, Uniwersytet Warszawski „The Sound of Silence...”
10:10 – 10:50	WYKŁAD INAUGURACYJNY II Prof. dr Jaco Vangronsveld, Hasselt University, Belgia “The Seed Microbiome: Its Complexity, Significance in Plant Life and Possible Applications”
10:50 – 11:15	Przerwa kawowa
	SESJA I Prokariotyczny mikrobiom różnych środowisk Moderatorzy prowadzący sesję: prof. dr hab. Magdalena Frąc; prof. dr hab. Monika Janczarek; dr Karolina Furtak
11:15 – 11:45	WYKŁAD PLENARNY I <i>Wykład realizowany przy wsparciu finansowym Gminy Lublin, w ramach Programu Visiting Professors in Lublin</i> Prof. dr Heribert Insam, University of Innsbruck “Microbes, Climate and Society”
11:45 – 12:00	Referat 1 Dr Sławomir Sułowicz, Krzysztof Zawierucha, Anna Markowicz, Krystyna Kozioł, Wiktoria Zientak, Adam Nawrot, Krzesimir Tomaszewski, Bartłomiej Luks, Catherine Larose, Uniwersytet Śląski w Katowicach: „Różnorodność mikrobiologiczna pokrywy śnieżnej na Spitsbergenie” (Microbial Diversity of the Snowpack in Spitsbergen)



12:00 – 12:15	<p>Referat 2</p> <p>Dr Marta Potrykus, Monika Kurpas, Grażyna Gałązkowska, Uniwersytet Gdański: „Wpływ zanieczyszczeń chemicznych na mikrobiotę piasku plaż morza Bałtyckiego” (Chemical Contamination Influence on Beach Sand Microbiota)</p>
12:15 - 12:30	<p>Referat 3 – uczestnik konkursu dla młodych naukowców</p> <p>Lic. Daria Kaim, Franco Magurno, Izabela Potocka, Zofia Piotrowska-Seget, Piotr Siupka Uniwersytet Śląski w Katowicach: „Porównanie struktury bakteriobiomów osadów dennych zbiorników wodnych o różnym stopniu zanieczyszczenia na terenie Górnego Śląska” (Comparative Analysis of Bacteriobiome Structures in Bottom Sediments of Water Reservoirs with Varying Pollution Levels in Upper Silesia)</p>
12:30– 12:45	<p>Referat 4</p> <p>Dr Piotr Siupka, Adam Nadudvari, Ian Marshall, Tomasz Krzykawski, Hakim Rabia, Agnieszka Bylina, Leszek Marynowski, Zofia Piotrowska-Seget, Uniwersytet Śląski w Katowicach: „Mikroorganizmy na krawędzi limitów życia: „Wgląd w mikrobiom termicznie aktywnych hald pogórnicznych” (Microorganisms at the Limits of Life: Insights into Microbiome of Thermally Active Coal Waste Dumps)</p>
12:45 – 13:00	<p>Referat 5</p> <p>Dr Małgorzata Pawlik, Kinga Bondarczuk, Magdalena Noszczyńska, Alicja Cwajna, Zofia Piotrowska-Seget, Uniwersytet Śląski w Katowicach: „Analiza genomów bakterii endofitycznych opornych na Cd i ich wpływ na morfologię korzeni pomidorów” (Genome Analysis of Cd-Resistant Endophytic Bacteria and Their Impact on Tomato Root Morphology)</p>
13.00 - 13.15	Dyskusja
13:15 – 14:15	<p>Wykonanie zdjęcia wszystkich uczestników Sympozjum (przed budynkiem Instytutu Informatyki na placu Marii Curie-Skłodowskiej, przy pomniku Marii Curie-Skłodowskiej)</p> <p>PRZERWA OBIADOWA</p> <p>HOTEL MERCURE, Aleje Raławickie 12, Lublin, ok. 200 m od miejsca obrad</p>
14:15 – 15:00	<p>SESJA POSTEROWA (<i>postery będą dostępne przez cały czas trwania konferencji</i>)</p>
	<p>SESJA II</p> <p>Eukariotyczny mikrobiom różnych środowisk</p> <p>Moderatorzy prowadzący sesję: prof. dr hab. Joanna Kruszewska; dr hab. Magdalena Szczech, prof. Instytutu; dr hab. Grzegorz Janusz, prof. UMCS</p>
15:00 – 15:30	<p>WYKŁAD PLENARNY II</p> <p>Prof. dr hab. inż. Małgorzata Jędrzycka, IGR Poznań: „Metagenomy w systemach wspierania decyzji w ochronie roślin” (Metagenomes in Decision Support Systems for Plant Protection)</p>
15:30 – 16:00	<p>WYKŁAD PLENARNY III</p> <p>Anna Pikulicka, Prof. dr hab. Wiesław Barabasz, Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Przemysłu: „mikroRNA małe cząsteczki o wielkim znaczeniu” (micro-RNA Small Molecules of Great Importance)</p>
16:00 - 16:20	<p>WYKŁAD NA ZAPROSZENIE</p> <p>Dr hab. Lidia Błaszczuk, prof. IGR: Instytut Genetyki Roślin PAN: „Udział microRNA w wielokierunkowej interakcji roślin pszenicy z grzybami <i>Fusarium</i> i <i>Trichoderma</i> - obserwacje wstępne” (Involvement of microRNA in the Multidirectional Interaction of Wheat Plants with <i>Fusarium</i> and <i>Trichoderma</i> fungi – Preliminary Observations)</p>

16:20 – 16:40	<p>WYKŁAD NA ZAPROSZENIE</p> <p>Dr hab. Sylwia Różalska, prof. UL: Uniwersytet Łódzki, „Rola metabolitów wtórnych w ekologii grzybów entomopatogennych” (The Role of Secondary Metabolites in the Ecology of Entomopathogenic Fungi)</p>
16:40 – 17:00	<p>WYKŁAD NA ZAPROSZENIE</p> <p>Dr hab. Marta Wrzosek, prof. UW, Igor Siedlecki, Uniwersytet Warszawski: „Grzyby w gniazdach rudych mrówek leśnych <i>Formica polyctena</i>” (Fungi in Mounds of Red Wood ants <i>Formica polyctena</i>)</p>
17:00 – 17:15	<p>Referat 6 – uczestnik konkursu dla młodych naukowców</p> <p>Mgr Joanna Ziętara-Wysocka, Paulina Niedźwiedzka-Rystwej, Instytut Biologii Uniwersytetu Szczecińskiego: „Analiza wpływu korzenia cykorii na mikrobiotę jelit królików w oparciu o technikę sekwencjonowania” (Analysis of the Effect of Chicory Root on the Gut Microbiota of Rabbits Based on Sequencing Techniques)</p>
17:15 – 17:30	<p>Referat 7 – uczestnik konkursu dla młodych naukowców</p> <p>Mgr Jakub Kuncewicz, mgr Maksymilian Chmielewski, Władysław Polocyn, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza: „Pułapki w interpretacji sieci współwystępowania drobnoustrojów” (Interpretation of Microbiome Network Clusters as Functional Groups)</p>
17:30 – 17:40	Prezentacja firmy 3GENES (sponsor konferencji)
17:40 – 17:55	Dyskusja
19:00	<p>UROCZYSTA KOLACJA</p> <p>HOTEL MERCURE, Aleje Raławickie 12, Lublin, ok. 200 m od miejsca obrad</p>
Drugi dzień Sympozjum – 24.06.2025 r. (wtorek)	
8:30 – 9:00	<p>Kawa Powitalna</p> <p>Budynek Instytutu Informatyki UMCS, Lublin, ul. Akademicka 9, piętro I, Aula D105</p>
	<p>Sesja III</p> <p>Metagenomy środowiska glebowego i ich zastosowanie w biotechnologii</p> <p>część I: Metagenomy ryzosfery roślin i ich kształtowanie przez interakcje mikrobioty</p> <p>Moderatorzy prowadzący sesję:</p> <p>dr hab. Andrzej Mazur, prof. UMCS; dr hab. Małgorzata Marczak, prof. UMCS;</p> <p>dr hab. Karolina Oszust, prof. Instytutu</p>
9:00 – 9:30	<p>WYKŁAD PLENARNY IV</p> <p>Prof. dr Alessio Mengoni, University of Florence: “When Biodiversity Meets Biotechnologies: Deciphering Symbiotic Nitrogen Fixing Rhizobia Genotype X Genotype Interaction in the Plant Microbiome”</p>
9:30 – 9:45	<p>Referat 8 – uczestnik konkursu dla młodych naukowców</p> <p>Mgr Klaudia Peczyk, Monika Malicka, Piotr Siupka, Franco Magurno, Zofia Piotrowska-Seget Uniwersytet Śląski w Katowicach: „Odkrywanie potencjału bakterii wspomagających rozwój mykoryz: analiza genomów i zastosowanie do wspomaganie wzrostu roślin w podłożu skażonym WWA” (Decoding the Potential of Mycorrhiza Helper Bacteria: Genomic Insights and Application for Plant Growth Support in PAH-Contaminated Substrates)</p>
9:45 – 10:00	<p>Referat 9 – uczestnik konkursu dla młodych naukowców</p> <p>Dr Weronika Babińska-Wensierska, Sandra Kobierska, Agata Motyka-Poagruk, Ewa Łojkowska, Uniwersytet Gdański: „Rola mikrobioty glebowej w rozwoju objawów chorobowych czarnej nóżki i mokrej zgnilizny ziemniaka - identyfikacja naturalnego antagonisty <i>Paenibacillus</i> sp.” (The Role of Soil Microbiota in the Development of Blackleg and Soft rot Symptoms in Potato – Identification of a Natural Antagonist Bacteria from the Genus <i>Paenibacillus</i> sp.)</p>

10:00 – 10:15	<p>Referat 10</p> <p>Dr hab. Dorota M. Krzyżanowska, Marcin Borowicz, Marta Sobolewska, Robert Czajkowski, Uniwersytet Gdański: „Tailocyny jako precyzyjna broń w rywalizacji między bakteriami - model patogenów roślin z rodziny Pectobacteriaceae” (Tailocins as Precision Weapons in Bacterial Competition: a Model Based on Plant Pathogens from the Pectobacteriaceae family)</p>
10:15 – 10.30	Dyskusja
10.30 - 11.00	Przerwa kawowa
	<p style="text-align: center;">Sesja III</p> <p style="text-align: center;">Metagenomy środowiska glebowego i ich zastosowanie w biotechnologii część 2: Metagenomy oraz czynniki biotyczne i abiotyczne w kształtowaniu agroekosystemów</p> <p style="text-align: center;">Moderatorzy prowadzący sesję: prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska, prof. dr hab. Jan Kucharski; dr Anna Marzec-Grządziel</p>
11:00– 11:30	<p>WYKŁAD PLENARNY V</p> <p>Prof. dr Adriano Sofo, University of Basilicata, Italy “Interactions Between Microorganisms and Plants in Agroecosystems Differentially Managed: Effects on Soil Health and Crop Production”</p>
11:30 – 11:45	<p>Referat 11</p> <p>Dr Agnieszka Domka, Maciej Gustab, Roman Jędrzejczyk, Rafał Ważny, Weronika Kosowicz, Piotr Rozpądek, Małopolskie Centrum Biotechnologii Uniwersytetu Jagiellońskiego: “Interakcje roślin z mikroorganizmami i ich konsekwencje dla adaptacji roślin do środowiska” (Interactions Between Host Plants and Microbial Communities: Implications for Environmental Adaptation)</p>
11:45– 12:00	<p>Referat 12 — uczestnik konkursu dla młodych naukowców</p> <p>Mgr Adam Furtak, Anna Szafrank-Nakoneczna, Anna Pytlak Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN: „Wróg czy przyjaciel – reakcja społeczności bakterii metanotroficznych występujących w glebach rolniczych na gylfosat” (Friend or Foe - the Reaction of Methanotrophic Communities of Agricultural Soils to Glyphosate)</p>
12:00 - 12:15	<p>Referat 13</p> <p>Dr Sławomir Borymski, Wiktoria Paliga, Anna Markowicz, Krzysztof Sitko, Sławomir Sułowicz Uniwersytet Śląsk: „Bioróżnorodność zespołów mikroorganizmów ryzosferowych w kontekście akumulacji cynku przez metalofity z rodzaju <i>Arabidopsis</i> w glebie skażonej nanocząstkami ZnO” (Biodiversity of Rhizosphere Microbial Communities in the Context of Zinc Accumulation by <i>Arabidopsis</i> Metallophytes in Soil Contaminated with ZnO Nanoparticles)</p>
12:15 – 12:30	<p>Referat 14 – uczestnik konkursu dla młodych naukowców</p> <p>Mgr Aleksandra Karpińska, Marcin Borowicz, Dorota M. Krzyżanowska, Sylwia Jafra, Uniwersytet Gdański: „Zastosowanie metod biologii molekularnej w badaniu mechanizmów adhezji u bakterii z rodzaju <i>Ochrobactrum</i>” (Application of Molecular Biology Methods in Studying Adhesion Mechanisms in <i>Ochrobactrum</i> spp.)</p>
12:30 – 12:45	Dyskusja
12:45– 14:00	<p>PRZERWA OBIADOWA</p> <p>HOTEL MERCURE, Aleje Racławickie 12, Lublin, ok. 200 m od miejsca obrad</p>

	<p style="text-align: center;">Sesja IV Metagenomika aplikacyjna, metabolomika, proteomika i ich znaczenie w monitoringu jakości środowiska i zdrowia człowieka Moderatorzy prowadzący sesję: prof. dr hab. Izabela Korona-Głowniak; dr hab. Agnieszka E. Laudy, dr Monika Elżbieta Jach</p>
14:00 – 14:30	<p>WYKŁAD PLENARNY VI Prof. dr François Rineau, Nier Su, Mwahija Zubery, Wouter Reys, Maria Moreno-Druet, Nadia Soudzilovskaia, Hasselt University: “Exploring Microbial Shifts Under Climate Change Simulation”</p>
14:30 – 14:45	<p>Referat 15 Dr hab. Agnieszka Kuźniar, prof. KUL, Anna Kruczyńska, Angelika Kliszcz, Weronika Goraj, Artur Banach, Tomasz Lenard, Marcin Skowronek, Anna Sochaczewska, Agnieszka, Podlewski Jacek, Słomczewski Andrzej, Wolińska, Rafał Łopucki, Katolicki Uniwersytet Lubelski: „Zintegrowany metabarcoding środowiskowy w badaniach bioróżnorodności mikroorganizmów” (Interactive Environmental Metabarcoding in Microbial Biodiversity Research)</p>
14:45 – 15:00	<p>Referat 16 Dr hab. Ewa Oleńska, Wanda Małek, Anna Gałązka, Małgorzata Woźniak, S. Thijs, Małgorzata Wójcik, Jaco Vangronsveld, Uniwersytet w Białymstoku: „Mikrobiom bakteryjny koniczyny białej (<i>Trifolium repens</i> L.) rosnącej na 130-letniej hałdzie Zn-Pb-Cd w południowej Polsce” (Bacterial Microbiome of White Clover (<i>Trifolium repens</i> L.) Growing on the 130-yrs-old Zn-Pb-Cd Waste Heap in Southern Poland)</p>
15:00 – 15:15	<p>Referat 17 – uczestnik konkursu dla młodych naukowców Mgr Paula Rožen, Francesc Coll, Karol Makuch, Marta Zapotoczna, Uniwersytet Warszawski: „Czynniki genetyczne warunkujące adhezję <i>Staphylococcus aureus</i> do fibrynogenu i fibrynektyny oraz powiązania między tymi fenotypami a objawami u pacjentów” (Genetic determinants of <i>Staphylococcus aureus</i> adhesiveness to fibrinogen and fibronectin and associations between these phenotypes and patients’ manifestation)</p>
15:15 – 15:30	<p>Referat 18 – uczestnik konkursu dla młodych naukowców Mgr Aleksandra Horbowicz-Teresińska, Martyna Moryl, Małgorzata Marczak, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej: „Trzy enzymy - dwie reakcje: analizy funkcjonalne trzech glukozylotransferaz w kontekście biosyntezy złożonego egzopolisacharydy rizobiów” (Three Enzymes – Two Reactions: Functional Analyses of Three Glycosyltransferases in the Context of Complex Rhizobial Exopolysaccharide Biosynthesis)</p>
15:30 – 15:45	<p>Dyskusja</p>
15:45– 16:05	<p>Przerwa kawowa i techniczna (narada Naukowych Komisji Konkursowych* oceniających referaty i postery młodych naukowców)</p>
16.05-16:25	<p>WYKŁAD I PANEL PODSUMOWUJĄCY Prof. dr hab. Adam Jaworski, Uniwersytet Łódzki: „Metagenom ludzkiej populacji” (Human Population Metagenome)</p>
16:25– 17:00	<p>WRĘCZENIE NAGRÓD, PODSUMOWANIE I ZAKOŃCZENIE SYMPOZJUM</p>

*** KAPITUŁY NAGRÓD I WYRÓŻNIEŃ – KONKURS DLA MŁODYCH
NAUKOWCÓW METAGENOMY 2025**

**KOMISJE NAUKOWE DS. OCENY I PRYZYNIANIA NAGRODY GŁÓWNEJ I TRZECH
WYRÓŻNIEŃ W KATEGORIACH:**

NAJLEPSZY REFERAT:

dr hab. Agnieszka E. Laudy – przewodnicząca komisji

dr hab. Jolanta Joniec, prof. uczelni,

dr hab. Jolanta Kutkowska, prof. UMCS,

dr hab. Aleksandra Obrepalska-Stęplowska, prof. IOR–IB,

dr hab. Anna Pytlak,

dr Sławomir Sułowicz

NAJLEPSZY POSTER:

prof. dr hab. Krystyna Cybulska – przewodnicząca komisji

dr hab. Justyna Bohacz, prof. UP,

dr Monika Jach,

dr Beata Kowalska,

dr hab. Anna Szafranek-Nakonieczna,

prof. dr hab. Agnieszka Wolna-Maruwka

**KAPITUŁA NAGRÓD (za najlepszy referat i najlepszy poster) KONKURS DLA
MŁODYCH NAUKOWCÓW**

ODDZIAŁU TERENOWEGO POLSKIEGO TOWARZYSTWA MIKROBIOLOGÓW

dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ścisiel, prof. UMCS (Przewodnicząca OT PTM w Lublinie)

prof. dr hab. Izabela Korona-Główniak (v-ce Przewodnicząca OT PTM w Lublinie)

dr hab. Iwona Komaniecka, prof. UMCS (Sekretarz OT PTM w Lublinie)

dr Kamila Wlizio

ODDZIAŁU TERENOWEGO POLSKIEGO TOWARZYSTWA GENETYCZNEGO

dr hab. Andrzej Mazur, prof. UMCS (Przewodniczący OT PTG w Lublinie)

dr hab. Sylwia Wdowiak-Wróbel, prof. UMCS (v-ce Przewodnicząca OT PTG w Lublinie)

dr hab. Małgorzata Marczak, prof. UMCS (Sekretarz OT PTG w Lublinie)

dr Piotr Koper

Symposium otrzymało dofinansowanie ze środków budżetu państwa
w ramach programu Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego pod nazwą
„Doskonała Nauka II” – nr projektu KONF/SP/0388/2024/02
kwota dofinansowania **147 400 zł**, całkowita wartość projektu **169 850 zł**



Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego



Doskonała
Nauka II



Minister Nauki
i Szkolnictwa Wyższego

SPIS POSTERÓW

1. Barbara Abramczyk, Elżbieta Mielniczuk, Anna Marzec-Grządziel, Ewa Król: Określenie endofitycznego mykobioty ziarniaków wybranych odmian jęczmienia metodą klasyczną i przy zastosowaniu sekwencjonowania nowej generacji NGS
2. Barbara Abramczyk, Ewa Król, Elżbieta Mielniczuk, Elżbieta Patkowska: Mykobiota ściółki leśnej w wybranych siedliskach
3. * Paulina Adamczyk, Małgorzata Jędrzycka, Monika Janczarek: Identyfikacja i charakterystyka fenotypowa bakterii endofitycznych komonicy zwyczajnej
4. Małgorzata Baćmaga, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski: Wpływ hydrożeli i herbicydu Boxer 800 EC na różnorodność bakterii w glebie
5. Artur Banach, Agnieszka Kuźniar, Monika Janeczko, Jacek Podlewski, Agnieszka Wolińska, Maciej Masłyk: Strategia wzbogacania osadów jeziornych w celu pozyskania szczepów wykorzystywanych w biotechnologii medycznej
6. Artur Banach, Agnieszka Kuźniar, Anna Sochaczewska, Andrzej Górski, Jacek Podlewski, Agnieszka Wolińska: Sezonowa i przestrzenna zmienność mikrobioty bakteryjnej zasiedlającej osady 4 zbiorników stosowanych do hodowli narybku karpia
7. * Daria Barańska, Jacek Panek, Agata Gryta, Magdalena Frąc: Analiza transkryptomu szczepów bakterii z rodzaju *Bacillus* w celu wyboru efektywnych inokulantów poprawiających trwałość i jakość mikrolistków (microgreens)
8. Justyna Bohacz, Michał Możejko: Metataksonomiczna analiza mikrobiomu gleby po wprowadzeniu hydrolizatu keratynowego
9. Edyta Boros-Lajszner, Jadwiga Wyszowska, Małgorzata Baćmaga, Jan Kucharski: Wrażliwość bakterii glebowych oraz *Avena sativa* na działanie Cr(III) i Cr(VI)
10. Agata Borowik, Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski: Mikrobiom zalesionych gleb porolnych
11. Marta Budziszewska, Patryk Frąckowiak, Aleksandra Obrepalska-Stęplowska: Wstępne badania nad wykorzystaniem ekstraktów z rukoli (*Eruca sativa*) do wzmacniania odporności przeciwwirusowej u pomidora (*Solanum lycopersicum*)
12. * Daria Budzyńska, Julia Minicki, María J. Olmo-Uceda, Santiago F. Elena, Beata Hasiów-Jaroszewska: Wpływ zmiany gospodarza na dynamikę zmienności defektywnych genomów wirusa czarnej pierścieniowej plamistości pomidora
13. * Jarosław Ciepiał, Anna Marzec-Grządziel, Anna Gałązka: Wpływ zastosowania plazmidów antybakteryjnych o ukierunkowanym działaniu na charakterystykę metaboliczną gleby
14. Julia Flakiewicz, Renata Tyśkiewicz, Anna Zdunek: Ocena czystości mikrobiologicznej produktów nawozowych zgodnie z rozporządzeniem (UE) 2019/1009

15. Magdalena Frąć, Dominika Siegieda, Agata Gryta, Jacek Panek: Transfer mikrobiomu w obrębie holobiontu roślinnego jako strategia rozwoju zrównoważonej produkcji roślinnej Krzysztof Frączek, Dariusz Ropek: Analiza stopnia zróżnicowania genetycznego szczepów *Aspergillus fumigatus* wyizolowanych w rejonie składowiska odpadów komunalnych
16. Krzysztof Frączek, Dariusz Ropek: Analiza stopnia zróżnicowania genetycznego szczepów *Aspergillus fumigatus* wyizolowanych w rejonie składowiska odpadów komunalnych
17. Adam Furtak, Anna Bilokinna, Anna Szafranek-Nakonieczna, Anna Pytlak: Wpływ ekologicznego pestycydu (kwasu pelargonowego) na bakterie metanotroficzne
18. Adam Furtak, Anna Szafranek-Nakonieczna, Andrzej Górski, Anna Pytlak: Adiuwanty jako czynnik modulujący odpowiedź metanotrofii glebowej na glifosat
19. * Karolina Furtak, Karolina Gawryjołek, Agata Młodzińska, Weronika Goraj, Aleksandra Goszcz, Klaudia Dębiec-Andrzejewska: Zestawienie różnych metod charakterystyki bakterii glebowych
20. * Karolina Furtak, Karolina Gawryjołek, Emilia Grzęda, Marta Wzyńska: Wpływ dodatku egzogennej betainy na potencjał metaboliczny mikroorganizmów glebowych w różnych warunkach wilgotności
21. Anna Gałązka, Anna Marzec-Grządziel: Mikrobiom i profil metaboliczny ryzosfery i endoryzosfery wybranych odmian pszenicy jarej
22. Anna Gałązka, Anna Marzec-Grządziel, Izabela Bielawska, Jarosław Ciepiał, Katarzyna Wiejak: Mikrobiom gleb silnie zdegradowanych i długotrwałe zanieczyszczonych ropą naftową
23. Anna Gałązka, Anna Marzec-Grządziel, Izabela Bielawska, Jarosław Ciepiał, Katarzyna Wiejak: Mikrobiom ryzosfery wybranych roślin ruderalnych
24. * Karolina Gawryjołek, Karolina Furtak: Powódź a bezpieczeństwo mikrobiologiczne gleb rolniczych
25. * Karolina Gawryjołek, Karolina Furtak, Marta Wzyńska: Wpływ dodatku betainy i inozytolu na aktywność enzymatyczną gleby oraz wzrost pszenicy jarej w warunkach suszy
26. * Weronika Giedroń, Wioletta E. Pluskota, Urszula Wachowska: Wpływ fungicydów i drożdży *Debaryomyces hansenii* na mykobiom ziarna pszenicy durum
27. Anna Gierut-Kot, Katarzyna Góralska, Magdalena Jopek, Weronika Walczak, Krzysztof Ambroziak: Badanie potencjału bakterii środowiskowych do zwalczania patogenów grzybowych roślin uprawnych
28. Weronika Goraj, Katarzyna Kagan, Agnieszka Kuźniar, Sara Jurczyk, Jacek Podlewski, Agnieszka Wolińska: Biofilm bakteryjny ścian i sufitów tradycyjnej dojrzewalni serów Gospodarstwa Rolnego Ślesin

29. Agata Gryta, Jacek Panek, Dominika Siegieda, Beata Feledyn-Szewczyk; Shamina Imran Pathan, Giacomo Pietramellara, Magdalena Frąc: Potencjał funkcjonalny mikrobiomu gleby w uprawie współrzędnej roślin bobowatych i zbóż
30. * Tomasz Grzyb, Justyna Szulc: Wpływ biopreparatu opartego o bakterie z klasy *Bacilli* na strukturę glebowej mikrobioty bakteryjnej i grzybowej
31. Monika Janczarek, Paulina Adamczyk: Odpowiedź transkrypcyjna *Rhizobium leguminosarum* sv. *trifolii* na stres niskiej temperatury
32. * Karolina Jaros-Tsoj, Jolanta Jaroszuk-Ściśel, Sofie Thijs, Piotr Sugier, Dawid Świsłak, Francois Rineau, Jaco Vangronsveld, Małgorzata Wójcik: Zróżnicowanie mikrobiomu Bacteria i Archaea ryzosfery sorgo (*Sorghum bicolor* L.) uprawianego w glebie zanieczyszczonej metalami i traktowanych biostymulantami
33. Roman J. Jędrzejczyk, Agnieszka Domka, Rafał Ważny, Dominika Pawcenis, Damian Chlebda, Przemysław Jodłowski, Piotr Rozpądek: *Sporobolomyces ruberrimus* aktywnie chroni roślinę przed metalami: zmiany w homeostazie metali roślin i metabolizmie wtórnym grzyba
34. Jolanta Joniec, Edyta Kwiatkowska: Parametry aktywności i bioróżnorodności mikroorganizmów jako narzędzie do monitorowania gleb Poleskiego Parku Narodowego i jego okolic
35. * Katarzyna Kagan, Anna Kruczyńska, Weronika Goraj, Sara Jurczyk, Anna Sochaczewska, Jacek Podlewski, Agnieszka Wolińska, Agnieszka Kuźniar: Wpływ 20% redukcji nawożenia azotowego na strukturę mikrobiomu spod uprawy pszenicy
36. Alina Kiedryńska, Jakub Grzesiak, Julia Brzykcy, Peter Young, Kamil Krakowski, Elvira Krakowska, Robert Stasiuk, Przemysław Decewicz, Renata Matlakowska, Dariusz Bartosik: Genomiczna charakterystyka dwóch arktycznych, psychrofilnych szczepów bakterii – przedstawicieli nowego rodzaju taksonomicznego (*Gelidimonas*) w rodzinie *Oxalobacteraceae*
37. Piotr Koper, Kamil Żebracki, Jakub Wysokiński, Marta Palusińska-Szys, Andrzej Mazur: Zmienność bakterii *Legionella* spp. w środowiskach antropogenicznych – analiza genomowa izolatów z budynków użyteczności publicznej
38. Klaudia Kosak, Monika Janeczko: Potencjał przeciwbakteryjny frakcji eteru dietylowego z *Tradescantia spathacea*
39. Beata Kowalska, Magdalena Szczech, Jadwiga Treder, Anna Michalska, Jolanta Winciorek: Zmiany aktywności mikrobiologicznej gleb ściółkowanych odpadami celulozowo-drzewnymi w uprawach ogrodniczych
40. Monika Kozieł: Mikroorganizmy wykorzystywane do produkcji biopreparatów
41. Monika Kozieł, Anna Gałązka: Identyfikacja szczepów bakterii solubilizujących fosforany zdolnych do promowania wzrostu pszenicy ozimej
42. * Elvira Krakowska, Jakub Czarnecki, Agnieszka Wyszyńska, Théophile Nialt, Paweł Wawrzyniak, Noa Guzzi, Marie-Eve Val, Didier Mazel, Dariusz Bartosik: Niekanoniczna struktura modułu repABC zidentyfikowanego w chromidzie *Allorhizobium ampelinum* S4

43. * Anna Kruczyńska, Agnieszka Kuźniar, Agnieszka Lenga, Sara Jurczyk, Anna Sochaczewska, Jacek Podlewski, Agnieszka Wolińska: Sezonowa odpowiedź bakteriobiomu środowiska glebowego na strategię zredukowanego nawożenia
44. * Diksha Kumari, Patryk Frąckowiak, Przemysław Wieczorek, Aleksandra Obrepalska-Stęplowska: Mutacja w genie biosyntezy ABA u pomidora powoduje zmiany w akumulacji wirusowego RNA i zachowaniu wektora wirusowego podczas infekcji PVY
45. * Jakub Kuncewicz, Maksymilian Chmielewski: Interpretacja klastrów sieci mikrobiomów jako grup funkcjonalnych
46. Jolanta Kutkowska, Katarzyna Gorzkiewicz, Karolina Wrześniewska: Czynniki wirulencji, lekooporność i grupy filogenetyczne uropatogennych *Escherichia coli* izolowanych od psów i kotów
47. * Mateusz Kutyla, Anna Marzec-Grządziel: Sekwencjonowanie genomu psychrotrofowego grzyba *Cladosporium* sp. 01
48. Renata Kwit, Inga Bona, Magdalena Zając, Magdalena Skarżyńska, Anna Lalak, Ewelina Skrzypiec, Paulina Pasim, Emilia Mikos-Wojewoda, Weronika Koza, Dominika Wojdat, Dominika Pastuszka, Sylwia Hudzik-Pałosz, Dariusz Wasyl: Oporność na środki przeciwdrobnoustrojowe oraz charakterystyka genomowa szczepów *E. faecalis* i *E. faecium* izolowanych ze stad indyków w Polsce
49. Anna Lalak, Inga Bona, Magdalena Skarżyńska, Renata Kwit, Paulina Pasim, Dominika Wojdat, Dominika Pastuszka, Sylwia Hudzik-Pałosz, Dariusz Wasyl: Charakterystyka filogenetyczna *Salmonella* Enteritidis izolowanych w latach 1980-2020 od drobiu w Polsce
50. Anna Lenart-Boroń, Klaudia Stankiewicz, Natalia Czernecka, Anna Ratajewicz, Piotr Boroń: Zmiany składu populacji bakterii na różnych etapach produkcji śniegu technicznego, czyli analiza bakteryjnych podróży z wykorzystaniem NGS
51. Rafał Łopucki, Adam Kiersztyn, Anna Kruczyńska, Weronika Goraj, Artur Banach, Tomasz Lenard, Marcin Skowronek, Angelika Kliszczyk, Jacek Podlewski, Andrzej Słomczewski, Agnieszka Kuźniar: Zintegrowana analiza bioróżnorodności mikroorganizmów wybranych matryc środowiskowych
52. Rafał Łopucki, Ewa Sajnaga, Kinga Ożga, Dagmara Stępień-Pyśniak, Marcin Świątek, Marta Kloch, Ilona Sadok, Paweł Nasiadka, Petter Kjellander, Daniel Klich: Mikrobiota jelitowa jako wskaźnik jakości siedlisk dzikich kopytnych: studium przypadku sarny europejskiej (*Capreolus capreolus*) w krajobrazie rolniczym
53. Anna Marzec-Grządziel, Grzegorz Borsuk: Charakterystyka mikrobiomu *Varroa destructor*: Wpływ na zdrowie pszczoły miodnej
54. Anna Marzec-Grządziel, Jarosław Ciepiał: Wpływ zastosowania plazmidów antybakteryjnych o ukierunkowanym działaniu na mikrobiom środowiska glebowego
55. * Mateusz Mącik, Dominika Siegieda, Agata Gryta, Jacek Panek, Beata Feledyn-Szewczyk, Giacomo Pietramellara, Shamina Imran Pathan, Magdalena Frąc:

W kierunku zrównoważonego zarządzania glebą: jak współzależne systemy uprawy kształtują funkcjonalność mikrobiomu?

56. Julia Minicka, Martyna Szkatulska, Beata Komorowska, Beata Hasiów-Jaroszewska: Analiza wiromu upraw roślin strączkowych w Polsce
57. Alicja Niewiadomska, Swędrzyńska Dorota, Wolna-Maruwka Agnieszka, Selwet Marek: Wpływ różnych technologii uprawy na zbiorowiska bakterii pod bobikiem
58. Artur Nowak, Nataliia Kutyrieva-Nowak, Małgorzata Majewska, Anna Marzec-Grządziel, Marcin Przybyś, Anna Gałązka, Jolanta Jaroszuk-Ścisiel: Wpływ długotrwałej monokultury rzodkiewki (*Raphanus sativus* var. *saivus*) na zmienność gleby uprawnej
59. Artur Nowak, Urszula Perlińska-Lenart, Zoia Pustova, Patrycja Skalmowska, Sebastian Piłsyk, Grzegorz Janusz, Joanna Kruszewska, Jolanta Jaroszuk-Ścisiel: Szczepy *T. citrinoviride* i *T. simmonsii* indukujące odpowiedź pszenicy i hamujące wzrost fitopatogenicznego dla pszenicy *Fusarium culmorum*
60. Monika Nowak, Sylwia Różalska: Aktywność metaboliczna grzyba entomopatogenicznego *Beauveria bassiana* w obecności mykotoksyn *Fusarium*
61. Karolina Oszust, Agata Gryta, Beata Feledyn-Szewczyk, Giacomo Pietramellara, Shamina Imran Pathan, Magdalena Frąc: Wpływ uprawy współzależnej pszenicy na poziom aktywności wybranych enzymów glebowych w różnych systemach uprawy
62. * Zofia Owczarzak, Rafał Jabłuszewski, Kamil Krakowski, Anastazja Tasinkiewicz, Agnieszka Wyszyńska, Anna Łasica, Renata Godlewska, Dorota Korsak, Anna Grudniak, Magdalena Szuplewska, Paweł Wawrzyniak, Dariusz Bartosik: Plazmidy wirulencji (pVirCro) i ich długa koewolucja z bakteriami z rodzaju *Cronobacter*
63. Marceli Pacan, Fornal E., Sumara A., Nikolaichuk H., Sochaczewska A., Kruczyńska A., Wolińska A., Kuźniar A: Nieukierunkowane profilowanie metabolitów pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w warunkach stosowania biopreparatu endofitycznego InnoEndop
64. Jacek Panek, Daria Barańska, Giorgia Pertile, Dominika Siegieda, Magdalena Frąc: Rezystom bakterii *Priestia megaterium*
65. Giorgia Pertile, Jacek Panek, Katarzyna Turnau, Sylwia Różalska, Magdalena Frąc: Pogłębiona analiza sekwencji genomu grzyba endofitycznego *Serendipita indica*
66. * Marta Pietrzak, Katarzyna Prochoń, Wiktoria Zygmunt, Magdalena Frąc, Monika Nowak, Sylwia Różalska: Wpływ wybranych gatunków grzybów entomopatogenicznych na wzrost siewek pszenicy (*Triticum aestivum* L.)
67. Sylwia Plewa, Magdalena Kowalewicz-Kulbat, Aleksandra Puławska, Dominika Drzewiecka: Identyfikacja i właściwości przeciwbakteryjne grzybów słonolubnych występujących w Kopalni Soli Bochnia

68. * Katarzyna Prochoń, Marta Pietrzak, Monika Nowak, Mateusz M. Urbaniak, Karolina Rudnicka, Katarzyna Turnau, Magdalena Frąc, Sylwia Różalska: Wpływ *Bacillus megaterium* i piomelaniny na wzrost mikrolistków
69. Sebastian Wojciech Przemieniecki: Wpływ użyźniania gleby frassem owadzi na strukturę metataksonomiczną ryzosfery pszenicy jarej
70. * Arnika Przybylska, Przemysław Wiczorek, Aleksandra Obrepalska-Stęplowska: Badanie wpływu wybranych szczepów bakterii promujących wzrost roślin na ekspresję genów markerowych szlaku kwasu salicylowego i jasmonowego w trakcie infekcji roślin pomidora wirusem mozaiki pomidora (ToMV)
71. Zoia Pustova, Artur Nowak, Jolanta Jaroszuk-Ściśeł, Grzegorz Janusz, Joanna Kruszewska, Urszula Perlińska-Lenart: Selekcja mykopasożytniczych szczepów *Trichoderma* spp. zdolnych do stymulacji wzrostu roślin i ochrony przed fitopatogenami
72. Zoia Pustova, Artur Nowak, Urszula Perlińska-Lenart, Patrycja Skalmowska, Sebastian Piłsyk, Grzegorz Janusz, Joanna Kruszewska, Jolanta Jaroszuk-Ściśeł: *Trichoderma* spp. mykopasożytnicze dla *Fusarium* spp. patogenicznych dla pszenicy i fasoli
73. * Michał Pylak, D.Siegieda, A. Gryta, J. Panek, B. Feledyn-Szewczyk, S. Pathan, G. Piertamellara, M. Frąc: Wpływ uprawy współrzędnej pszenicy jarej z mieszanką trawy i koniczyny czerwonej na skład taksonomiczny mikroorganizmów glebowych w uprawie ekologicznej
74. Magdalena Rajewska, Sylwia Jafra: *Pseudomonas donghuensis* P482 – pożyteczny szczep bakterii kolonizujący tkanki roślin, zdolny do tworzenia biofilmu
75. Agnieszka Richert, Agnieszka Kalwasińska, Natalia Hejda, Maria Swiontek Brzezinska: Różnorodność biologiczna mikroorganizmów kolonizujących powierzchnię folii PLA
76. Kamila Rusek, Martyna Moryl, Małgorzata Marczak: Lost and found: niskocząsteczkowe białkowe fosfatazy tyrozynowe a regulacja aktywności kopolimerazy egzopolisacharydu w rizobiach
77. Nikodem Rybicki, Ewa Sajnaga, Marcello Locatelli, Monika Elżbieta Jach: Synergistyczne antybakteryjne działanie bakterii probiotycznych w połączeniu z ekstraktami roślinnymi przeciwko ludzkim patogenom opornych na antybiotyki
78. Ewa Sajnaga, Monika Elżbieta Jach, Marta Ziótek, Katarzyna Mięsiak-Wójcik, Magdalena Krekora: Mikrobiologiczna ocena jakości wód rzeki Czechówki w kontekście renaturalizacji miejskich ekosystemów rzecznych
79. Marek Selwet, Alicja Niewiadomska, Agnieszka Wolna-Maruwka, Dorota Swędrzyńska: Ocena występowania wybranych genów zjadliwości oraz antybiotykooporności *Campylobacter jejuni* pozyskanych od psów
80. * Sylwia Siebielec, Małgorzata Woźniak, Artur Nowak, Grzegorz Siebielec, Piotr Sugier, Jolanta Jaroszuk-Ściśeł: Kompleksowa charakterystyka szczepów bakteryjnych wyizolowanych z ryzosfery roślin rosnących na składowisku odpadów pohutniczych

81. * Sylwia Siebielec, Małgorzata Woźniak, Aleksandra Ukalska-Jaruga, Grzegorz Siebielec, Jakub Pulka, Andrzej Lewicki, Szymon Szufa, Piotr Piersa, Łukasz Adrian: Określenie efektywności bionawozów w doświadczeniach szklarniowych i polowych – Projekt INNO-MIK
82. * Dominika Siegieda, Jacek Panek, S. Emilia Hannula, Magdalena Frąc: Zasada Anny Kareniny w mikrobiomie: jak *Pilidium lythri* destabilizuje społeczności bakteryjne w glebie
83. Priya Sisodia, Agata Gryta, Jacek Panek, Dominika Siegieda, Karolina Oszust, Mateusz Maćik, Michał Pylak, Beata Feledyn-Szewczyk, Shamina Imran Pathan, Giacomo Pietramellara, Magdalena Frąc: Wpływ uprawy współrzędnej na strukturę mikrobiologiczną gleby i potencjał funkcjonalny grzybów glebowych w systemie pszenica-koniczyna
84. * Yevheniia Smirnova, Kamil Żebracki, Andrzej Mazur, Anita Swatek, Adam Choma, Iwona Komaniecka: Analiza lipidomu mutantu *Agrobacterium fabrum* C58 defektywnego w syntezie fosfatydyloetanolaminy w warunkach indukujących ekspresję genów vir
85. * Klaudia Stankiewicz, Anna Lenart-Boroń: Wpływ produkcji śniegu technicznego na różnorodność mikrobiologiczną – porównawcza analiza metataksonomiczna środowisk wodnych i śniegu
86. * Katarzyna Suśniak, Bartłomiej Barczyński, Karolina Frąszczak, Paula Klusek, Izabela Korona-Głowniak: Skład mikrobioty jamy macicy u pacjentek ze zmianami nowotworowymi endometrium
87. Maria Swiontek Brzezinska, Joanna Świątczak, Tamás Felföldi, Attila Szabó, Agnieszka Kalwasińska: *Bacillus paralicheniformis* 2R5 i jego wpływ na wzrost rzepaku
88. Mateusz Szadziul, Agata Goryluk-Salmonowicz, Magdalena Popowska: Wpływ parametrów fizyko-chemicznych gleby na poziomoporności na antybiotyki
89. Martyna Szkatulska, Julia Minicka, Daria Budzyńska, Aleksandra Zarzyńska-Nowak, Przemysław Strażyński, Beata Hasiów-Jaroszewska: Struktura i dynamika zmienności wirusów w uprawach cukinii oraz ich wektorach owadzych
90. Magdalena Szczech, Beata Kowalska, Jadwiga Treder, Anna Michalska, Jolanta Winciorek: Wpływ odpadów lignocelulozowych na grupy funkcyjne mikroorganizmów glebowych w uprawach sadowniczych
91. * Dawid Świstak, Karolina Jaros-Tsoj, Aneta Gosztyła, Piotr Sugier, Jaco Vangronsveld, Małgorzata Wójcik, Jolanta Jaroszuk-Ściśel: Funkcjonalne zróżnicowanie mikrobioty ryzosferowej miskanta olbrzymiego traktowanego biostymulantami w glebie zanieczyszczonej metalami
92. * Patrycja Tarnawska, Maciej Walczak: Ocena oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe w glebach cementarnych przy użyciu podejścia metagenomicznego
93. Cezary Tkaczuk, Anna Majchrowska-Safaryan: Analiza porównawcza występowania grzybów antomopatogenicznych w glebach z pasów kwiatnych i trawników w przestrzeni miejskiej

94. Katarzyna Trzmiel, Aleksandra Zarzyńska-Nowak, Emily Pusch, Beata Hasiów-Jaroszewska: Charakterystyka molekularna polskich izolatów wirusa smugowatej mozaiki pszenicy (wheat streak mosaic virus, WSMV)
95. Anna Turska-Szewczuk, Dorota Samborska, Gabriela Omiotek: Profil mikrobiomu tkanek okołowierzchołkowych zęba mądrości przeleczonego endodontycznie z widoczną zmianą torbielową
96. Urszula Wachowska, Bożena Cwalina-Ambroziak, Wioletta E. Pluskota, Marta Damszel, Weronika Giedroń, Sebastian Przemieniecki: Modyfikacja mykobiomu ziarna pszenicy zwyczajnej po aplikacji *Aureobasidium pullulans*
97. Rafał Ważny, Ayesha Aziz1, Agnieszka Domka, Roman J. Jędrzejczyk, Kinga Jarosz, Aleksandra Kutinova1, Piotr Rozpądek: Odpowiedź endofitów nasion na metale ciężkie
98. Przemysław Wiczorek, Arnika Przybylska, Aleksandra Obrepalska-Stęplowska: Wpływ wybranych szczepów bakterii promujących wzrost roślin na poziom akumulacji wirusa mozaiki pomidora (ToMV) w *Solanum lycopersicum*
99. Katarzyna Wiejak, Anna Marzec-Grządziel: Monitorowanie i wykrywanie zanieczyszczeń biotycznych i abiotycznych przez elektroniczne, roślinne i oparte na mikroorganizmach wskaźniki (Mobiles)
100. Oskar Wiśniewski, Aleksandra Burkowska-But, Adriana Osińska, Maciej Walczak: Zmiany w składzie ryzobiomu kukurydzy zachodzące w cyklu wegetacyjnym
101. Kamila Wlizło, Magdalena Uniłowska, Aleksandr Fursa, Katarzyna Próchniak: Grzyby wyższe w eliminacji mikrozanieczyszczeń farmaceutykami
102. Ewa Wnuk, Anna Szafranek-Nakonieczna, Weronika Goraj, Dariusz Wiącek, Agnieszka Wolińska, Rafał Łopucki: Wpływ wanadu na proces metanotrofii oraz skład mikrobiomu glebowego
103. Agnieszka Wolińska, Anna Kruczyńska, Agnieszka Lenga, Sara Jurczyk, Anna Sochaczewska, Jacek Podlewski, Agnieszka Kuźniar: Sezonowa odpowiedź mykobiomu środowiska glebowego na strategię zredukowanego nawożenia
104. Agnieszka Wolna-Maruwka, Alicja Niewiadomska, Dariusz Kayzer, Adrianna Kubiak, Agnieszka A. Pilarska, Katarzyna Panasiewicz, Marek Selwet, Dorota Swędryńska: Zmiany w strukturze społeczności bakterii ryzosferowych wybranych warzyw korzeniowych w odpowiedzi na aplikację bionawozu z dodatkiem *Trichoderma asperellum*
105. * Małgorzata Woźniak, Sylwia Siebielec, Artur Nowak, Jolanta Jaroszuk-Ścisel: Bakterie solubilizujące fosforany – potencjał promowania wzrostu i rozwoju roślin
106. * Małgorzata Woźniak, Sylwia Siebielec, Artur Nowak, Jolanta Jaroszuk-Ścisel: Ryzosfera *Lactuca sativa* L. jako źródło bakterii promujących wzrost roślin z aktywnością deaminazy ACC
107. Magdalena Wójcik, Kamil Żebracki, Piotr Koper, Małgorzata Marczak, Andrzej Mazur: Niewidoczni sprzymierzeńcy symbiozy: potencjał metaboliczny

- i funkcjonalny endofitów nierizobiowych (NRE) izolowanych z brodawek korzeniowych koniczyny
108. Magdalena Zaborowska, Agata Borowik, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski: Wpływ sorbentów organicznych na interakcję mikrobiomu glebowego z bisfenolem A
 109. Magdalena Zając, Aleksandra Śmiałowska-Węglińska, Inga Bona, Magdalena Skarżyńska, Sylwia Hudzik-Pałosz, Ewelina Skrzypiec, Emilia Mikos-Wojewoda, Weronika Koza, Dariusz Wasyl: Występowanie i charakterystyka genomowa *Klebsiella pneumoniae* izolowanych od dzikich ptaków w Polsce
 110. Weronika Zenelt, Krzysztof Krawczyk: Poprawa wzrostu upraw poprzez wykorzystanie szczepów bakterii rozpuszczających fosforany, pochodzących od owadów
 111. * Anna Żebracka, Kamil Żebracki, Anna Chmielowiec-Korzeniowska, Grzegorz Borsuk: Propolis a mikrobiota pszczół miodnych zakażonych *Nosema ceranae*

* Postery Młodych Naukowców

SPIS TREŚCI

BIOGRAMY

Prof. zw. dr hab. Wiesław BARABASZ	2
Prof. dr hab. Dariusz BARTOSIK	3
Dr hab. inż. Lidia BŁASZCZYK, prof. IGR PAN.....	4
Prof. dr Heribert INSAM	5
Prof. dr hab. Adam JAWORSKI.....	7
Prof. dr hab. Małgorzata JĘDRYCZKA, czł. koresp. PAN	9
Prof. dr Alessio MENGONI.....	10
Prof. dr Francois RINEAU.....	11
Dr hab. Sylwia RÓŻAŁSKA, prof. UŁ	12
Prof. dr Adriano SOFO	13
Prof. dr Jaco VANGRONSVELD.....	14
Dr hab. Marta WRZOSEK prof. UW.....	15

WYKŁADY

The sound of silence	17
Udział micro RNA w wielokierunkowej interakcji roślin pszenicy z grzybami <i>Fusarium</i> i <i>Trichoderma</i> – obserwacje wstępne	18
Mikroorganizmy, klimat, społeczeństwo	19
Metagenom ludzkiej populacji.....	21
Metagenomy w systemach wspierania decyzji w ochronie roślin.....	22
When biodiversity meets biotechnologies: deciphering symbiotic nitrogen fixing rhizobia genotype x genotype interaction in the plant microbiome	23
mikro-RNA małe cząsteczki o wielkim znaczeniu	24
Badanie zmian mikrobiologicznych w kontekście symulacji zmian klimatu.....	26
Rola metabolitów wtórnych w ekologii grzybów entomopatogennych	27
Integrations between microorganisms and plants in agroecosystems differentially managed: effects on soil health and crop production	28
Mikrobiom nasion: jego złożoność, znaczenie w życiu roślin i możliwe zastosowania	29
Grzyby w gniazdach rudych mrówek leśnych <i>Formica polyctena</i>	30

REFERATY

Bioróżnorodność zespołów mikroorganizmów ryzosferowych w kontekście akumulacji cynku przez metalofity z rodzaju <i>Arabidopsis</i> w glebie skażonej nanocząstkami ZnO	32
Interakcje roślin z mikroorganizmami i ich konsekwencje dla adaptacji roślin do środowiska	33
Tailocyny jako precyzyjna broń w rywalizacji między bakteriami - model patogenów roślin z rodziny <i>Pectobacteriaceae</i>	34
Zintegrowany metabarcoding środowiskowy w badaniach bioróżnorodności mikroorganizmów	35
Mikrobiom bakteryjny koniczyny białej (<i>Trifolium repens</i> L.) rosnącej na 130-letniej hałdzie Zn-Pb-Cd w południowej Polsce	36
Analiza genomów bakterii endofitycznych opornych na Cd i ich wpływ na morfologię korzeni pomidorów	37
Wpływ zanieczyszczeń chemicznych na mikrobiotę piasku plaż morza Bałtyckiego	38
Mikroorganizmy na krawędzi limitów życia: Wgląd w mikrobiom termicznie aktywnych hałd pogórnicych	39
Różnorodność mikrobiologiczna pokrywy śnieżnej na Spitsbergenie	40

REFERATY MŁODYCH NAUKOWCÓW

Rola mikrobioty glebowej w rozwoju objawów chorobowych czarnej nóżki i mokrej zgnilizny ziemniaka – identyfikacja naturalnego antagonisty bakterii z rodzaju <i>Paenibacillus</i> sp.	42
Pałapki w interpretacji sieci współwystępowania drobnoustrojów	44
Wróg czy przyjaciel – reakcja społeczności bakterii metanotroficznych występujących w glebach rolniczych na glifosat	45
Trzy enzymy – dwie reakcje: analizy funkcjonalne trzech glikozylotransferaz w kontekście biosyntezy złożonego egzopolisacharydu rizobiów	46
Porównanie struktury bakteriobiomów sadów dennych zbiorników wodnych o różnym stopniu zanieczyszczenia na terenie Górnego Śląska	47
Zastosowanie metod biologii molekularnej w badaniu mechanizmów adhezji u bakterii z rodzaju <i>Ochrobactrum</i>	48
Odkrywanie potencjału bakterii wspomagających rozwój mykoryz: analiza genomów i zastosowanie do wspomagania wzrostu roślin w podłożu skażonym WWA	49
Czynniki genetyczne warunkujące adhezję <i>Staphylococcus aureus</i> do fibrynogenu i fibronektyny oraz powiązania między tymi fenotypami a manifestacjami klinicznymi pacjentów	50

Analiza wpływu korzenia cykorii na mikrobiotę jelit królików w oparciu o technikę sekwencjonowania	52
--	----

POSTERY

Określenie endofitycznego mykobiontu ziarniaków wybranych odmian jęczmienia metodą klasyczną i przy zastosowaniu sekwencjonowania nowej generacji NGS	55
Mykobiota ściółki leśnej w wybranych siedliskach	56
Wpływ hydrożeli i herbicydu Boxer 800 EC na różnorodność bakterii w glebie	57
Strategia wzbogacania osadów jeziornych w celu pozyskania szczepów wykorzystywanych w biotechnologii medycznej.....	58
Sezonowa i przestrzenna zmienność mikrobioty bakteryjnej zasiedlającej osady 4 zbiorników stosowanych do hodowli narybku karpia	59
Metataksonomiczna analiza mikrobiomu gleby po wprowadzeniu hydrolizatu keratynowego	60
Wrażliwość bakterii glebowych oraz <i>Avena sativa</i> na działanie Cr(III) i Cr(VI)	61
Mikrobiom zalesionych gleb porolnych.....	62
Wstępne badania nad wykorzystaniem ekstraktów z rukoli (<i>Eruca sativa</i>) do wzmacniania odporności przeciwwirusowej u pomidora (<i>Solanum lycopersicum</i>).....	63
Ocena czystości mikrobiologicznej produktów nawozowych zgodnie z rozporządzeniem (UE) 2019/1009	64
Transfer mikrobiomu w obrębie holobiontu roślinnego jako strategia rozwoju zrównoważonej produkcji roślinnej	65
Analiza stopnia zróżnicowania genetycznego szczepów <i>Aspergillus fumigatus</i> wyizolowanych w rejonie składowiska odpadów komunalnych.....	66
Wpływ ekologicznego pestycydu (kwasu pelargonowego) na bakterie metanotroficzne	67
Adiuwanty jako czynnik modulujący odpowiedź metanotrofii glebowej na glifosat	68
Microbiom i profil metaboliczny ryzosfery i endoryzosfery wybranych odmian pszenicy jarej	69
Mikrobiom ryzosfery wybranych roślin ruderalnych.....	70
Mikrobiom gleb silnie zdegradowanych i długotrwale zanieczyszczonych ropą naftową	71
Badanie potencjału bakterii środowiskowych do zwalczania patogenów grzybowych roślin uprawnych.....	72
Biofilm bakteryjny ścian i sufitów tradycyjnej dojrzewalni serów Gospodarstwa Rolnego Ślesin	73

Potencjał funkcjonalny mikrobiomu gleby w uprawie współrzędnej roślin bobowatych i zbóż.....	74
Odpowiedź transkrypcyjna <i>Rhizobium leguminosarum</i> sv. <i>trifolii</i> na stres niskiej temperatury	75
<i>Sporobolomyces ruberrimus</i> aktywnie chroni roślinę przed metalami: zmiany w homeostazie metali roślin i metabolizmie wtórnym grzyba	76
Parametry aktywności i bioróżnorodności mikroorganizmów jako narzędzie do monitorowania gleb Poleskiego Parku Narodowego i jego okolic.....	77
Zmienność bakterii <i>Legionella</i> spp. w środowiskach antropogenicznych – analiza genomowa izolatów z budynków użyteczności publicznej	78
Potencjał przeciwbakteryjny frakcji eteru dietylowego z <i>Tradescantia spathacea</i>	79
Zmiany aktywności mikrobiologicznej gleb ściółkowanych odpadami celulozowo-drzewnymi w uprawach ogrodniczych.....	80
Mikroorganizmy wykorzystywane do produkcji biopreparatów.....	81
Identyfikacja szczepów bakterii solubilizujących fosforany zdolnych do promowania wzrostu pszenicy ozimej	82
Czynniki wirulencji, lekooporność i grupy filogenetyczne uropatogennych <i>Escherichia coli</i> izolowanych od psów i kotów.....	83
Odporność na środki przeciwdrobnoustrojowe oraz charakterystyka genomowa szczepów <i>E. faecalis</i> i <i>E. faecium</i> izolowanych ze stad indyków w Polsce	84
Charakterystyka filogenetyczna <i>Salmonella</i> Enteritidis izolowanych w latach 1980-2020 od drobiu w Polsce.....	85
Zmiany składu populacji bakterii na różnych etapach produkcji śniegu technicznego, czyli analiza bakteryjnych podróży z wykorzystaniem NGS	86
Zintegrowana analiza bioróżnorodności mikroorganizmów wybranych matryc środowiskowych	87
Mikrobiota jelitowa jako wskaźnik jakości siedlisk dzikich kopytnych: studium przypadku sarny europejskiej (<i>Capreolus capreolus</i>) w krajobrazie rolniczym	88
Charakterystyka mikrobiomu <i>Varroa destructor</i> : Wpływ na zdrowie pszczoły miodnej	89
Wpływ zastosowania plazmidów antybakteryjnych o ukierunkowanym działaniu na mikrobiom środowiska glebowego	90
Analiza wiromu upraw roślin strączkowych w Polsce.....	91
Wpływ różnych technologii uprawy na zbiorowiska bakterii pod bobikiem	92
Wpływ długotrwałej monokultury rzodkiewki (<i>Raphanus sativus</i> var. <i>sativus</i>) na zmienność gleby uprawnej.....	93

Szczepy <i>T. citrinoviride</i> i <i>T. simmonsii</i> indukujące odpowiedź pszenicy i hamujące wzrost fitopatogenicznego dla pszenicy <i>Fusarium culmorum</i>	94
Aktywność metaboliczna grzyba entomopatogenicznego <i>Beauveria bassiana</i> w obecności mykotoksyn <i>Fusarium</i>	95
Wpływ uprawy współrzędnej pszenicy na poziom aktywności wybranych enzymów glebowych w różnych systemach uprawy	96
Nieukierunkowane profilowanie metabolitów pszenicy zwyczajnej (<i>Triticum aestivum</i> L.) w warunkach stosowania biopreparatu endofitycznego InnoEndop	97
Rezystom bakterii <i>Priestia megaterium</i>	98
Pogłębiona analiza sekwencji genomu grzyba endofitycznego <i>Serendipita indica</i>	99
Identyfikacja i właściwości przeciwbakteryjne grzybów słonolubnych występujących w Kopalni Soli Bochnia	100
Wpływ użyźniania gleby frasseem owadzi na strukturę metataksonomiczną ryzosfery pszenicy jarej	101
Selekcja mykopasożytniczych szczepów <i>Trichoderma</i> spp. zdolnych do stymulacji wzrostu roślin i ochrony przed fitopatogenami	102
<i>Trichoderma</i> spp. mykopasożytnicze dla <i>Fusarium</i> spp. patogenicznych dla pszenicy i fasoli	103
<i>Pseudomonas donghuensis</i> P482 – pożyteczny szczep bakterii kolonizujący tkanki roślin, zdolny do tworzenia biofilmu	104
Różnorodność biologiczna mikroorganizmów kolonizujących powierzchnię folii PLA	105
Lost and found: niskocząsteczkowe białkowe fosfatazy tyrozynowe a regulacja aktywności kopolimerazy egzopolisacharydu w rizobiach	106
Synergistyczne antybakteryjne działanie bakterii probiotycznych w połączeniu z ekstraktami roślinnymi przeciwko ludzkim patogenom opornych na antybiotyki	107
Mikrobiologiczna ocena jakości wód rzeki Czechówki w kontekście renaturalizacji miejskich ekosystemów rzecznych	108
Ocena występowania wybranych genów zjadliwości oraz antybiotykooporności <i>Campylobacter jejuni</i> pozyskanych od psów	109
Wpływ uprawy współrzędnej na strukturę mikrobiologiczną gleby i potencjał funkcjonalny grzybów glebowych w systemie pszenica-koniczyna	110
<i>Bacillus paralicheniformis</i> 2R5 i jego wpływ na wzrost rzepaku	112
Wpływ parametrów fizyko-chemicznych gleby na poziom oporności na antybiotyki	113
Wpływ odpadów lignocelulozowych na grupy funkcyjne mikroorganizmów glebowych w uprawach sadowniczych	114

Struktura i dynamika zmienności wirusów w uprawach cukinii oraz ich wektorach owadziach	115
Analiza porównawcza występowania grzybów antomopatogenicznych w glebach z pasów kwiatnych i trawników w przestrzeni miejskiej	116
Charakterystyka molekularna polskich izolatów wirusa smugowatej mozaiki pszenicy (wheat streak mosaic virus, WSMV)	117
Profil mikrobiomu tkanek okołowierchołkowych zęba mądrości przeleczonego endodontycznie z widoczną zmianą torbielową	118
Modyfikacja mykobionu ziarna pszenicy zwyczajnej po aplikacji <i>Aureobasidium pullulans</i>	119
Odpowiedź endofitów nasion na metale ciężkie	120
Wpływ wybranych szczepów bakterii promujących wzrost roślin na poziom akumulacji wirusa mozaiki pomidora (ToMV) w <i>Solanum lycopersicum</i>	121
Monitorowanie i wykrywanie zanieczyszczeń biotycznych i abiotycznych przez elektroniczne, roślinne i oparte na mikroorganizmach wskaźniki (Mobiles)	122
Zmiany w składzie ryzobionu kukurydzy zachodzące w cyklu wegetacyjnym	123
Grzyby wyższe w eliminacji mikrozanieczyszczeń farmaceutykami	124
Wpływ wanadu na proces metanotrofii oraz skład mikrobiomu glebowego	125
Sezonowa odpowiedź mykobionu środowiska glebowego na strategię zredukowanego nawożenia	127
Zmiany w strukturze społeczności bakterii ryzosferowych wybranych warzyw korzeniowych w odpowiedzi na aplikację bionawozu z dodatkiem <i>Trichoderma asperellum</i>	128
Niewidoczni przymierzeńcy symbiozy: potencjał metaboliczny i funkcjonalny endofitów nierizobionowych (NRE) izolowanych z brodawek korzeniowych koniczyny	129
Wpływ sorbentów organicznych na interakcję mikrobiomu glebowego z bisfenolem A	130
Występowanie i charakterystyka genomowa <i>Klebsiella pneumoniae</i> izolowanych od dzikich ptaków w Polsce	131
Poprawa wzrostu upraw poprzez wykorzystanie szczepów bakterii rozpuszczających fosforany, pochodzących od owadów	132

POSTERY MŁODYCH NAUKOWCÓW

Identyfikacja i charakterystyka fenotypowa bakterii endofitycznych komonicy zwyczajnej	134
--	-----

Analiza transkryptomu szczepów bakterii z rodzaju <i>Bacillus</i> w celu wyboru efektywnych inokulantów poprawiających trwałość i jakość mikrolistków (<i>microgreens</i>)	135
Wpływ zmiany gospodarza na dynamikę zmienności defektywnych genomów wirusa czarnej pierścieniowej plamistości pomidora.....	136
Wpływ zastosowania plazmidów antybakteryjnych o ukierunkowanym działaniu na charakterystykę metaboliczną gleby	137
Zestawienie różnych metod charakterystyki bakterii glebowych.....	138
Wpływ dodatku egzogennej betainy na potencjał metaboliczny mikroorganizmów glebowych w różnych warunkach wilgotności	139
Powódź a bezpieczeństwo mikrobiologiczne gleb rolniczych	140
Wpływ dodatku betainy i inozytolu na aktywność enzymatyczną gleby oraz wzrost pszenicy jarej w warunkach suszy	141
Wpływ fungicydów i drożdży <i>Debaryomyces hansenii</i> na mykobiom ziarna pszenicy durum	142
Wpływ biopreparatu opartego o bakterie z klasy <i>Bacilli</i> na strukturę glebowej mikrobioty bakteryjnej i grzybowej	143
Zróznicowanie mikrobiomu Bacteria i Archaea ryzosfery sorgo (<i>Sorghum bicolor</i> L.) uprawianego w glebie zanieczyszczonej metalami i traktowanych biostymulantami ..	144
Wpływ 20% redukcji nawożenia azotowego na strukturę mikrobiomu spod uprawy pszenicy	145
Genomiczna charakterystyka dwóch arktycznych, psychrofilnych szczepów bakterii – przedstawicieli nowego rodzaju taksonomicznego (<i>Gelidimonas</i>) w rodzinie <i>Oxalobacteraceae</i>	146
Niekanoniczna struktura modułu <i>repABC</i> zidentyfikowanego w chromidzie <i>Allorhizobium ampelinum</i> S4.....	147
Sezonowa odpowiedź bakteriobiomu środowiska glebowego na strategię zredukowanego nawożenia	148
Mutacja w genie biosyntezy ABA u pomidora powoduje zmiany w akumulacji wirusowego RNA i zachowaniu wektora wirusowego podczas infekcji PVY	149
Interpretacja klastrów sieci mikrobiomów jako grup funkcjonalnych	150
Sekwencjonowanie genomu psychrotrofowego grzyba <i>Cladosporium</i> sp. 01	151
W kierunku zrównoważonego zarządzania glebą: jak współzależne systemy uprawy kształtują funkcjonalność mikrobiomu?.....	152
Plazmidy wirulencji (pVirCro) i ich długa koewolucja z bakteriami z rodzaju <i>Cronobacter</i>	153

Wpływ wybranych gatunków grzybów entomopatogennych na wzrost siewek pszenicy (<i>Triticum aestivum</i> L.).....	154
Wpływ <i>Bacillus megaterium</i> i piomelaniny na wzrost mikrolistków	155
Badanie wpływu wybranych szczepów bakterii promujących wzrost roślin na ekspresję genów markerowych szlaku kwasu salicylowego i jasmonowego w trakcie infekcji roślin pomidora wirusem mozaiki pomidora (ToMV)	156
Wpływ uprawy współrzędnej pszenicy jarej z mieszanką trawy i koniczyny czerwonej na skład taksonomiczny mikroorganizmów glebowych w uprawie ekologicznej.....	157
Kompleksowa charakterystyka szczepów bakteryjnych wyizolowanych z ryzosfery roślin rosnących na składowisku odpadów pohutniczych	158
Określenie efektywności bionawozów w doświadczeniach szklarniowych i polowych – Projekt INNO-MIK.....	159
Zasada Anny Kareniny w mikrobiomie: jak <i>Pilidium lythri</i> destabilizuje społeczności bakteryjne w glebie	160
Analiza lipidomu mutantu <i>Agrobacterium fabrum</i> C58 defektywnego w syntezie fosfatydyloetanolaminy w warunkach indukujących ekspresję genów <i>vir</i>	161
Wpływ produkcji śniegu technicznego na różnorodność mikrobiologiczną – porównawcza analiza metataksonomiczna środowisk wodnych i śniegu	162
Skład mikrobioty jamy macicy u pacjentek ze zmianami nowotworowymi endometrium	163
Funkcjonalne zróżnicowanie mikrobioty ryzosferowej miskanta olbrzymiego traktowanego biostymulantami w glebie zanieczyszczonej metalami	164
Ocena oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe w glebach cementarnych przy użyciu podejścia metagenomicznego	165
Bakterie solubilizujące fosforany – potencjał promowania wzrostu i rozwoju roślin. 166	
Ryzosfera <i>Lactuca sativa</i> L. jako źródło bakterii promujących wzrost roślin z aktywnością deaminazy ACC	167
Propolis a mikrobiota pszczoł miodnych zakażonych <i>Nosema ceranae</i>	168
MATERIAŁY INFORMACYJNE SPONSORÓW	
Analitik Genetyka	170
Argenta.....	171
EURx	172
3GENES.....	173
Genomed S.A.	174
GenXone – usługi sekwencjonowania NGS	175

INTERMAG	176
Wydawnictwo Naukowe PWN S.A.	177
INDEKS AUTORÓW	180



Biogramy





Prof. zw. dr hab. Wiesław BARABASZ

Państwowa Akademia Nauk Stosowanych
w Przemyślu

Polish Academy of Sciences in Przemyśl

Prof. zw. dr hab. Wiesław Barabasz – profesor nauk rolniczych (tytuł profesora otrzymał w 1995 r.), specjalność wg POLON, mikrobiologia, ekotoksykologia, biochemia. Wieloletni kierownik Katedry Mikrobiologii na Uniwersytecie Rolniczym w Krakowie oraz były kierownik kierunku Biotechnologia na UR w Krakowie. Od 2016 r. pracownik dydaktyczny w Państwowej Akademii Nauk Stosowanych w Przemyślu. Odbył 18-miesięczny staż naukowy w Penn State University w USA oraz kilkumiesięczne staże w Wielkiej Brytanii i Czechosłowacji. Autor licznych publikacji, monografii, książek i artykułów popularno-naukowych oraz ekspertyz. Recenzent wielu prac doktorskich, habilitacyjnych i wniosków o tytuł profesora oraz recenzent kilkudziesięciu artykułów naukowych do czasopism krajowych i zagranicznych. Uczestnik wielu krajowych i międzynarodowych konferencji, sympozjów i zjazdów naukowych. Członek licznych Towarzystw Naukowych (PTM, PTG, PTNA, PTŻ). Przewodniczący Komisji Ochrony Zdrowia Publicznego Krakowskiego Oddziału PAN. Obecnie pełni funkcje kierownika Uniwersytetu Trzeciego Wieku przy PANS w Przemyślu oraz prowadzi zajęcia dydaktyczne z mikrobiologii na kierunkach pielęgniarstwo, technologia żywności i kosmetologia.

Prof. dr hab. Wiesław Barabasz – professor of agricultural sciences (he received the title of professor in 1995), specialization according to POLON, microbiology, ecotoxicology, biochemistry. Long-time head of the Department of Microbiology at the University of Agriculture in Krakow and former head of the Biotechnology program at the UR in Krakow. Since 2016, a teaching employee at the State Academy of Applied Sciences in Przemyśl. He completed an 18-month scientific internship at Penn State University in the USA and several-month internships in Great Britain and Czechoslovakia. Author of numerous publications, monographs, books and popular science articles as well as expert opinions. Reviewer of many doctoral and habilitation theses and applications for the title of professor, and reviewer of dozens of scientific articles for national and international journals. Participant of many national and international conferences, symposia and scientific congresses. Member of numerous Scientific Societies (PTM, PTG, PTNA, PTŻ). Chairman of the Public Health Protection Commission of the Krakow Branch of the Polish Academy of Sciences. Currently, he is the head of the University of the Third Age at the Polish Academy of Sciences in Przemyśl and teaches microbiology in the fields of nursing, food technology and cosmetology.



Prof. dr hab. Dariusz BARTOSIK

Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii,
Uniwersytet Warszawski

Institute of Microbiology, Faculty of Biology,
University of Warsaw, Poland

Profesor zw., mikrobiolog, kierownik Zakładu Genetyki Bakterii. Główny nurt badań dotyczy ruchomych elementów genetycznych bakterii (plazmidów, elementów transpozycyjnych oraz integrujących z DNA) – ich struktury, molekularnych mechanizmów działania, wpływu na architekturę i funkcjonowanie genomów bakteryjnych oraz roli w adaptacji i ewolucji bakterii. Wraz z zespołem prowadzi również badania o charakterze genomycznym, koncentrując uwagę na strukturze i ewolucji genomów złożonych oraz mechanizmach leżących u podstaw zmienności genetycznej i horyzontalnego transferu DNA u bakterii.

Full Professor, microbiologist, the head of the Department of Bacterial Genetics. The main focus of research concerns bacterial mobile genetic elements (plasmids, transposable elements and integrative elements) — their structure, molecular mechanisms of action, impact on the architecture and function of bacterial genomes, and their role in bacterial adaptation and evolution. Together with his team, he also conducts genomic research, focusing on the structure and evolution of multipartite genomes and the mechanisms underlying genetic variability and horizontal gene transfer in bacteria.

<https://im.biol.uw.edu.pl/struktura/zgb/>



**Dr hab. inż. Lidia BŁASZCZYK,
prof. IGR PAN**

Zakład Mikrobiomiki Roślin, Instytut
Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

Department of Plant Microbiomics,
Institute of Plant Genetics, PAS,
Poznan, Poland

Profesor Instytutu, Kierownik Zakładu Mikrobiomiki Roślin, Koordynator dyscypliny rolnictwo i ogrodnictwo w Poznańskiej Szkole Doktorskiej Instytutów Polskiej Akademii Nauk, biotechnolog, genetyk molekularny, mykolog. Jej badania koncentrują się na poznaniu mikrobiomu różnych gatunków roślin i określeniu czynników determinujących zmiany w strukturze mikroorganizmów zasocjowanych z roślinami, a także poznaniu wpływu tych zmian na funkcjonowanie genomu roślinnego. Obecne prace Zespołu, którym kieruje zmierzają do zrozumienia epigenetycznych mechanizmów zaangażowanych w interakcje pomiędzy roślinami a mikroorganizmami, głównie grzybami. Nadrzędnym celem tych prac jest dostarczenie wiedzy do zbudowania nowych strategii ochrony roślin przed niszczycielskimi chorobami grzybowymi.

Professor at the Institute, Head of the Department of Plant Microbiomics, Coordinator of the discipline of agriculture and horticulture at the Poznan Doctoral School of Institutes of the Polish Academy of Sciences, biotechnologist, molecular geneticist, mycologist. Her research focuses on understanding the structure of the different plant species microbiome and to describe the factors that determine changes in the plant-associated microbial community, as well as deciphering how these changes affect the functioning of the plant genome. The overarching goal of this work is to provide the knowledge to develop new strategies to protect plants from devastating fungal diseases.



Prof. dr Heribert INSAM

Department of Microbiology,
University of Innsbruck, Austria

Institution: University of Innsbruck Department of Microbiology

Current position: Professor of Microbiology

ORCID: 0000-0002-5136-2752

Academic age: 35 years

Website: https://www.uibk.ac.at/en/microbiology/team/insam_heribert/

Scientific key qualifications: Environmental microbiology, biodegradation, compost, soil, wastewater

Most important research achievements: Eduard-Wallnöfer-Preis together with A. Knapp for the Research Project BioTreaT 2010; EU Horizon 2020, Residue2Heat (400 k€), BioTreaT (Research Studios Austria, K-Regio) (700 k€), SARS-CoV-Wastewater Surveillance for Austria (5,200 k€), FWF-project 2strategies4AD (400 k€)

Outline of academic career

Since 2011	Full Professor of Microbiology and Speaker of the Center for Environmental Science and Biotechnology (CERB)
2011 – 2021	Head of the Dept. of Microbiology
2005 – 2007	Head of the Research Studio Austria’s Studio BioTreaT
1993	Habilitation, then Assoc. Prof. at the Dept. of Microbiology, Univ. of Innsbruck.
May 1991 – Jul 1993	Research Assistant at the Dept. of Microbiology, University of Innsbruck, AT.
1988 – Apr 1991	Research Scientist at Federal Research Institute for Agriculture, Inst. for Soil Biology, Braunschweig, Germany.
Feb. 1986 – Apr 1988	Research Assistant at the Kananaskis Centre for Environmental Research, University of Calgary, Alberta, Canada.
1985	PhD "with distinction" in Microbiology, Univ. of Innsbruck

Research contributions

Heribert Insam (HI) has a high expertise in the field of microbial ecology, ranging from basic to applied research. HI published more than 200 scientific papers in international peer reviewed journals (cited > 10,000 times), his Hirsch-Index is 67 (Google Scholar) and 51 (Web of Science). Initially, the main focus was soil microbiology, since 2007, his central research field became biological waste treatment, including composting, anaerobic digestion and molecular ecology. HI always viewed applied soil microbiology in context with ecological issues, but also in the context of applied science which is reflected in the co-ownership of the spin-off company BiotreaT GmbH, Innsbruck. Outreach activities were always important, as was the connection of Arts and Science. HI has supervised >60 Master's Thesis and 15 PhD Theses. He is Editor of four books published by Springer: *Microbial Communities. Functional versus structural approaches* [1997], *Microbiology of Composting* [2002], *Microbes at work* [2010] and *Recycling of Biomass ashes* [2012]. Further, HI is currently Editor-in-Chief of the journal *Applied Soil Ecology* and Editorial Board Member of *Microorganisms*, *Anaerobe* and *Bioresource Technology*. Apart from his main affiliations, HI has been working in Argentina, Burkina Faso, Costa Rica, Ethiopia, France, Italy, México, South Africa and Thailand.

Supported by Interreg-project CEDRIC

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





Prof. dr hab. Adam JAWORSKI

Uniwersytet Łódzki

University of Lodz, Poland

Professor towarzyszy wszystkim cyklom Sympozjum „Metagenomy Różnych Środowisk”, począwszy od 2016 r., wygłaszając referaty plenarne i/lub inauguracyjne.

Biochemik, mikrobiolog, specjalność biologia molekularna i genetyka drobnoustrojów. Studiował na Wydziale Biologii i Nauk o Ziemi Uniwersytetu Łódzkiego. Tytuł magistra uzyskał w 1964 r. (promotor, prof. W. Maciejewska-Potapczyk). W 1971 r. został doktorem nauk przyrodniczych (promotor dr hab. L. Sedlaczek, Instytut Mikrobiologii UŁ). Habilitował się w 1983 r. (Zakład Mikrobiologii Przemysłowej, Instytut Mikrobiologii UŁ). Tytuł naukowy profesora uzyskał w roku 1992.

Od 1964 r. pracował w Zakładzie Mikrobiologii Przemysłowej Instytutu Mikrobiologii Uniwersytetu Łódzkiego jako asystent, adiunkt i docent. W latach 1986-1988 odbył podoktorski staż w University of Alabama w Birmingham, USA. W latach 1989-2005 odbywał liczne długo- i krótko-terminowe staże naukowe jako Visiting Professor w Texas A&M University, USA oraz w Osaka University, Japonia.

Jest autorem/współautorem ok. 88 oryginalnych prac twórczych, z których większość w czasopismach o zasięgu międzynarodowym, w tym: Science, Nature Genetics, Gene, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, Journal of Molecular Biology, Nucleic Acids Research.

Professor has accompanied all cycles of the “Metagenomes of Diverse Environments” Symposium since 2016 with plenary and/or keynote papers.

Biochemist, microbiologist, specialising in molecular biology and microbial genetics. He studied at the Faculty of Biology and Earth Sciences of the University of Lodz. He obtained his M.Sc. degree in 1964 (supervisor, Prof. W. Maciejewska-Potapczyk). In 1971, he was awarded the degree of Doctor of Natural Sciences (supervisor, Prof. L. Sedlaczek, Institute of Microbiology, University of Łódź). He was habilitated in 1983 (Department of Industrial Microbiology, Institute of Microbiology, UŁ). He obtained the academic title of professor in 1992.

From 1964, he worked at the Department of Industrial Microbiology, Institute of Microbiology, University of Lodz, as an assistant, assistant professor and associate

professor. Between 1986 and 1988, he held a postdoctoral fellowship at the University of Alabama in Birmingham, USA. From 1989 to 2005, he held numerous long and short term research fellowships as Visiting Professor at Texas A&M University, USA and Osaka University, Japan.

He has authored/co-authored approximately 88 original creative papers, most of them in international journals, including Science, Nature Genetics, Gene, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, Journal of Molecular Biology, Nucleic Acids Research.



**Prof. dr hab. Małgorzata
JĘDRYCZKA, czł. koresp. PAN**

Instytut Genetyki Roślin Polskiej
Akademii Nauk, Poznań

Institute of Plant Genetics, Polish
Academy of Sciences, Poznań

Profesor, kierownik Zakładu Genetyki Patogenów i Odporności Roślin. Swoje prace koncentruje wokół zagadnień związanych z wczesnym wykrywaniem i identyfikacją grzybów w powietrzu i w tkankach roślin uprawnych, głównie rzepaku. Badania obejmują klasyczną i molekularną charakterystykę patogenów roślinnych w celu wyjaśnienia mechanizmów kształtujących obecną strukturę ich populacji. Wraz z zespołem poszukuje źródeł genetycznej odporności roślin na patogeny. Specjalizuje się w stosowaniu metod aerobiologicznych w rolnictwie, w celu wdrożenia systemów wczesnego ostrzegania (DSS) przed infekcją wywoływaną przez zarodniki grzybów chorobotwórczych na podstawie ich detekcji mikroskopowej i molekularnej.

Full professor, the head of the Pathogen Genetics and Plant Resistance Team. Her work focuses on the methods of early detection and identification of fungi in the air and in tissues of crop plants, mainly oilseed rape. Research involves classical and molecular characterisation of plant pathogens to explain the mechanisms shaping current structure of their populations. With her team searches for the sources of genetic resistance of plants to pathogens. She specializes in the use of aerobiological methods in agriculture, to implement early warning decision support systems (DSS) against the infection caused by the spores of pathogenic fungi, using microscopy and molecular detection.

<https://www.igr.poznan.pl/en/about-institute-structure-department-of-pathogenetics-andant-resistance-molecularant-pathology-team>



Prof. dr Alessio MENGONI

Università Degli Studi Firenze,
Italia

Alessio Mengoni is a professor of genetics in the Department of Biology at the University of Florence, Italy.

He graduated in biology and obtained a Ph.D. in genetics from the University of Pavia, Italy, in 2000. During his Ph.D., he worked on the evolutionary genetics of plants, then shifted his focus to studying microbial communities. He also conducted research at SCK-CEN in Belgium and at the Vrije Universiteit in Amsterdam. He has been a visiting professor at the universities of Gdansk in Poland and Guangzhou in China, where he taught courses in genomics and systems biology.

His main research interests revolve around studying plant-microorganism interactions, particularly plant growth-promoting bacteria and the plant microbiome, for applications in agricultural and environmental biotechnology.

He is the author of over 200 scientific articles and a founding associate of a spin-off company from the University of Florence (EcolGene S.r.l.) specializing in microbiological and genetic analysis.

More info at: www.dblage.unifi.it



Prof. dr Francois RINEAU

Environmental Biology,
Centre for Environmental Sciences,
Hasselt University, Diepenbeek, Belgium

Research Focus

My first research topics started with my passion since I'm a kid: mushrooms. It led me to begin my career by studying saprotrophic fungi on termite mounds (Master's, IRD Bondy, France). I then explored how forest amendments affects ectomycorrhizal fungi and their community functions (PhD, INRA Nancy, France). Realizing the gaps in our understanding of how these fungi contribute to C and N cycles, I investigated these mechanisms in my first postdoc (Lund University, Sweden). Given their similarities to organic pollutant degradation, I later applied this knowledge to soil microbe-assisted remediation (Postdoc, UHasselt, Belgium). I briefly held an assistant professor position on a very french topic: the evolution and domestication of blue cheese fungi (MNHN, France) before returning to Belgium for a tenure-track role examining climate change effects on ecosystems using ecotron infrastructure (UHasselt, Belgium).

Research Agenda & Vision

As an assistant professor at UHasselt, I maintain broad research interests with a strong focus on climate change impacts on ecosystems and microbial functional ecology. My goal is to make my research as relevant and useful to society as possible, prioritizing public impact over academic prestige.

My current work examines climate change effects on ecosystem functioning, the ecosystem services of green roofs (ECOCITIES project), and the complexities of soil microbial interactions, which are crucial for soil functions and broader ecosystem services. More recently, I've combined my passion for mushrooms with research on fungal mycelium as a nature-based material (mycomaterials).



Dr hab. Sylwia RÓŻALSKA, prof. UŁ

Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii
Przemysłowej i Biotechnologii

University of Lodz, Department
of Industrial Microbiology and
Biotechnology, Poland

Biotechnolog, mykolog i mikrobiolog. Od początku kariery naukowej związana z Katedrą Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii na Wydziale Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego. W latach 2016–2020 pełniła funkcję zastępcy prezesa Polskiego Towarzystwa Mykologicznego. Od 1999 r. jest członkiem Komitetu Technicznego 190 ds. Biologii Gleby Polskiego Komitetu Normalizacyjnego. Autor i współautor ponad 70 publikacji naukowych oraz kierownik i wykonawca projektów krajowych i międzynarodowych. Recenzent licznych czasopism naukowych o zasięgu międzynarodowym. Zainteresowania badawcze koncentrują się na wykorzystaniu grzybów mikroskopowych w procesach biotechnologicznych, ze szczególnym uwzględnieniem ich zdolności do usuwania substancji toksycznych. Wraz z zespołem bada potencjał degradacyjny i biotransformacyjny grzybów entomopatogennych oraz możliwości ich niekonwencjonalnego zastosowania w biotechnologii. Prowadzi również badania nad wpływem substancji toksycznych na produkcję metabolitów wtórnych przez grzyby oraz nad wpływem czynników środowiskowych na interakcje grzyb–roślina.

<https://orcid.org/0000-0003-1695-5154>

Sylwia Różalska is a biotechnologist, mycologist, and microbiologist. She has been affiliated with the Department of Industrial Microbiology and Biotechnology at the Faculty of Biology and Environmental Protection, University of Lodz, since the beginning of her scientific career. From 2016 to 2020, she served as Vice-President of the Polish Mycological Society. Since 1999, she has been a member of Technical Committee 190 for Soil Biology of the Polish Committee for Standardization. She is the author and co-author of over 70 scientific publications and has acted as principal investigator and collaborator in national and international research projects. She also serves as a reviewer for numerous international scientific journals. Her research focuses on the use of microscopic fungi in biotechnological processes, particularly their ability to remove toxic substances. Together with her team, she investigates the degradation and biotransformation potential of entomopathogenic fungi and explores their unconventional applications in biotechnology. She also studies the effects of toxic compounds on the production of fungal secondary metabolites and the influence of environmental factors on fungus–plant interactions.



Prof. dr Adriano SOFO

University of Basilicata, Italia

Adriano Sofo is Associate Professor of Agricultural and Forest Chemistry at the University of Basilicata, Italy. He graduated with a Master Degree in Biological Sciences at the University of Bari, Italy. He spent three years (1999-2002) at the University of Basilicata with a Doctorate in Crop Productivity. From 2000 to 2001, he was a Researcher at the National Agency for New Technologies, Energy and Sustainable Economic Development (ENEA), Italy. As Postdoctoral Training, in 2002, he worked at the Institute of Molecular Biology and Biotechnology, Heraklion, Greece, within a Marie Curie Fellowship. He then trained as a Postdoctoral Researcher at the University of Basilicata, where he also worked as Assistant Professor in Agricultural Chemistry. In 2015, he was awarded a Fulbright Research Scholar grant to spend at the University of California, Davis.

In 2016, he received a fellowship award from the OECD Co-operative Research Programme at the University of Waikato, New Zealand. In 2019, he was a visiting professor at Kindai University, Nara, Japan, within a JSPS Research Scholar Grant. In 2021, he benefited from a DAAD Research Stay at the University of Bremen, Germany. In 2022, he was awarded a Visiting Faculty Program Fellowship at the Weizmann Institute of Science, Israel. In 2023, he was a visiting professor at the University of California, Davis. In 2024, he visited the Swiss Federal Institute of Technology Lausanne (EPFL), Switzerland, within the OECD Co-operative Research Programme. From 2022 to 2024, he was part of the EGU's Biodiversity Task Force and, since 2024, has been a member of the COST Scientific Committee for Italy. He has been National Geographic Explorer since 2023.

His research fields are: a) physiological and biochemical response of plants to stresses; b) soil chemistry/microbiology and soil sustainable management; c) plant-derived food quality and plant secondary metabolites. He is the author of over 150 papers published in peer-reviewed journals and books, and coordinator of numerous international and national research projects. He is Editor-in-Chief of the International Journal of Plant Biology (MDPI) and Section Editor-in-Chief of Plants - Plant-Soil Interactions (MDPI).



Prof. dr Jaco VANGRONSVELD

Centre for Environmental Sciences,
Hasselt University, Diepenbeek, Belgium

Jaco Vangronsveld has a long tradition in the study of the physiological, biochemical and molecular aspects of abiotic stress in plants. From 1996, expertise has been built up on the role of plant-associated micro-organisms (both bacteria and fungi from soil, rhizosphere, plant endosphere and episphere) in plant growth and development and the exploitation of these partnerships to improve biomass production and bio-(phyto-)remediation of polluted soils. Since the area of polluted and marginal land in Europe and the rest of the world is huge, there is an important potential to use these soils for biomass production in function of bioenergy and feedstock for industrial processes. The microbial communities of a broad range of plants are studied: *Arabidopsis thaliana*, yellow lupine, poplar, willow, rapeseed, tobacco, maize,... Studies are performed both at laboratory (from molecular to physiological and organismal level) and field scale.



Dr hab. Marta WRZOSEK prof. UW

Ogród Botaniczny, Wydział Biologii,
Uniwersytet Warszawski

Botanic Garden, Faculty of Biology,
University of Warsaw, Poland

Biolog, mykolog. Naukowo zainteresowana mykobiotą gleb górskich, interakcjami grzybów uczestniczących w rozkładzie ściółki, antagonistycznymi i nieantagonistycznymi interakcjami grzybów z innymi organizmami. Od kilku lat zaangażowana w poznanie mykobioty rudych mrówek leśnych i ich mrowisk. Członek Komitetu Biologii Organizmalnej i Komitetu Biologii Ewolucyjnej PAN. Jest certyfikowanym mykologiem budowlanym (PSMB) i klasyfikatorem grzybów świeżych (Sanepid). Była pierwszym prezesem Polskiego Towarzystwa Mykologicznego.

Biologist, mycologist. Scientifically interested in mountain soil mycobiota, interactions between fungi involved in litter decomposition, and antagonistic and non-antagonistic interactions between fungi and other organisms. For several years, she has been involved in studying the mycobiota of red wood ants (*Formica* spp.) and their mounds. Member of the Committee on Organism Biology and the Committee on Evolutionary Biology of the Polish Academy of Sciences. She is a certified building mycologist (PSMB) and classifier of fresh fungi (Sanepid). She was the first president of the Polish Mycological Society.



Wykłady



The Sound of Silence ...

Dariusz Bartosik

Department of Bacterial Genetics, Institute of Microbiology, Faculty of Biology
University of Warsaw, Poland

W genomach bakteryjnych identyfikuje się tzw. „ciche” geny, które nie ulegają ekspresji, zatem ich obecność nie wywołuje żadnych zmian w fenotypie gospodarza. Istnieje wiele potencjalnych przyczyn braku ich transkrypcji – od mutacji w regionach lub elementach regulatorowych, przez brak promotorów (np. w przypadku kaset genowych integronów) czy niekompatybilność między egzogennymi promotorami a maszyną transkrypcyjną gospodarza, po aktywne wyciszenie egzogennej informacji genetycznej w komórkach bakterii. Mimo braku aktywności, „ciche” geny stanowią istotny rezerwuuar informacji genetycznej o charakterze przystosowawczym. Potencjał ten może zostać ujawniony w wyniku różnego rodzaju zdarzeń mutacyjnych lub rekombinacyjnych, co w określonych warunkach może umożliwić przetrwanie bakterii w obecności silnych stresorów środowiskowych. Kluczową rolę w aktywacji takich genów przypisuje się integronom – genetycznym platformom ekspresyjnym, często usytuowanym w obrębie ruchomych elementów genetycznych, które „wychwytyją” bezpromotorowe kasety genowe, przemieniając je w funkcjonalne geny. Jednak również istotny udział w aktywacji „cichych” genów mają elementy transpozycyjne, których rola w tym procesie jest często niedoceniana.

The Sound of Silence ...

Bacterial genomes may contain so-called “silent” genes that are not expressed and therefore do not lead to any phenotypic changes in the host. There are several potential reasons for the lack of their transcription, including mutations in regulatory regions or elements, absence of promoters (e.g., in the case of integron gene cassettes), incompatibility between exogenous promoters and the host’s transcriptional machinery, and active silencing of foreign genetic information by the bacterium. Despite their inactivity, “silent” genes represent a significant reservoir of adaptive genetic information. This latent potential can be revealed through various mutational or recombination events that, under certain conditions, can facilitate bacterial growth and survival in the presence of strong environmental stressors. A pivotal role in the activation of such genes is attributed to integrons – genetic expression platforms often located within mobile genetic elements, which capture promoterless gene cassettes and convert them into functional genes. However, transposable elements also play a critical role in the activation of “silent” genes, although their contribution to this process is frequently underestimated.

Udział microRNA w wielokierunkowej interakcji roślin pszenicy z grzybami *Fusarium* i *Trichoderma* – obserwacje wstępne

Lidia Błaszczuk, Sylwia Salamon, Piotr Banachewicz,
Polina Havrysh, Aleksandra Chojnacka

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Zakład Mikrobiomiki Roślin,
ul. Strzeszyńska 34, 60-479 Poznań

Rośliny poprzez swoją egzystencję w złożonym środowisku i ekspozycję na różne mikroorganizmy wykształciły skomplikowane sieci szlaków regulacji genów, których kluczowymi elementami są endogenne małe RNA (sRNA), w tym miRNA. Jednakże wiedza na temat roli tych cząsteczek w biotycznych interakcjach pszenicy zwyczajnej z grzybami jest znikoma. A zatem zrozumienie komunikacji za pośrednictwem miRNA pomiędzy dwiema odmianami pszenicy a patogenicznym gatunkiem *Fusarium culmorum* i symbiotycznym grzybem *Trichoderma atroviride* stało się celem niniejszych badań. W pracy dokonano wysokoprzepustowego sekwencjonowania RNA, microRNA i sekwencjonowania degradomu. W oparciu o dane sekwencyjne RNA i microRNA wykonano analizę różnicową z uwzględnieniem odmiany pszenicy (Muszelka, Ambicja), jej organu (liść, korzeń), fazy interakcji z grzybami (wczesna, późna) oraz traktowania (patogen, symbiont, patogen/symbiont, woda). Zidentyfikowano transkrypty i cząsteczki miRNA istotnie różnie ekspresjonowane w zdefiniowanych grupach. Badania będą kontynuowane.

*Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki
(projekt nr 2022/47/B/NZ9/01282).*

Involvement of MicroRNA in the Multidirectional Interaction of Wheat Plants with *Fusarium* and *Trichoderma* Fungi – Preliminary Observations

Plants, through their existence in a complex environment and exposure to various microorganisms, have developed complex networks of gene regulatory pathways, key elements of which are endogenous small RNAs (sRNAs), including miRNAs. However, there is little knowledge of the role of these molecules in the biotic interactions of common wheat with fungi. Therefore, the aim of this study was to understand miRNA-mediated communication between two wheat cultivars and the pathogenic species *Fusarium culmorum* and the symbiotic fungus *Trichoderma atroviride*. In this study, high-throughput RNA sequencing, microRNA sequencing and degradome sequencing were performed. Based on RNA and microRNA data, differential analysis was performed considering the wheat cultivar (Muszelka, Ambicja), its organ (leaf, root), fungal interaction phase (early, late) and treatment (pathogen, symbiont, pathogen/symbiont, water). Transcripts and miRNA molecules significantly differentially expressed in defined groups were identified. The research will continue.

*This research was funded by the Polish National Science Centre
(project No. 2022/47/B/NZ9/01282).*

Mikroorganizmy, klimat, społeczeństwo

H. Insam¹, C. Rinke², Y. Pii³

¹ BioTreaT GmbH, Technikerstr. 21 a; C. ² Deptment of Microbiology, Technikerstr. 25, University of Innsbruck, both 6020 Innsbruck, Austria; ³ Faculty of Agricultural, Environmental and Food Sciences, Free University of Bozen-Bolzano, Universitätsplatz 5, Bozen-Bolzano, Italy

Mikroorganizmy, w tym bakterie, archeony, grzyby i mikroalgi, często pozostają niezauważone, ale odgrywają fundamentalną rolę w regulacji klimatu Ziemi i wspieraniu społeczeństwa. Prezentacja dotyczy złożonych relacji między życiem mikrobiologicznym, globalną dynamiką klimatu i społeczeństwem, podkreślając, w jaki sposób mikroorganizmy mogą zarówno łagodzić, jak i nasilać ocieplenie klimatu.

Mikrobiomy są kluczowymi czynnikami napędowymi cykli biogeochemicznych obejmujących tlen (O₂), dwutlenek węgla (CO₂), metan (CH₄) i podtlenek azotu (N₂O). Fitoplankton morski przyczynia się do prawie 70% globalnej produkcji tlenu, podczas gdy mikroorganizmy glebowe rozkładają materię organiczną, wpływając na magazynowanie i uwalnianie węgla. Jednak działalność człowieka i wynikające z niej ocieplenie klimatu mogą zakłócić te procesy, potencjalnie przyspieszając emisję gazów cieplarnianych poprzez rozmrażanie wiecznej zmarzliny, ocieplanie się oceanów, hodowlę bydła i inne działania. Zrozumienie tych pętli sprzężenia zwrotnego jest niezbędne do dokładnego modelowania klimatu i skutecznych strategii łagodzenia skutków zmian klimatycznych. Może to również obejmować strategie adaptacyjne, takie jak inokulacja roślin mikroorganizmami.

Reakcje społeczeństwa — od wysiłków na rzecz ochrony mikroorganizmów po politykę dotyczącą praktyk rolniczych — muszą uwzględniać odporność mikroorganizmów i ich zdolność adaptacji. Wykorzystanie zdolności metabolicznych mikroorganizmów zapewnia liczne opcje łagodzenia i adaptacji do zmian klimatu, takie jak biopaliwa i bioremediacja. Podkreśla to ich podwójny potencjał jako zagrożeń i rozwiązań.

Prezentacja syntetyzuje interdyscyplinarne badania, aby argumentować, że włączenie wiedzy o mikroorganizmach do polityki klimatycznej może znacząco przyczynić się do zrównoważonej przyszłości. Uznając mikroorganizmy za niewidocznych, ale ważnych graczy, możemy lepiej zająć się powiązаныmi ze sobą wyzwaniami zmian klimatu, stabilności ekosystemu i dobrobytu społecznego. Ostatecznie lepsze zrozumienie mikrobiomów może również pomóc zmniejszyć sceptycyzm wobec zmian klimatu i promować bardziej świadomy dyskurs publiczny.

Wspierane przez projekt Interreg CEDRIC

Wykład realizowany przy wsparciu finansowym Gminy Lublin w ramach Programu Visiting Professors in Lublin



Microbes, Climate and Society

H. Insam¹, C. Rinke², Y. Pii³

¹ BioTreaT GmbH, Technikerstr. 21 a; C. ² Deptment of Microbiology, Technikerstr. 25, University of Innsbruck, both 6020 Innsbruck, Austria; ³ Faculty of Agricultural, Environmental and Food Sciences, Free University of Bozen-Bolzano, Universitätsplatz 5, Bozen-Bolzano, Italy

Microorganisms, including bacteria, archaea, fungi, and microalgae, often go unnoticed but play a fundamental role in regulating Earth's climate and supporting human societies. This presentation explores the complex relationships between microbial life, global climate dynamics, and society, highlighting how microbes can both mitigate and intensify climate warming.

Microbes are crucial drivers of biogeochemical cycles involving oxygen (O₂), carbon dioxide (CO₂), methane (CH₄), and nitrous oxide (N₂O). Marine phytoplankton contributes nearly 70% of global oxygen production, while soil microbes decompose organic matter, affecting carbon storage and release. However, human activities and resulting climate warming can disrupt these processes, potentially accelerating greenhouse gas emissions through permafrost thawing, ocean warming, cattle stocking, and other activities. Understanding these feedback loops is essential for accurate climate modeling and effective mitigation strategies. This may also involve adaptation strategies, like plant microbiome transplantations.

Society's responses – ranging from microbial conservation efforts to policies on agricultural practices – must consider microbial resilience and adaptability. Utilizing the metabolic capabilities of microorganisms provides numerous options for climate change mitigation and adaptation, such as biofuels and bioremediation. This underscores their dual potential as both threats and solutions.

This presentation synthesizes interdisciplinary research to argue that incorporating microbial knowledge into climate policy significantly may contribute to a sustainable future. By recognizing microbes as invisible yet vital players, we can better address the interconnected challenges of climate change, ecosystem stability, and societal well-being. Ultimately, a better understanding of microbes may also help reduce climate change skepticism and foster a more informed public discourse.

Supported by Interreg-project CEDRIC

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



Metagenom ludzkiej populacji

Adam Jaworski

Uniwersytet Łódzki

Przeprowadzenie pełnej analizy genomu ludzkiego ogłosiły w 2012 r. dwa zespoły: Celera Genomics pod kierownictwem Craiga Ventera oraz zespół Francisa Collinsa realizujący Human Genome Project. Zarówno naukowcy jak i politycy określili dokonanie analizy genomu ludzkiego za przełomowe osiągnięcie biologii o wielkim znaczeniu dla ludzkości, rozpoczynające nową epokę. Wyniki badań Konsorcjum Encode, które podjęło się zadania zidentyfikowania funkcjonalnych elementów w sekwencji ludzkiego genomu, wykazały, że cały ludzki genom jest aktywny, spełniając różnorodne funkcje, na różnych etapach rozwoju i życia komórek, narządów oraz całego organizmu. W ciągu ostatnich kilkunastu lat wykryto wiele bardzo złożonych systemów regulacji, synchronizacji aktywności i funkcji całego genomu ludzkiego, które funkcjonują na poziomie genomu i epigenomu człowieka. System epigenetyczny kształtuje to, w jaki sposób informacja genetycznego zawarta w zapisie DNA genomu jest wykorzystywana. Pełna analiza genomu ludzkiego odsłania tajemnice życia i ma ogromne znaczenie dla poznania fizjologii człowieka, tworzenia nowoczesnych terapii ochrony zdrowia i podniesienia jakości życia człowieka. Nad wykorzystaniem tej wiedzy pracuje obecnie wiele zespołów a perspektywy jej zastosowania są ogromne.

The Metagenome of the Human Population

The complete analysis of the human genome was announced in 2012 by two teams: Celera Genomics led by Craig Venter, and Francis Collins' Human Genome Project team. Both scientists and politicians have defined the completion of the analysis of the human genome as a milestone achievement in biology of great importance to humanity initiating a new era. The results of the Encode Consortium's research, which undertook the task of identifying functional elements in the human genome sequence, have shown that the entire human genome is active, fulfilling various functions, at different stages of development and life of cells, organs and the whole organism. Over the last dozen or so years, a number of highly complex systems have been discovered to regulate, synchronise the activity and function of the entire human genome, which operate at the level of the human genome and epigenome. The epigenetic system shapes how the genetic information contained in the DNA transcript of the genome is used. The complete analysis of the human genome reveals the secrets of life and has a great importance for understanding human physiology, creating modern health care therapies and enhancing quality of human life. Many teams are currently working to exploit this knowledge, and the prospects for its application are enormous.

Metagenomy w systemach wspierania decyzji w ochronie roślin

Małgorzata Jędryczka

Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

Systemy wspierania decyzji w ochronie roślin uprawnych przed chorobami infekcyjnymi w znacznej mierze wykorzystują wiedzę o obecności i stężeniu mikroorganizmów chorobotwórczych w danym środowisku. Informacje te pozwalają na oszacowanie zapotrzebowania na wdrożenie ochrony roślin oraz opracowanie najwłaściwszej strategii tej ochrony. Metody metagenomiczne dostarczają informacji o bieżącej sytuacji w zakresie obecności mikroorganizmów chorobotwórczych z pominięciem długotrwałego procesu ich wyodrębniania ze środowiska glebowego wody i powietrza. Dodatkowym atutem jest także możliwość wykrywania mikroorganizmów biotroficznycych których hodowla ma pożywkach nie jest możliwe. Z tego względu metody metagenomiczne są perspektywicznym narzędziem diagnostycznym w systemach wspierania decyzji. Koszty analiz metagenomicznych są jednak znaczące co w dużym stopniu ogranicza ich wykorzystywanie w obecnie stosowanych systemach wspierania decyzji w ochronie roślin. Przewiduje się jednak, że wraz z obniżaniem się kosztów tych badań będą one odgrywały coraz większą rolę z racji możliwości wykrywania wielu patogenów jednocześnie. Skuteczność i przydatność narzędzi metagenomicznych będzie w znacznym stopniu uzależniona od jakości baz danych do identyfikacji konkretnych gatunków i form patogenów odpowiedzialnych za choroby roślin.

Metagenomes in Decision Support Systems for Plant Protection

Decision support systems in the protection of cultivated plants against infectious diseases largely rely on knowledge about the presence and concentration of pathogenic microorganisms in a given environment. This information helps to estimate the need for plant protection measures and to develop the most appropriate protection strategies. Metagenomic methods provide insight into the current composition of pathogenic microorganisms without the need for the lengthy process of isolating them from soil, water, or air. An additional advantage is their ability to detect biotrophic microorganisms, which cannot be cultured on standard media. For this reason, metagenomic methods are considered a promising diagnostic tool in decision support systems. However, the high cost of metagenomic analyses significantly limits their use in currently implemented decision support systems for plant protection. It is expected, though, that as the costs of these analyses decrease, they will play an increasingly important role due to their ability to detect multiple pathogens simultaneously. The effectiveness and usefulness of metagenomic tools will depend heavily on the quality of databases used to identify specific species and forms of pathogens responsible for plant diseases.

When Biodiversity Meets Biotechnologies: Deciphering Symbiotic Nitrogen Fixing Rhizobia Genotype x Genotype Interaction in the Plant Microbiome

Alessio Mengoni, Iacopo Passeri, Francesca Vaccaro, Camilla Fagorzi

Department of Biology, University of Florence, via Madonna del Piano 6, Sesto Fiorentino, Italy
Correspondence: alessio.mengoni@unifi.it

Symbiotic nitrogen fixation is one of the main sources of assimilable nitrogen in ecosystems and is key for developing low-input agriculture and sustainable food production. However, developing effective bioinoculants from symbiotic nitrogen fixing bacteria (rhizobia) is not trivial, due to the large genomic and phenotypic diversity of rhizobia and their variable effect on the host plant, which limit the possibility of fast identification of elite strains in the collections. In fact, while the intricate core symbiotic machinery required to establish a successful rhizobia-host plant interaction has been mostly elucidated, much remains unknown about the genes required to optimize the interaction and which can determine the symbiotic variability found in nature.

We addressed this problem using both in silico and in vitro modelled rhizosphere microbiome and nodulation conditions and a variety of natural isolates of the bacterial symbiont species *Sinorhizobium meliloti*, the fungal genus *Trichoderma* and cultivars of its host plant alfalfa. By performing Genome-Wide Association Studies and comparative transcriptomics, we showed the presence of a large number of genotype-by-genotype (GxG) interactions that can have prominent impacts on symbiotic outcomes. Moreover, GxG interactions with the rhizosphere nonsymbiotic microbiota were identified, providing the basis of knowledge for rational development of synthetic microbiota.

These findings may allow to identify genomic markers for selection of elite strains and highlight the importance of investigating natural isolates in the perspective of application as host genotype-specific bioinoculants.

mikroRNA małe cząsteczki o wielkim znaczeniu

Anna Pikulicka¹, Wiesław Barabasz²

¹ Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Jarosławiu

² Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Przemysłu

Odkrycia ostatniej dekady i pojawiające się codziennie nowe doniesienia pokazują, że to RNA pełni niezliczone funkcje regulatorowe w komórkach organizmów żywych. Przez wiele lat funkcje RNA w komórkach organizmów pro- i eukariotycznych utożsamiano z procesem biosyntezy białek, w który zaangażowane są cząsteczki: mRNA będące matrycą dla syntezy białek, rRNA budujące wraz z białkami rybosomy, tRNA uczestniczące w transporcie aminokwasów do rosnącego łańcucha peptydowego. Całkowitą zmianę w postrzeganiu funkcji RNA przyniosło w latach 90. XX w. i odkrycie niekodujących cząsteczek RNA o funkcjach regulacyjnych. Regulatorowe RNA odgrywają kluczowe role na każdym etapie ekspresji genów i funkcjonowania komórki, od modyfikacji DNA, poprzez modyfikację transkryptu i modulowanie procesu translacji, aż po oddziaływanie z białkami, ich modyfikacje i funkcje strukturalne. Wśród licznych typów ncRNA, szczególne zainteresowanie budzą miRNA ze względu na podstawową rolę jaką cząsteczki te pełnią w regulacji ekspresji genów u wszystkich organizmów eukariotycznych. Działają one poprzez wiązanie się z komplementarnymi sekwencjami w mRNA, prowadząc do degradacji mRNA lub zahamowania translacji białek. To odkrycie ujawniło nowy mechanizm kontroli genetycznej i pokazało, że regulacja genów jest znacznie bardziej skomplikowana niż dotychczas sądzono. To rewolucyjne odkrycie pokazało, że tak krótki RNA może pełnić znaczącą funkcję biologiczną – regulację poziomu syntezy białka na etapie posttranskrypcyjnym poprzez oddziaływanie z mRNA kodującym to białko. Było to pierwsze odkrycie miRNA i jednocześnie nowego mechanizmu regulacji genów na poziomie potranskrypcyjnym. Warto zaznaczyć, że nieprawidłowa ekspresja miRNA jest związana z wieloma chorobami, takimi jak: nowotwory, choroby sercowo-naczyniowe, neurodegeneracyjne czy metaboliczne. Ponadto w medycynie badania nad miRNA przyczyniają się do rozwoju nowych metod diagnostycznych i terapeutycznych mogą się one okazać kluczem do zinterpretowania wielu niezrozumiałych dotąd zjawisk biologicznych, w tym niektórych aspektów patogenezы chorób nowotworowych.

Micro-RNA Small Molecules of Great Importance

The discoveries of the last decade and new reports appearing every day show that RNA performs countless regulatory functions in the cells of living organisms. For many years, the functions of RNA in the cells of pro- and eukaryotic organisms were identified with the process of protein biosynthesis, which involves the following molecules: mRNA, which is a matrix for protein synthesis, rRNA, which builds ribosomes together with proteins, tRNA, which participates in the transport of amino acids to the growing peptide chain. A complete change in the perception of RNA functions was brought about in the 1990s by the discovery of non-coding RNA molecules with regulatory functions. Regulatory RNAs play key roles at every stage of gene expression and cell function, from DNA modification, through transcript modification and modulation of the translation process, to interaction with proteins, their modifications and structural functions. Among the numerous types of ncRNAs,

miRNAs are of particular interest due to the fundamental role that these molecules play in regulating gene expression in all eukaryotic organisms. They act by binding to complementary sequences in mRNA, leading to mRNA degradation or inhibition of protein translation. This discovery revealed a new mechanism of genetic control and showed that gene regulation is much more complicated than previously thought. This revolutionary discovery showed that such a short RNA can perform a significant biological function – regulation of the level of protein synthesis at the post-transcriptional stage by interacting with the mRNA encoding this protein. This was the first discovery of miRNA and at the same time a new mechanism of gene regulation at the post-transcriptional level. It is worth noting that abnormal miRNA expression is associated with many diseases, such as: cancers, cardiovascular diseases, neurodegenerative or metabolic diseases. Moreover, in medicine, miRNA research contributes to the development of new diagnostic and therapeutic methods; they may prove to be the key to interpreting many previously incomprehensible biological phenomena, including some aspects of the pathogenesis of cancer.

Badanie zmian mikrobiologicznych w kontekście symulacji zmian klimatu

François Rineau¹, Nier Su^{1,2}, Mwachija Zubery¹, Wouter Reyns¹, Maria Moreno-Druet¹, Nadia Soudzilovskaia¹

¹ Environmental Biology, Centre for Environmental Sciences, Hasselt University, Diepenbeek, Belgium; ² Inner Mongolia University, P. R. China

Grzyby i bakterie są podstawą cykli biogeochemicznych gleby i zdrowia roślin. Odgrywają kluczową rolę w procesach rozkładu zachodzących w glebie, w mineralizacji N i P, mogą być symbiontami korzeni lub pędów lub patogenami. To, w jaki sposób zmiany klimatu wpływają na ich społeczności, ma zatem daleko idące konsekwencje dla funkcjonowania ekosystemu. Wykorzystaliśmy wielkoskalową infrastrukturę ekotronową do symulacji zmian klimatu w różnorodnych ekosystemach naturalnych i uprawnych oraz scharakteryzowaliśmy zarówno społeczności drobnoustrojów, jak i reakcję ekosystemu. Wyniki eksperymentów przeprowadzonych w ekosystemach wrzosowisk, upraw zbożowych i sadów wnoszą wiele informacji o tym, jak zmiany klimatu kształtują populacje symbiontów, patogenów oraz interakcje zachodzące pomiędzy drobnoustrojami.

Exploring Microbial Shifts Under Climate Change Simulation

Fungi and bacteria are at the heart of soil biogeochemical cycles and plant health. They play crucial roles on soil decomposition, N and P mineralization, or can be root or shoot symbionts or pathogens. How climate change affects their communities has therefore far reaching consequences on how the ecosystem functions. We used a large-scale ecotron infrastructure to simulate climate change in a range of natural to crop ecosystems and characterized both microbial communities and ecosystem response. In this presentation, we'll go over the main findings of these experiments in heathland, grain crop and orchard ecosystems, and what it tells us about symbionts, pathogens, and microbial interactions as well under climate change.

Rola metabolitów wtórnych w ekologii grzybów entomopatogennych

Sylwia Różalska, Monika Nowak

Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii

Metabolity wtórne pełnią istotne funkcje w biologii grzybów, uczestnicząc w komunikacji międzykomórkowej, kolonizacji nisz ekologicznych oraz adaptacji do zmiennych warunków środowiskowych. Dla wielu gatunków grzybów opisano ich struktury chemiczne, szlaki biosyntezy i funkcje fizjologiczne. Znacznie słabiej poznane pozostają jednak mechanizmy regulacji biosyntezy tych związków w odpowiedzi na stresory środowiskowe, w szczególności obecność substancji toksycznych. Coraz większą uwagę zwraca się również na interakcje, w których metabolity wtórne jednych grzybów oddziałują na wzrost i aktywność metaboliczną innych mikroorganizmów współistniejących w tych samych niszach ekologicznych. Ostatnie doniesienia literaturowe wskazują, że grzyby entomopatogenne wykazują zdolność do biotransformacji i biodegradacji zearalenonu – metabolitu wtórnego produkowanego przez *Fusarium* spp. Obserwacje te sugerują, że zależności typu grzyb – metabolit wtórny mają charakter złożony, wielokierunkowy i pozostają w dużej mierze nieznane. Zdolność do rozkładu takich związków dodatkowo podkreśla potencjał grzybów entomopatogennych w procesach bioremediacji środowisk skażonych substancjami bioaktywnymi.

Badania zostały sfinansowane przez NCN, Grant:2024/53/B/NZ9/01058 oraz Grant: 2023/07/X/NZ9/00547

The Role of Secondary Metabolites in the Ecology of Entomopathogenic Fungi

Secondary metabolites play essential roles in fungal biology, participating in intercellular communication, colonization of ecological niches, and adaptation to changing environmental conditions. For many fungal species, their chemical structures, biosynthetic pathways, and physiological functions have been well characterized. However, the regulatory mechanisms controlling the biosynthesis of these compounds in response to environmental stressors – particularly the presence of toxic substances — remain poorly understood. Increasing attention is also being given to interactions in which secondary metabolites produced by one fungal species affect the growth and metabolic activity of other microorganisms co-occurring within the same ecological niches. Recent literature reports indicate that entomopathogenic fungi exhibit the ability to biotransform and biodegrade zearalenone – a secondary metabolite produced by *Fusarium* spp. These findings suggest that fungus – secondary metabolite relationships are complex, multidirectional, and largely unexplored. The ability to degrade such compounds further highlights the potential of entomopathogenic fungi in bioremediation processes of environments contaminated with bioactive substances.

The research was funded by the National Science Centre, Poland, Grant No. 2024/53/B/NZ9/01058 and Grant No. 2023/07/X/NZ9/00547

Integrations Between Microorganisms and Plants in Agroecosystems Differentially Managed: Effects on Soil Health and Crop Production

Adriano Sofo, Laura Mandrelli, Angelo Marzella, Rosangela Adesso

Department of Agricultural, Forestry, Food and Environmental Sciences (DAFE),
University of Basilicata, Via dell'Ateneo Lucano 10, 85100 Potenza (PZ), Italy

Soil is not just a substrate for plant growth: it's a living system where complex interactions between microorganisms and plants determine the productivity and sustainability of agroecosystems. This talk will explore how different management strategies profoundly shape these interactions, with cascading effects on soil health and crop performance.

Drawing on data from several long-term comparative field trials, conducted by our research team, we evaluated agroecosystems under contrasting management regimes, from intensive, conventional, disturbance-prone systems to sustainable ones, guided by ecological principles. The results reveal that management practices that prioritize soil organic matter conservation, minimum tillage, and reduced use of mineral fertilisers foster more diverse and functional microbial communities. These communities enhance key soil processes, including nutrient cycling, organic matter turnover, and plant-microbe symbioses and interactions, ultimately supporting more resilient crops against environmental stresses.

In contrast, systems characterized by frequent soil disturbance, reduced organic inputs, and a focus on short-term yield often show signs of microbial stress, lower enzymatic activity, and diminished ecological function. Such outcomes underscore the importance of soil and plant management, not merely in terms of input use, but in shaping the biological and structural integrity of the soil itself.

By examining these dynamics through a multidisciplinary lens, we provide evidence that managing soils as living ecosystems, rather than as inert growing media, can significantly improve both agronomic outcomes and environmental sustainability. This talk will highlight the mechanisms through which agroecosystem management influences microbial-plant interactions and argue for a paradigm shift toward a multifunctional and regenerative concept of agriculture, following a "one-health" approach.

Mikrobiom nasion: jego złożoność, znaczenie w życiu roślin i możliwe zastosowania

Jaco Vangronsveld

Centre for Environmental Sciences, Hasselt University, Agoralaan, building D, B-3590 Diepenbeek, Belgium; Katedra Fizjologii Roślin i Biofizyki, Instytut Nauk Biologicznych, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, 20-033 Lublin

Mikrobiom nasion, obejmujący zróżnicowaną społeczność mikroorganizmów, odgrywa kluczową rolę w zapewnianiu zdrowia, rozwoju i odporności roślin. Zróżnicowane zespoły mikroorganizmów, złożone z bakterii, grzybów i innych drobnoustrojów, są przenoszone wertykalnie z roślin macierzystych lub nabywane horyzontalnie ze środowiska. Ostatnie postępy w sekwencjonowaniu wysokoprzepustowym i analizach metagenomicznych ujawniły złożoność oraz potencjał funkcjonalny mikrobioty nasion. Wykazano, że mikrobiom ten wpływa na kiełkowanie, pobieranie składników pokarmowych, tolerancję stresu oraz odporność na choroby, co czyni go kluczowym elementem strategii zrównoważonego rolnictwa i hodowli roślin. Mechanizmy warunkujące selekcję, kolonizację i transmisję mikroorganizmów w nasionach pozostają jednak słabo poznane. Dalsze badania mające na celu poznanie ekologicznej i ewolucyjnej dynamiki mikrobiomu nasion dają szansę skutecznego wykorzystania korzystnie oddziałujących mikroorganizmów w celu poprawy wydajności upraw i wdrażania bardziej zrównoważonych praktyk rolniczych w zróżnicowanych warunkach środowiskowych.

The Seed Microbiome: Its Complexity, Significance in Plant Life and Possible Applications

The seed microbiome, comprising the diverse community of microorganisms associated with seeds, plays a critical role in plant health, development, and resilience. These microbial assemblages, including bacteria, fungi, and other microbes, are transmitted vertically from parent plants or acquired horizontally from the environment. Recent advances in high-throughput sequencing and metagenomic analyses have illuminated the complexity and functional potential of seed-associated microbiota. Studies have demonstrated that seed microbiomes influence germination, nutrient uptake, stress tolerance, and disease resistance, making them key players in sustainable agriculture and plant breeding strategies. However, the mechanisms governing microbial selection, colonization, and transmission in seeds remain poorly understood. Future research aimed at unraveling the ecological and evolutionary dynamics of the seed microbiome holds promise for harnessing beneficial microbes for developing more sustainable agricultural practices and enhancing crop performance under various environmental conditions.

Grzyby w gniazdach rudych mrówek leśnych *Formica polyctena*

Marta Wrzosek, Igor Siedlecki

Ogród Botaniczny, Uniwersytet Warszawski, Al. Ujazdowskie 4, 00-478 Warszawa
ma.wrzosek@uw.edu.pl

Rude mrówki leśne należące do rodzaju *Formica* przekształcają biocenozy lasów strefy umiarkowanej wpływając bezpośrednio lub pośrednio na zdrowie roślin poprzez ograniczanie obecności szkodników lasu oraz na obecność niektórych zwierząt, zarówno kręgowych jak i bezkręgowych. Silny wpływ na otoczenie jest przyczyną nazwania ich inżynierami środowiskowymi. Badania mykobioty mrowisk, powierzchni ciała mrówek i zawartości kieszonek policzkowych robotnic pozwoliły na scharakteryzowanie grzybów stale towarzyszących mrówkom, umożliwiły wskazanie jak środowisko zewnętrzne odzwierciedla mykobiom mrówczy oraz umożliwiły opis nowych gatunków dla nauki. Mykobiom kieszonek policzkowych robotnic okazał się zróżnicowany i bogaty, znacznie bardziej zmienny niż bakteriom. Około 30% grzybów, których obecność została wykazana w peletach z kieszonek policzkowych to grzyby związane z sosną. *Aegeritella superficialis* – grzyb pospolicie znajdowany na pancerzu mrówek jest grzybem sadzakowym związanym ze spadzią mszyc. Wykazano ponadto, że mrowiska są wyspami środowiskowymi sprzyjającymi rozwojowi grzybów pleśniakowych wykazujących wspólne cechy morfologiczne – tworzenie ryzoidów i stolonów.

Fungi in Mounds of Red Wood Ants *Formica polyctena*

Red wood ants, belonging to the genus *Formica*, transform the biocoenoses of temperate forests, directly or indirectly affecting plant health by limiting the presence of forest pests and certain animals, including both vertebrates and invertebrates. Their strong impact on the environment is the reason why they are called environmental engineers. Studies of the mycobiota of mounds, the surface of ants' bodies, and the contents of workers' infrabuccal pockets have made it possible to characterize the fungi that constantly accompany ants, to show how the external environment reflects the ant mycobiome, and to describe new species for science. The mycobiome of the workers' infrabuccal pockets proved to be diverse and rich, much more variable than bacteriom. About 30% of the fungi found in infrabuccal pellets are fungi associated with pine trees. *Aegeritella superficialis*, a fungus commonly found on the exoskeleton of ants, is a sooty mould associated with aphid honeydew. It has also been demonstrated that mounds serve as environmental islands, fostering the development of mucoralean fungi characterized by common morphological features, including the formation of rhizoids and stolons.



Referaty



Bioróżnorodność zespołów mikroorganizmów ryzosferowych w kontekście akumulacji cynku przez metalofity z rodzaju *Arabidopsis* w glebie skażonej nanocząstkami ZnO

Sławomir Borymski, Wiktoria Paliga, Anna Markowicz, Krzysztof Sitko,
Sławomir Sułowicz

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

Rosnące zapotrzebowanie na produkty rolne prowadzi do intensywnego stosowania pestycydów i środków wspomagających wzrost roślin, w tym preparatów nowej generacji, których działanie opiera się na wykorzystaniu nanocząstek. Te nowoczesne preparaty, choć skuteczniejsze w niższych stężeniach, mogą kumulować się w glebie i oddziaływać niekorzystnie na mikroorganizmy, takie jak bakterie i grzyby.

Celem badań była ocena wpływu nanocząstek ZnO_{10-30nm} na mikroorganizmy ryzosferowe z zastosowaniem sekwencjonowania krótkich odczytów oraz ocena zdolności roślin *A. halleri* i *A. arenosa* do pobierania cynku z nanocząstek. Eksperyment prowadzono przez 60 dni na glebie rolniczej skażonej ZnO_{10-30nm} w trzech stężeniach 500, 1000 i 2500 mg/kg.

Stężenie 500 mg/kg sprzyjało wzrostowi roślin, zwłaszcza *A. halleri*, która lepiej akumulowała cynk. Rośliny nie miały jednak istotnego wpływu na usunięcie nanocząstek z gleby. Wyższe stężenia ZnO_{10-30nm} obniżały jednak bioróżnorodność mikroorganizmów, co potwierdza potencjalnie toksyczne działanie nanocząstek tlenku cynku na zespoły mikroorganizmów glebowych.

Biodiversity of Rhizosphere Microbial Communities in the Context of Zinc Accumulation by *Arabidopsis* Metallophytes in Soil Contaminated with ZnO Nanoparticles

The growing demand for agricultural products has led to the intensified use of pesticides and plant growth stimulants, including new-generation, nanoparticle-based products. These nanoformulated compounds, although effective at lower concentrations, may accumulate in soil over time and adversely affect microorganisms, such as bacteria and fungi.

The aim of the study was to assess the impact of ZnO_{10-30nm} nanoparticles (ZnO NPs) on rhizosphere microorganisms using short-reads sequencing, and to evaluate the ability of *A. halleri* and *A. arenosa* to accumulate zinc from the ZnO NPs. The experiment was conducted over 60 days using agricultural soil contaminated with three concentrations: 500, 1000, and 2500 mg/kg of ZnO NPs.

The 500 mg/kg of ZnO NPs promoted plant growth, especially *A. halleri*, which also demonstrated higher capacity for zinc accumulation. However, the plants did not significantly contribute to the removal of nanoparticles from soil. Higher ZnO NPs concentrations reduced microbial biodiversity, confirming the potentially toxic effects of zinc oxide nanoparticles on soil microbial communities.

Interakcje roślin z mikroorganizmami i ich konsekwencje dla adaptacji roślin do środowiska

Agnieszka Domka^{1,2}, Maciej Gustab¹, Roman Jędrzejczyk¹, Rafał Ważny¹,
Weronika Kosowicz^{1,3}, Piotr Rozpądek¹

¹ Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński, Gronostajowa 7A,
30-387 Kraków, Polska

² Instytut Botaniki Polskiej Akademii Nauk im. W. Szafera, Lubicz 46, 31-512 Kraków, Polska

³ Uniwersytet Jagielloński, Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych, Łojasiewicza 11,
30-348 Kraków, Polska

Mikrobiota roślin odgrywa ważną rolę w adaptacji do stresu środowiskowego, jednak mechanizmy tych interakcji są wciąż słabo poznane. Choć wiadomo, że mikroorganizmy wpływają na biodostępność metali w ryzosferze, ich bezpośredni wpływ na mechanizmy poboru i dystrybucji metali przez rośliny pozostaje niejasny.

W badaniu porównano wpływ syntetycznych społeczności mikroorganizmów na pobieranie niklu przez *Odontarrhena chalcidica* (hiperakumulator Ni) i pseudometalofita *Arabidopsis arenosa*. Wykazano, że mikroorganizmy wspierają adaptację głównie poprzez oddziaływanie na mechanizmy tolerancji metali, a nie przez zmianę dostępności Ni w glebie. *O. chalcidica* osiągała potencjał hiperakumulacji tylko w obecności odpowiednio dobranej mikrobioty, niezależnie od jej właściwości stymulujących wzrost. Mikrobiota badanych roślin była odmienna.

*Badania były finansowane z grantów NCN: OPUS 2023/49/B/NZ9/01904,
2021/43/B/NZ9/03034, 2019/33/B/NZ9/01372*

Interactions Between Host Plants and Microbial Communities: Implications for Environmental Adaptation

Plant-associated microbiota are key to plant adaptation to environmental stress, yet the mechanisms remain poorly understood. It is unclear whether microbial communities act similarly across species or trigger species-specific responses. Although microbes influence metal bioavailability in the rhizosphere, their direct role in plant physiological adaptation is less explored.

This study investigated the effects of synthetic microbial communities on nickel uptake in the hyperaccumulator *Odontarrhena chalcidica* and the metal-excluder *Arabidopsis arenosa*. We hypothesized that microbes aid metal adaptation mainly by enhancing plant tolerance mechanisms rather than altering soil metal levels. *O. chalcidica* reached full hyperaccumulation only with a compatible microbiome, regardless of microbial growth-promotion traits. Microbes that enhanced Ni uptake did not change soil Ni levels. Each species assembled distinct microbial communities, with *O. chalcidica* being more selective.

*The research was funded by NCN grants: OPUS 2023/49/B/NZ9/01904,
2021/43/B/NZ9/03034, 2019/33/B/NZ9/01372*

Tailocyny jako precyzyjna broń w rywalizacji między bakteriami - model patogenów roślin z rodziny *Pectobacteriaceae*

D. M. Krzyżanowska¹, M. Borowicz², M. Sobolewska², R. Czajkowski²

¹Zakład Mikrobiologii Roślin; ²Zakład Badania Związków Biologicznie Czynnych, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG i GUMed, Uniwersytet Gdański
dorota.krzyzanowska@ug.edu.pl

Tailocyny to nanostruktury przypominające ogonki fagowe, produkowane przez bakterie w celu specyficznego zabijania wybranych, zazwyczaj blisko spokrewnionych szczepów. Geny tailocyn są zlokalizowane w regionach profagowych, które utraciły zdolność do kodowania aktywnych wirionów. W naszych badaniach wykorzystujemy patogeny roślin z rodziny *Pectobacteriaceae* (SRP – Soft Rot *Pectobacteriaceae*) jako model do badania tailocyn. Odkryliśmy i szczegółowo scharakteryzowaliśmy nową tailocynę typu R o nazwie P2D1, produkowaną przez szczep *Dickeya dadantii* 3937 i przypominającą strukturą ogon bakteriofaga P2. Zidentyfikowaliśmy klaster genowy kodujący cząsteczki P2D1, zbadaliśmy ich morfologię, stabilność, a także warunki i dynamikę indukcji ich syntezy. Na podstawie macierzy wzajemnych interakcji badanych w dużej grupie szczepów SRP wykazaliśmy, że poszczególne szczepy mogą wybiórczo zabijać inne, a w niektórych przypadkach aktywność ta ma charakter wzajemny. Tailocyny wykryto również w zakażonych tkankach roślin, co wskazuje na ich potencjalną rolę w przebiegu infekcji bakteriami SRP i rywalizacji bakterii w środowisku.

Finansowanie: NCN, SONATA BIS 10 (2020/38/E/NZ9/00007), R. Czajkowski

Tailocins as Precision Weapons in Bacterial Competition: a Model Based on Plant Pathogens from the *Pectobacteriaceae* Family

Tailocins are phage tail-like nanostructures produced by bacteria to selectively kill specific, usually closely related strains. The genes responsible for their production are located within prophage regions that have lost the ability to encode complete virions. In our research, we use plant pathogenic bacteria from the *Pectobacteriaceae* family (SRP – Soft Rot *Pectobacteriaceae*) as a model to study tailocins. We discovered and thoroughly characterised a novel R-type tailocin, named P2D1, produced by *Dickeya dadantii* 3937 and structurally resembling the tail of bacteriophage P2. We identified the gene cluster responsible for P2D1 biosynthesis, examined the morphology and stability of the particles, and investigated the conditions and dynamics of their induction. Based on a matrix of reciprocal interactions among a large panel of SRP strains, we demonstrated that individual strains can selectively kill others, with some exhibiting mutual (bilateral) activity. Tailocin particles were also detected in infected plant tissues, suggesting a potential role in SRP infections and bacterial competition within the environment.

Presenting author: Dorota M. Krzyżanowska, dorota.krzyzanowska@ug.edu.pl
Funding: NCN, SONATA BIS 10 (2020/38/E/NZ9/00007), PI: R. Czajkowski

Zintegrowany metabarcoding środowiskowy w badaniach bioróżnorodności mikroorganizmów

Agnieszka Kuźniar¹, Anna Kruczyńska¹, Angelika Kliszcz², Weronika Goraj¹,
Artur Banach¹, Tomasz Lenard¹, Marcin Skowronek¹, Anna Sochaczewska¹,
Jacek Podlewski³, Andrzej Słomczewski³, Wolińska Agnieszka¹, Sara Jurczyk¹,
Anna Marzec-Grządziel⁴, Rafał Łopucki¹

¹ Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ² Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja
w Krakowie, ³ CGFP Sp. z o.o., ⁴ Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa
Państwowy Instytut Badawczy

Obecnie badania bioróżnorodności mikroorganizmów coraz częściej opierają się na nowoczesnych technikach molekularnych, spośród których kluczowe miejsce zajmuje metabarcoding środowiskowy. Monitorowanie bioróżnorodności za pomocą markerów genetycznych, m.in. 16S rRNA, 18S rRNA i ITS, jest nowoczesnym narzędziem umożliwiającym kompleksową identyfikację i charakterystykę mikroorganizmów w różnych typach środowisk. Dodatkową wartość poznawczą ma zastosowanie zintegrowanego podejścia do analizy bioróżnorodności. Takie podejście może umożliwić na przykład identyfikację zmian w strukturze mikrobioty w odpowiedzi na praktyki rolnicze w różnych niszach ekologicznych agroekosystemu. W ramach takiej oceny mikrobioty pochodzącej ze zróżnicowanych matryc większą uwagę zwraca się na taksony generalistyczne, które są szeroko rozpowszechnione, elastyczne ekologicznie i zdolne do funkcjonowania w zróżnicowanych warunkach środowiskowych. Nie pomija się także taksonów rzadkich, będących rezerwuarem różnorodności i odporności mikrobioty na zaburzenia środowiskowe. Zastosowanie zintegrowanego podejścia może wnieść nową wiedzę dotyczącą roli mikroorganizmów we wspieraniu produktywności gleb, zdrowia roślin oraz stabilności ekosystemu.

Badania finansowane przez CGFP Sp. zoo w ramach umowy UZWNSINZ/2024/10/3.

Interactive Environmental Metabarcoding in Microbial Biodiversity Research

Nowadays, the study of microbial biodiversity is increasingly based on advanced molecular techniques, of which environmental metabarcoding occupies a key place. It is important that biodiversity monitoring offers a unique approach to assessing diversity by analysing genetic markers, e.g. 16S rRNA, 18S rRNA, ITS. This is a state-of-the-art tool for comprehensive identification and characterisation of microorganisms in different types of environments. We propose the use of an integrated approach to analyse biodiversity in the agroecosystem, which makes it possible to identify changes in microbiota structure in response to agricultural practices in different ecological niches of the ecosystem. In assessing the quality of the ecosystem microbiota from diverse matrices, we analyse generalist taxa that are widely distributed, ecologically flexible and able to function under diverse environmental conditions, but also rare taxa as a reservoir of diversity and resilience of the microbiota to environmental perturbations.

In conclusion, the use of an integrated approach is important from the point of view that in agroecosystems, microorganisms perform key functions to support soil productivity, plant health and ecosystem stability.

This research financed by CGFP Sp. zoo under contract UZWNSINZ/2024/10/3.

Mikrobiom bakteryjny koniczyny białej (*Trifolium repens* L.) rosnącej na 130-letniej hałdzie Zn-Pb-Cd w południowej Polsce

Ewa Oleńska¹, Wanda Małek², Anna Gałązka³, Małgorzata Woźniak³, Sofie Thijs⁴, Małgorzata Wójcik², Jaco Vangronsveld^{2,4}

¹ Katedra Mikrobiologii i Biotechnologii, Wydział Biologii, Uniwersytet w Białymstoku, Białystok

² Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Skłodowskiej Curie w Lublinie

³ Zakład Mikrobiologii, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

⁴ Faculty of Sciences, Centre for Environmental Sciences, Hasselt University, Diepenbeek, Belgium

Ponadnormatywne stężenia cynku (Zn), ołowiu (Pb) oraz kadmu (Cd) w przemysłowym „starej”, około 130-letniej hałdy Bolesław Olkuskiego Okręgu Rudnego są czynnikiem selekcji działającym na tym obszarze. Mikroorganizmy zaadaptowane do warunków panujących na hałdzie mogą stanowić potencjalne narzędzie do zastosowania w bioremediacji czy biogórnictwie. Celem pracy było określenie zawartości metali w przemysłowym, ocena parametrów chemicznych i aktywności metabolicznej mikrobioty glebowej oraz identyfikacja hodowalnego i niehodowalnego mikrobiomu bakteryjnego ryzosfery oraz tkanek wegetatywnych koniczyny białej rosnącej na hałdzie Bolesław. Analiza zawartości metali (ICP-MS) wykazała istotnie wyższą zawartość, głównie Zn, Pb i Cd w przemysłowym hałdy Bolesław w porównaniu do gleby stanowiska referencyjnego, odwrotną zależność zaobserwowano w odniesieniu do zawartości azotu. Aktywność enzymatyczna, metaboliczna (BIOLOG) oraz poziom bioróżnorodności mikrobioty przemysłowego hałdy była istotnie niższa w odniesieniu do próby pochodzącej ze stanowiska referencyjnego.

Bacterial Microbiome of White Clover (*Trifolium repens* L.) Growing on the 130-yrs-old Zn-Pb-Cd Waste Heap in Southern Poland

Above normative concentrations of zinc (Zn), lead (Pb), and cadmium (Cd) in soil of 130-yrs-old Bolesław waste heap located in Olkusz Ore Region act as the selective factor on this area. Microorganisms adapted to such difficult conditions may serve as a potential tool in bioremediation and/or biomining. The aim of the work was to determine the soil metal concentrations, evaluation of soil chemical parameters as well as metabolic activity of soil microbiota and identification of cultivable and uncultivable bacterial microbiome of rhizosphere and tissues of white clover growing on Bolesław waste heap. Metal concentration analysis (ICP-MS) showed significantly higher Zn, Pb, and Cd concentrations in waste heap soil in compare with reference one; an opposite relationship was observed in nitrogen concentrations. An enzymatic soil activity, bacteria metabolic activity (BIOLOG) and the biodiversity level was significantly lower in the waste heap sample in comparison with the sample of the reference origin.

Analiza genomów bakterii endofitycznych opornych na Cd i ich wpływ na morfologię korzeni pomidorów

Małgorzata Pawlik¹, Kinga Bondarczuk², Magdalena Noszczyńska¹, Alicja Cwajna¹, Zofia Piotrowska-Seget¹

¹ Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk Przyrodniczych, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska; ² Uniwersytet Medyczny w Białymstoku, Centrum Bioinformatyki i Analizy Danych

Przeprowadzono sekwencjonowanie całego genomu bakterii endofitycznych opornych na kadm *Paenarthrobacter* sp. AS8 i *Pseudomonas* sp. HS4. W badaniach hydroponicznych wykazano, że endofity te wspomagają wzrost, zwiększają powierzchnię oraz liczbę korzeni bocznych pomidorów. Jednak zastosowanie tych bakterii w układzie z kadmem spowodowało znaczny spadek biomasy roślin. Uzyskane dane sekwencjonowania pozwoliły zidentyfikować klastry genów biorące udział w metabolizmie fosforanów, wiązaniu azotu, produkcji amoniaku, sideroforów i IAA, tworzeniu biofilmu, oraz geny kodujące hydrolazy i biosyntezy trehalozy. Wyniki te są punktem wyjścia do zrozumienia złożonej i wieloaspektowej interakcji roślina-endofit. Ponadto, otwierają drogę do dokładniejszego zbadania potencjalnych zastosowań biotechnologicznych bakterii endofitycznych.

Badanie zostało zrealizowane w ramach grantu otrzymanego przez Małgorzatę Pawlik i Magdalenę Noszczyńską ufundowanego przez Dziekana Wydziału Nauk Przyrodniczych Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach w 2022 roku

Genome Analysis of Cd-Resistant Endophytic Bacteria and Their Impact on Tomato Root Morphology

The whole genome sequencing of cadmium-resistant endophytic bacteria *Paenarthrobacter* sp. AS8 and *Pseudomonas* sp. HS4 was performed. In hydroponic studies, these endophytes were shown to promote growth, increase the surface area and number of lateral roots of tomatoes. However, the use of these bacteria in the cadmium treatment resulted in a significant decrease in plant biomass. The obtained sequencing data allowed to identify gene clusters involved in phosphate metabolism, nitrogen fixation, ammonia, siderophore and IAA production, biofilm formation, and genes encoding hydrolases and trehalose biosynthesis. These results are a starting point for understanding the complex and multifaceted plant-endophyte interaction. Furthermore, they pave the way for a more detailed investigation of the potential biotechnological applications of endophytic bacteria.

This study was supported by grant received by Małgorzata Pawlik and Magdalena Noszczyńska funded by the Dean of Faculty of Natural Sciences, University of Silesia in Katowice in 2022

Wpływ zanieczyszczeń chemicznych na mikrobiotę piasku plaż Morza Bałtyckiego

Marta Potrykus¹, Monika Kurpas², Grażyna Gałęzowska³

¹ Zakład Badania Związków Biologicznie Czynnych, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, Uniwersytet Gdański (UG), Gdańsk, Polska

² Katedra Immunobiologii i Mikrobiologii Środowiska, WNoZ, Gdański Uniwersytet Medyczny (GUMed), Gdańsk, Polska

³ Katedra Technologii w Inżynierii Środowiska, WILiŚ, Politechnika Gdańska, Gdańsk, Polska

Jakość wody w miejscach przeznaczonych do rekreacji jest stale monitorowana. Jednak, turyści, w tym dzieci, mogą spędzać więcej czasu w kontakcie z samym piaskiem plażowym niż z wodą. Stąd ocena jakości piasku jest równie istotna, co monitorowanie zanieczyszczeń w wodach rekreacyjnych, co obecnie nie jest wymagane przepisami prawa.

W przeprowadzonych badaniach, zebrano 20 próbek piasku plażowego z obszaru poddanego znacznej presji antropogenicznej w obrębie Trójmiasta (Zatoka Gdańska, Polska) w latach 2022–2023. Określono bioróżnorodność mikrobioty piasku z wykorzystaniem sekwencjonowania genu 16S rRNA oraz określono zanieczyszczenie chemiczne badanego piasku z wykorzystaniem chromatografii gazowej w połączeniu ze spektrometrią mas. W badanym piasku wykryto obecność zanieczyszczeń (węglowodory aromatyczne, plastyfikatory) wpływających na zdrowie człowieka. Zanieczyszczenie chemiczne piasku miało wpływ na bioróżnorodność mikrobioty, a konsorcja mikroorganizmów wykazywały specyficzność i stabilność przez cały sezon.

Badania zostały sfinansowane przez GUMed w ramach grantu Młody Twórca Nauki 71-01418 K13 oraz UG (DS 531-N104-D800-24).

Chemical Contamination Influence on Beach Sand Microbiota of the Baltic Sea

The quality of recreational water is constantly monitored. However, beachgoers, including children, may spend more time in contact with the sand than with the water. Therefore, assessing the quality of beach sand is as important as monitoring pollutants in recreational waters, and is not currently required by law. In the conducted research, 20 samples of beach sand were collected within the Tricity (Gdansk Bay, Poland) in 2022-2023. The biodiversity of the beach sand microbiota was assessed using 16S rRNA gene sequencing and the chemical contamination of sand was determined using gas chromatography with mass spectrometry. The presence of pollutants (aromatic hydrocarbons, plasticizers) affecting human health was detected in the tested sand. Chemical contamination of the sand affected the biodiversity of the microbiota, and the consortia of microorganisms showed specificity and stability throughout the season.

The study was supported by MUG as a part of the Young Science Creator grant 71-01418 K13 and UG (DS 531-N104-D800-24).

Mikroorganizmy na krawędzi limitów życia: Wgląd w mikrobiom termicznie aktywnych hałd pogórnich

Piotr Siupka¹, Ádám Nádudvari², Ian Marshall³, Tomasz Krzykowski², Hakim Rabia², Agnieszka Bylina², Leszek Marynowski², Zofia Piotrowska-Seget¹

¹ Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Śląski w Katowicach;

² Instytut Nauk o Ziemi, Uniwersytet Śląski w Katowicach, ³ Center for Electromicrobiology, Department of Bioscience, Aarhus University

Płonące hałdy pogórnice są zwałowiskami skały płonnej, które w wyniku procesów geochemicznych ulegają samozapłonowi tworząc heterogenne i ekstremalne środowisko. Poza wysoką temperaturą występuje tam wysokie zasolenie, niskie pH, wysokie stężenie metali ciężkich i toksycznych związków organicznych. Mikroorganizmy, w szczególności prokaryoty są w stanie funkcjonować w skrajnie ekstremalnych warunkach. Celem naszych badań była analiza mikrobiomu takich środowisk. Próby do badań pobrano, z miejsc o różnej charakterystyce fizykochemicznej na dwóch płonących hałd pogórnich na terenie Górnego Śląska. Analizę mikrobiomu przeprowadzono w oparciu o sekwencjonowanie *shot-gun* DNA wyizolowanego z prób. Wyniki sekwencjonowania poddano rekonstrukcji genomów opartych na metagenomie (MAGs). Następnie z wykorzystaniem narzędzi bioinformatycznych przeprowadzono analizę taksonomiczną oraz adnotację funkcjonalną uzyskanych MAGs. Uzyskane wyniki pozwoliły poznać różnorodność oraz potencjał metaboliczny mikroorganizmów obecnych w środowisku płonących hałd. Wyniki te dostarczają informacji o adaptacjach mikroorganizmów do warunków ekstremalnych oraz ich potencjale biotechnologicznym.

Badanie wsparte ze środków przyznanych w ramach programu Inicjatywa Doskonałości Badawczej Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach.

Microorganisms at the Limits of Life: Insights into Microbiome of Thermally Active Coal Waste Dumps

Smouldering coal waste dumps (SCWDs) are accumulation of waste material after mining activity, which as a result of geochemical processes underwent self-combustion leading to heterogenous and extreme environment. Beside high temperature, high salinity, low pH, high concentration of heavy metals and toxic organic compounds are common. Microorganisms, especially Prokaryotes, are able to thrive in extreme conditions. The goal of our research is to analyse microbiome of such environments. Samples for study comes from physico-chemically diverse locations at two SCWDs from Upper Silesia. Analysis of microbiome was done based on shot-gun sequencing of DNA isolated from samples. Sequencing results were processed using metagenome assembled genomes approach (MAGs). Next, MAGs were subjected to taxonomical analysis and functional annotations with use of bioinformatic tools. Obtained results provide information on microorganisms' adaptations to extreme environments as well as their biotechnological potential.

The study was supported by funds granted under the Research Excellence Initiative of University of Silesia in Katowice

Różnorodność mikrobiologiczna pokrywy śnieżnej na Spitsbergenie

Sławomir Sułowicz¹, Krzysztof Zawierucha², Anna Markowicz¹,
Krystyna Kozioł³, Wiktoria Zientak³, Adam Nawrot⁴, Krzesimir Tomaszewski⁴,
Bartłomiej Luks⁴, Catherine Larose⁵

¹ Uniwersytet Śląski w Katowicach, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Jagiellońska 28, 40-032 Katowice; e-mail: slawomir.sulowicz@us.edu.pl

² Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu; ³ Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy; ⁴ Instytut Geofizyki Polskiej Akademii Nauk, Warszawa; ⁵ University of Oslo

Pokrywa śnieżna to złożony ekosystem zasiedlany przez liczne mikroorganizmy. Jako nowo utworzone siedliska, sezonowe lądowe pokrywy śnieżne są kolonizowane z powierzchni lądowej, na której rozwija się pokrywa śnieżna, lub mikroorganizmami z bioaerozoli. W ramach badań oceniano wpływ kręgowców na tworzący się wcześniej wiosną na powierzchni śniegu zespół bakterii z wykorzystaniem sekwencjonowania krótkich odczytów genu 16S rRNA. Próbkę śniegu zostały zebrane z czterech transektów zlokalizowanych w pobliżu kolonii alczyków w pobliżu Polskiej Stacji Polarnej Hornsund na Svalbardzie. Wykazano, że dzikie zwierzęta są znaczącym źródłem drobnoustrojów kolonizujących powierzchnię śniegu, gdyż obok bakterii typowych dla próbek środowiskowych, wykryto bakterie pochodzenia zwierzęcego, w tym powiązane z mikrobiomem jelitowym. Ptaki morskie są kluczowymi organizmami kształtującymi ekosystemy lądowe w Arktyce, jednakże ich wpływ w obrębie badanych transektów był losowy, a struktura społeczności drobnoustrojów nie była związana z odległością od kolonii ptaków. Dodatkowo, pokrywę śnieżną kolonizują bakterie, których źródłem mogą być zarówno renifery, lisy czy mewy jak i prowadzący działalność naukową mieszkańcy stacji polarnej.

*Badania dofinansowane w ramach polsko-norweskiego projektu HarSval –
Dwustronna inicjatywa mająca na celu harmonizację współpracy na Svalbardzie*

Microbial Diversity of the Snowpack in Spitsbergen

Snowpacks are complex ecosystems populated by numerous microorganisms. As newly formed habitats, seasonal terrestrial snowpacks are colonized from the terrestrial surface upon which the snowpack develops or microorganisms from aerosols. This study evaluated the influence of vertebrates on the bacterial communities that form on the snow surface in early spring using 16S rRNA gene short-read sequencing. Snow samples were collected from four transects located in the vicinity of the little auk colony close to Polish Polar Station Hornsund on Svalbard. Wildlife was shown to be a significant source of microorganisms colonizing the snow surface, as bacteria of animal origin, including those associated with the gut microbiome, were detected in addition to bacteria typical of environmental samples. Seabirds are key organisms shaping terrestrial ecosystems in the Arctic; however, their influence within the studied transects was random, and the microbial community structure was not related to distance from the bird colonies. In addition, the snow cover is colonized by bacteria, the source of which can be reindeer, foxes or seagulls, as well as residents of the polar station.

*Research supported by the Polish-Norwegian project HarSval - Bilateral initiative
aiming at Harmonisation of the Svalbard cooperation*



***Referaty
Młodych
Naukowców***



Rola mikrobioty glebowej w rozwoju objawów chorobowych czarnej nóżki i mokrej zgnilizny ziemniaka - identyfikacja naturalnego antagonisty bakterii z rodzaju *Paenibacillus* sp.

Weronika Babińska-Wensierska^{1,2}, Sandra Kobierska^{1,3},
Agata Motyka-Pomagruk^{2,3}, Ewa Łojkowska³

¹ Pracownia Biochemii Fizycznej, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

² Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowe, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

³ Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

Ziemniak (*Solanum tuberosum* L.) to ważny gatunek rolniczy o istotnym znaczeniu gospodarczym na całym świecie (Birch i in., 2012). Jego uprawy są jednak poważnie zagrożone przez bakteryjne patogeny z grupy *Soft Rot Pectobacteriaceae* (SRP), w szczególności przedstawicieli rodzajów *Pectobacterium* oraz *Dickeya*, wywołując choroby takie jak czarna nóżka i mokra zgnilizna ziemniaka (Toth i in., 2021). W związku z ograniczoną skutecznością dostępnych metod ochrony roślin przed tymi patogenami rośnie znaczenie badań nad potencjałem mikrobioty glebowej do kontroli bakteryjnych chorób roślin.

Celem niniejszej pracy było zbadanie wpływu mikrobioty glebowej na rozwój objawów chorobowych czarnej nóżki i mokrej zgnilizny oraz identyfikacja mikroorganizmów o potencjale antagonistycznym wobec bakterii SRP. Do badań wybrano gleby z pól uprawnych ziemniaka, na których w ostatnich latach obserwowano sporadyczne występowanie objawów chorobowych (gleby supresyjne) oraz z pól gdzie czarna nóżka i mokra zgnilizna powodowała duże straty plonów (gleba niesupresyjna). Próbkę poddano analizie fizykochemicznej, mikrobiologicznej oraz metagenomicznej (16S rRNA). Dodatkowo w warunkach kontrolowanych porównano przeżywalność *P. atrosepticum* IFB5399 i *D. solani* IFB0099 w obu rodzajach gleby.

Analiza metagenomiczna (16S rRNA) wykazała istotne różnice w składzie mikrobioty glebowej pomiędzy glebami supresyjnymi a niesupresyjnymi. W glebach na których czarna nóżka i mokra zgnilizna występowały sporadycznie dominowały bakterie z rodzajów *Bacillus*, *Rumeliibacillus*, *Acidobacterium* oraz *Gaiella*, co wskazuje na ich potencjalny udział w naturalnym ograniczaniu rozwoju objawów chorobowych na polach uprawnych ziemniaka (Babińska-Wensierska et al., 2024). Co interesujące, nie zaobserwowano zależności między przeżywalnością patogenów z gatunków: *P. atrosepticum* i *D. solani* a rodzajem gleby, w której je inkubowano. Spośród 132 szczepów bakteryjnych wyizolowanych z analizowanych próbek gleby, dwa szczepy *Paenibacillus* sp. IFB9049 i IFB9050 wykazały aktywność antagonistyczną wobec patogenów z grupy SRP. Wyniki te wskazują na potencjał bakterii z rodzaju *Paenibacillus* sp. jako kandydatów do biologicznej ochrony roślin ziemniaka przed patogenami z rodzajów *Dickeya* i *Pectobacterium*.

Badania te stanowią podstawę do dalszej eksploracji właściwości mikroorganizmów glebowych i ich wykorzystania w strategiach zrównoważonej ochrony upraw ziemniaka przed patogenami z grupy SRP.

Źródło finansowania: Narodowe Centrum Nauki, Preludium 2022/45/N/NZ9/01923

The Role of the Soil Microbiota in the Development of Blackleg and Soft Rot Symptoms in Potato – an Identification of a Natural Antagonist Bacteria from the Genus *Paenibacillus* sp.

Potato (*Solanum tuberosum* L.) is a key agricultural crop of significant economic importance worldwide (Birch et al., 2012). Its cultivation is seriously threatened by bacterial pathogens from the *Soft Rot Pectobacteriaceae* (SRP) group, primarily *Pectobacterium* spp. and *Dickeya* spp., which are responsible for the development of blackleg and soft rot symptoms (Toth et al., 2021). In light of the limited efficacy of currently available plant protection methods against these pathogens, the potential of soil microbiota to naturally suppress disease development has become an increasingly important area of research.

The aim of this study was to investigate the role of soil microbiota in the development of blackleg and soft rot symptoms and to identify microorganisms with antagonistic potential against SRP bacteria. Soils collected from potato fields that displayed natural resistance (suppressible soils) or susceptibility (non-suppressible soils) to blackleg and soft rot were subjected to physicochemical, microbiological, and metagenomic (16S rRNA) analysis. Additionally, the survival of *Pectobacterium atrosepticum* IFB5399 and *Dickeya solani* IFB0099 in both soils was compared in controlled conditions.

The 16S rRNA metagenomic analysis revealed significant differences in the composition of soil microbiota between suppressible and non-suppressible soils. Bacteria from the genera *Bacillus*, *Rumeliibacillus*, *Acidobacterium* and *Gaiella* dominated in soils associated with a low incidence of infection, suggesting their potential role in the natural suppression of blackleg and soft rot symptoms (Babinska-Wensierska et al., 2024). Interestingly, no correlation was observed between survival of *P. atrosepticum* and *D. solani* and soil type in which they were incubated. Among the 132 bacterial isolates obtained from the soil samples, two strains of *Paenibacillus* sp. (IFB9049 and IFB9050) demonstrated antagonistic activity against SRP pathogens. These findings highlight the potential of *Paenibacillus* sp. as a candidate for the biological control of soft rot and blackleg diseases on potato.

This research lays the groundwork for further exploration of soil microbial communities and their application in sustainable protection of potato against SRP pathogens.

*This research was funded by the National Science Centre, Preludium
2022/45/N/NZ9/01923*

Pułapki w interpretacji sieci współwystępowania drobnoustrojów

Maksymilian Chmielewski¹, Jakub Kuncewicz²

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

² Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu Wydział Nauk Geograficznych i Geologicznych Zakład Teledetekcji Środowiskowej i Gleboznawstwa

Coraz częściej używanym narzędziem do modelowania mikrobiomów są sieci współwystępowania, budowane na podstawie sekwencjonowania metabarkodów. Interpretacja tych grafów wymaga uwagi oraz ostrożności, gdyż są to złożone obiekty matematyczne, których charakterystyka pociąga za sobą zestaw trudności oraz pułapek. Przedstawimy możliwości analizy pojedynczych węzłów (gatunków) oraz relacji między nimi. Opiszemy także metody wyłaniania grup gatunków i próby interpretacji znaczenia takich grup wynikające z różnic metodycznych. Metody matematyczne do analizy grafów pozwalają na parametryzację konkretnych cech topologii tych obiektów. Trudnością w użyciu tych parametrów jest określenie znaczenia biologicznego przypisanych im wartości. Ważnym jest dobranie odpowiednich metod do budowania grafów, dostosowując je do charakterystyki badań metagenomicznych. Dodatkowo przedstawimy możliwość wykorzystania innych metod molekularnych jako źródła danych, między innymi opartych o PCR.

*Finasowane ze środków grantu UAM IDUB „Study@Research” –
155/34/UAM/0002*

Pitfalls in Microbial Co-occurrence Network Interpretation

An increasingly used tool for modeling microbiomes are co-occurrence networks, built on the basis of metabarcoding sequencing. Interpretation of these graphs requires attention and caution, as they are complex mathematical objects whose characterization entails a set of difficulties and pitfalls. We will present possibilities for analyzing individual nodes (species) and the relationships between them. We will also describe methods for the emergence of groups of species and attempts to interpret the meaning of such groups resulting from methodological differences. Mathematical methods for analyzing graphs allow parameterization of specific features of the topology of these objects. The difficulty in using these parameters is determining the biological significance of the values assigned to them. It is important to select appropriate methods for building graphs, adapting them to the characteristics of metagenomic studies. In addition, we will present the possibility of using other molecular methods as a source of data, including those based on PCR.

*Founded from „Study@Research” Adam Mickiewicz University IDUB grant –
155/34/UAM/0002*

Wróg czy przyjaciel – reakcja społeczności bakterii metanotroficznych występujących w glebach rolniczych na glifosat

Adam Furtak¹, Anna Szafranek-Nakonieczna², Anna Pytlak¹

¹ Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk,

² Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II,

Metan (CH₄) będąc drugim po ditlenku węgla odpowiada za około 20% efektu cieplarnianego, a jego stężenie w atmosferze systematycznie rośnie. Jednym z biologicznych źródeł CH₄ są organizmy metanogeniczne występujące m.in. w glebach. Jednakże, poprzez utlenianie CH₄ *in situ*, aktywność metanogenów jest w znacznym stopniu ograniczana przez metanotrofy niskiego powinowactwa. W wyniku działalności rolniczej, mikroorganizmy glebowe wliczając metanotrofy są narażane na działanie m.in. herbicydów takich jak glifosat (GF). Ze względu na szybką biodegradację i sorpcję w glebie, GF był powszechnie uważany za bezpieczny. Jednakże ze względu na postępującą intensyfikację rolnictwa, jego dawkowanie znacząco rośnie. Ze względu na właściwości fizykochemiczne i biologiczne GF, może on negatywnie oddziaływać na aktywność i społeczność metanotroficzną w glebie. W niniejszej pracy przedstawiono wpływ GF na tempo utleniania CH₄ w glebie oraz skład społeczności mikroorganizmów ze szczególnym uwzględnieniem metanotrofów. W pracy wyszczególniono możliwe mechanizmy wrażliwości i odporności bakterii metanotroficznych na GF.

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

Friend or Foe – the Reaction of Methanotrophic Communities of Agricultural Soils to Glyphosate

After carbon dioxide, methane (CH₄) is responsible for approximately 20% of the greenhouse effect and its atmospheric concentration is constantly increasing. One of the biological sources of CH₄ are methanogenic organisms found, for example, in soils. However, the activity of methanogens is significantly limited by the *in situ* CH₄ oxidation by low affinity methanotrophs. As a result of agricultural activities, soil microorganisms, including methanotrophs, are exposed to herbicides such as glyphosate (GF). Due to the rapid biodegradation and sorption of GF in soil, this compound was generally considered safe. However, with the intensification of agriculture, its application rates and frequency are increasing considerably. Due to the physicochemical and biological properties of GF, this compound can negatively affect the methanotrophic activity and community in the soil. This study presents the effect of GF on the rate of CH₄ oxidation and composition of soil microbiota with particular attention paid to methanotrophs. Impact mechanisms of GF on methanotrophs as well as their defence mechanisms are also discussed.

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

Trzy enzymy – dwie reakcje: analizy funkcjonalne trzech glikozylotransferaz w kontekście biosyntezy złożonego egzopolisacharydu rizobiów

Aleksandra Horbowicz-Teresińska, Martyna Moryl, Małgorzata Marczak

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

Synteza egzopolisacharydu (EPS) w *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* to proces wieloetapowy, kontrolowany przez liczne enzymy odpowiedzialne za biosyntezę i modyfikację łańcucha cukrowego. W prezentowanym badaniu skoncentrowano się na roli trzech glikozylotransferaz – PssG, PssH i PssI. Skonstruowano dwa podwójne mutanty: $\Delta pssG\Delta pssH$ oraz $\Delta pssH\Delta pssI$ i porównano ich fenotypy z mutantem $\Delta pssG\Delta pssI$, szczepami komplementowanymi oraz szczepem dzikim. Przeprowadzono analizę ilościową produkowanego EPS, oceniono tempo wzrostu bakterii na podłożach pełnym i minimalnym oraz efektywność nawiązywania symbiozy z koniczyną. Rozdział EPS mutantów metodą chromatografii żelowej (SEC) ujawnił różnice w masach cząsteczkowych polisacharydów, a zastosowanie rekombinowanej depolimerazy pochodzącej z faga $\Phi 7B$, którą nakraplano na murawki bakteryjne, wykazało różną efektywność trawienia EPS mutantów do oligosacharydów, co może wskazywać na różnice w budowie łańcucha bocznego podjednostki (ilość reszt cukrowych i modyfikacji podstawnikami niecukrowymi). Specyficzność substratową glikozylotransferaz badano z wykorzystaniem zestawu UDP-Glo™ Glycosyltransferase Assay.

Three Enzymes – Two Reactions: Functional Analyses of Three Glycosyltransferases in the Context of Complex Rhizobial Exopolysaccharide Biosynthesis

The synthesis of exopolysaccharide (EPS) in *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* is a multistep process regulated by numerous enzymes involved in the biosynthesis and modification of the sugar chain. This study focused on the role of three glycosyltransferases – PssG, PssH, and PssI. Two double mutants, $\Delta pssG\Delta pssH$ and $\Delta pssH\Delta pssI$, were constructed, and their phenotypes were compared with those of the $\Delta pssG\Delta pssI$ mutant, complemented strains, and the wild-type strain. Quantitative analysis of EPS production was performed, as well as growth rate evaluation on complete and minimal media, and assessment of symbiotic efficiency with clover. Size exclusion chromatography (SEC) of EPS revealed differences in the molecular weights of the polysaccharides, and the use of a recombinant depolymerase derived from bacteriophage $\Phi 7B$, spotted onto bacterial lawns, showed varying efficiency of EPS digestion into oligosaccharides. This may indicate differences in the structure of the side chain of the repeating unit (such as the number of sugar residues and the presence of non-sugar substituent modifications). The substrate specificity of the glycosyltransferases was analyzed using the UDP-Glo™ Glycosyltransferase Assay.

Porównanie struktury bakteriobiomów osadów dennych zbiorników wodnych o różnym stopniu zanieczyszczenia na terenie Górnego Śląska

Daria Kaim, Izabela Potocka, Franco Magurno, Zofia Piotrowska-Seget,
Piotr Siupka

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

Osady dennie zbiorników wodnych stanowią środowisko bogate w mikroorganizmy o zróżnicowanej aktywności metabolicznej. Mikroorganizmy obecne w osadach biorą udział w obiegu materii organicznej i pierwiastków w przyrodzie. Struktura i aktywność społeczności mikroorganizmów w osadach dennych są modulowane przez czynniki środowiskowe, w tym poziom zanieczyszczenia. Celem naszych badań była analiza porównawcza struktury bakteriobiomu osadów dennych zbiorników wodnych zlokalizowanych na terenie Górnego Śląska, charakteryzujących się różnym stopniem zanieczyszczenia. Próby do badań zostały pobrane z trzech zbiorników wodnych. Analizę struktury mikrobiomu przeprowadzono w oparciu o sekwencjonowanie fragmentu V3-V4 genu 16S rRNA z DNA wyizolowanego z pobranych osadów. Uzyskane sekwencje poddano analizie struktury bakteriobiomu oraz przewidywaniu obecności szlaków metabolicznych przy użyciu pakietów Qiime2 i PICRUST2. Przeprowadzono także analizę bakterii filamentowych obecnych w osadach z zastosowaniem technik mikroskopowych. Uzyskane wyniki pozwoliły na poznanie wpływu zanieczyszczeń na bakteriobiom osadów dennych, co ma znaczenie w kontekście biogeochemii i ekologii zbiorników wodnych terenów przemysłowych.

Comparative Analysis of Bacteriobiome Structures in Bottom Sediments of Water Reservoirs with Varying Pollution Levels in Upper Silesia

Bottom sediments are an environment rich in microorganisms with diverse metabolic activity. These microorganisms play a crucial role in cycling of organic matter and elements in nature. The structure and activity of sediment microbial communities are influenced by the environmental factors, including pollution levels. The goal of our research was to perform a comparative analysis of bacteriome structure in the bottom sediments from several water reservoirs located in Upper Silesia region, each characterized by a different degree of pollution. Sediment samples were collected from three reservoirs. Bacteriobiome structure was analyzed based on sequencing of the V3-V4 region of the 16S rRNA gene from DNA extracted from the samples. The resulting sequences were used to analyze bacteriobiome structure and make prediction on abundance of metabolic pathways using the Qiime2 and PICRUST2 packages. Additionally, filamentous bacteria present in the sediments were examined using microscopic techniques. The result provided insight into the impact of pollution on the sediment bacteriobiome, which is important in context of biogeochemistry as well as ecology of aquatic ecosystems in industrial areas.

Zastosowanie metod biologii molekularnej w badaniu mechanizmów adhezji u bakterii z rodzaju *Ochrobactrum*

Aleksandra Karpińska¹, Marcin Borowicz^{1,2}, Dorota M. Krzyżanowska¹, Sylwia Jafra¹, Erwan Gueguen³, Marta Fiołka⁴

¹Laboratory of Plant Microbiology, Intercollegiate Faculty of Biotechnology of the University of Gdansk and the Medical University of Gdansk, University of Gdansk, Gdansk, Poland;

²Laboratory of Biologically Active Compounds, Intercollegiate Faculty of Biotechnology of the University of Gdansk and the Medical University of Gdansk, University of Gdansk, Gdansk, Poland; ³Laboratoire Microbiologie, Adaptation et Pathogénie, Université Claude Bernard Lyon 1; ⁴Department of Immunobiology, Curie-Skłodowska University, Lublin, Poland

Celem badań jest poznanie determinantów molekularnych odpowiadających za adhezję do powierzchni u bakterii z rodzaju *Ochrobactrum* z wykorzystaniem szczepów *O. anthropi* ATCC49188 oraz *O. quorumnocens* A44 jako modeli badawczych. Istotnym aspektem badań jest podkreślenie różnic między mechanizmami kolonizacji powierzchni biotycznych i abiotycznych.

Otrzymanie biblioteki mutantów transpozonowych i przeprowadzenie badań przesiewowych pozwoli wyłonić mutanty różniące się pod względem zdolności kolonizacji powierzchni, aby następnie poddać je sekwencjonowaniu. Z kolei uzyskanie celowanych mutantów delecyjnych, pozbawionych genów wybranych na podstawie literatury, pozwoli na szczegółowe zbadanie roli tych genów w adhezji. W toku badań udało się zoptymalizować narzędzia molekularne do pracy na *Ochrobactrum* – wektor samobójczy do utworzenia mutantów delecyjnych oraz wektor do ekspresji, który zostanie użyty do komplementacji fenotypowej tych mutantów. Liczymy, że wyniki naszych badań pozwolą na lepsze zrozumienie mechanizmów adhezji u Alfabroteobakterii, a opracowane przez nas narzędzia będą przydatne w przyszłych badaniach nad *Ochrobactrum*.

Application of Molecular Biology Methods in Studying Adhesion Mechanisms in *Ochrobactrum* spp.

This study aims to identify molecular determinants associated with bacterial adhesion to surfaces in bacteria belonging to *Ochrobactrum* spp., using strains *O. anthropi* ATCC49188 and *O. quorumnocens* A44 as study models. An important aspect of the study is highlighting the differences between mechanisms involved in the colonization of biotic and abiotic surfaces.

To identify novel genes associated with adhesion, a library of transposon mutants is being constructed. These mutants will be subjected to screening in order to detect mutants with affected ability to attach to surfaces. Selected mutants will be then sequenced. Simultaneously, targeted deletion mutants will be constructed to study the role in adhesion of genes selected based on literature data. So far, we have managed to optimize the molecular tools for working with *Ochrobactrum*: we constructed a suicide vector for performing in-frame deletions and an expression vector for complementation of the mutations. Our results will contribute to a better understanding of the adhesion mechanisms in Alphaproteobacteria, and the molecular biology tools created during the study will be useful in future studies on *Ochrobactrum* spp.

Odkrywanie potencjału bakterii wspomagających rozwój mykoryz: analiza genomów i zastosowanie do wspomagania wzrostu roślin w podłożu skażonym WWA

Klaudia Peczyk, Monika Malicka, Piotr Siupka, Franco Magurno,
Zofia Piotrowska-Seget

Uniwersytet Śląski w Katowicach

Grzyby arbuskularne (ang. AMF) odgrywają kluczową rolę w zwiększaniu odporności roślin w środowiskach skażonych, a ich efektywność może być zwiększona przez bakterie określane jako bakterie wspomagające rozwój mykoryz (ang. MHB). Celem prezentowanych badań była charakterystyka genomów trzech szczepów MHB — *Streptomyces* sp. B6, *Pantoea* sp. B9 i *Bacillus* sp. P8 — wyizolowanych z terenów skażonych wielopierścieniowymi węglowodorami aromatycznymi (WWA). Sekwencjonowanie genomów oraz analizy bioinformatyczne ujawniły obecność genów i klastrów biosyntetycznych związanych z degradacją zanieczyszczeń, wspieraniem wzrostu roślin oraz produkcją metabolitów wtórnych. Szczególnie *Streptomyces* sp. B6 wyróżniał się bogactwem klastrów biosyntetycznych i cechami ułatwiającymi przetrwanie w stresie. Aby powiązać cechy genomowe z ich funkcjami, przeprowadziliśmy eksperyment doniczkowy z *Dactylis glomerata* hodowanej w warunkach stresu WWA (0 i 40 mg/kg), inokulowanej grzybem *Funneliformis caledonium* i szczepem *Streptomyces* sp. B6. Wyniki wykazały, że inokulacja B6 istotnie zwiększała sporulację AMF, kolonizację korzeni oraz biomasę roślin, zwłaszcza pod wpływem zanieczyszczenia. Przedstawione wyniki podkreślają potencjał zastosowania bakterii MHB, wytypowanych na podstawie analizy genomów, w strategiach wspomaganej fitoremediacji skażonych podłoży.

Decoding the Potential of Mycorrhiza Helper Bacteria: Genomic Insights and Application for Plant Growth Support in PAH-Contaminated Substrates

Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) enhance plant resilience in contaminated environments, and their efficiency can be supported by mycorrhiza helper bacteria (MHB). This study focuses on three MHB strains – *Streptomyces* sp. B6, *Pantoea* sp. B9, and *Bacillus* sp. P8 – isolated from PAH-polluted sites. Genomic analyses revealed genes and biosynthetic clusters linked to hydrocarbon degradation, plant growth promotion, and secondary metabolite production, with *Streptomyces* sp. B6 exhibiting the richest profile. To verify functional potential, a pot experiment under PAH stress (0 and 40 mg/kg) was conducted with *Dactylis glomerata* co-inoculated with *Funneliformis caledonium* and *Streptomyces* sp. B6. Plants were grown in a sand-bentonite substrate. Results showed that B6 inoculation significantly enhanced AMF sporulation, root colonization, and plant biomass, particularly under contaminant stress. These findings suggest that genomics-guided application of MHB could improve phytoremediation in contaminated substrates.

Czynniki genetyczne warunkujące adhezję *Staphylococcus aureus* do fibrynogenu i fibronektyny oraz powiązania między tymi fenotypami a manifestacjami klinicznymi pacjentów

Paula Rožen¹, Francesc Coll², Karol Makuch³, Marta Zapotoczna¹

¹Laboratorium Biologii Infekcji, Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych, Uniwersytet Warszawski, Warszawa, Polska.

²Zakład Mikrobiologii Stosowanej i Genomiki, Katedra Molekularnych Podstaw Chorób, Instytut Biomedycyny w Walencji, Hiszpańska Rada Badań Naukowych (CSIC), Hiszpania.

³Zakład Fizykochemii Miękkiej Materii, Instytut Chemii Fizycznej, Polska Akademia Nauk, Warszawa, Polska.

Staphylococcus aureus wiąże się ze składnikami macierzy zewnątrzkomórkowej gospodarza, tj. fibrynogenem (Fg) i fibronektyną (Fn), za pośrednictwem zakotwiczonych w ścianie komórkowej białek wiążących fibronektynę (FnBP) i czynników zlepiających (Clf). Uważa się, że te interakcje są jednymi z wielu, poprzez które patogen stymuluje aktywację komórek odpornościowych gospodarza i odpowiedź zapalną poprzez uwalnianie cytokin i rekrutację komórek odpornościowych do miejsca zakażenia.

W tych badaniach skoncentrowaliśmy się na klinicznym znaczeniu różnych poziomów wiązania izolatów bakteriemicznych *S. aureus* (SAB) z Fg i Fn w rozwoju choroby i wyniku zakażenia. Zmapowaliśmy również genetyczne determinanty różnych poziomów adhezji do glikoprotein w reprezentatywnej kolekcji inwazyjnych izolatów SAB.

Zebrano i zbadano kolekcję 236 izolatów SAB wraz ze szczegółowymi metadanymi pacjentów. Zmierzono adhezję izolatów do unieruchomionych Fg i Fn i wykorzystano ją w analizach asocjacyjnych między poziomami adhezji a danymi klinicznymi pacjentów. Przeprowadzono badania asocjacyjne całego genomu (GWAS) w celu zidentyfikowania czynników genetycznych związanych z różnymi poziomami adhezji.

Poziomy obu fenotypów były skorelowane ze sobą oraz skorelowane ze stężeniem CRP we krwi pacjentów, co sugeruje, że adhezja jest związana z odpowiedzią prozapalną. Korelacja ta była silniejsza w izolatach, które nie wykazywały hemolizy na krwi króliczej. Jednocześnie poziom adhezji do Fg, w przeciwieństwie do adhezji do Fn, był skorelowany z poziomem Fg we krwi pacjenta, co podkreśla związek między fenotypem bakterii a stanem zapalnym u pacjentów. Wyższe poziomy CRP obserwowano głównie u pacjentów z ciężkimi i przewlekłymi zakażeniami spowodowanymi bardziej adhezyjnymi izolatami nabytymi w środowisku oraz szczepami MSSA. Zarówno wysoki poziom adhezji, jak i niska toksyczność były związane ze zmniejszonym ryzykiem śmiertelności w szpitalu. GWAS pozwoliły zidentyfikować loci związane z poziomem adhezji, w tym *spa* i SAUSA300_0689. Dezaktywacja *spa* prowadziła do zwiększonej adhezji, co może wynikać z konkurencji między białkami o miejsce zakotwiczenia w ścianie komórkowej. Dezaktywacja SAUSA300_0689 w różny sposób wpływała na poziom adhezji w różnych szczepach *S. aureus*. Locus SAUSA300_0689 koduje glikozylotransferazę, co sugeruje modulującą rolę glikozylacji w białkach adhezyjnych w różnych tłach genetycznych *S. aureus*.

Finansowanie: Narodowe Centrum Nauki

Genetic Determinants of *Staphylococcus aureus* Adhesiveness to Fibrinogen and Fibronectin and Associations Between These Phenotypes and Patients' Manifestation

Staphylococcus aureus binds to host extracellular matrix components, i.e., fibrinogen (Fg) and fibronectin (Fn), via cell wall-anchored fibronectin-binding proteins (FnBPs) and clumping factors (Clf). These interactions are among many by which the pathogen is thought to stimulate the activation of the host immune cells and the inflammatory response led by the release of cytokines and recruitment of immune cells to the site of infection.

Here we addressed the clinical relevance of the different levels of binding of *S. aureus* bacteremia (SAB) isolates to Fg and Fn for disease development and infection outcome. We also mapped genetic determinants of the varying levels of adhesion to the glycoproteins in a representative collection of the invasive SAB isolates.

We assembled and studied a collection of 236 SAB together with detailed patients' metadata. The isolates adhesion to immobilized Fg and Fn was measured and used in association analyses between the levels of adhesion and patients' clinical outcomes. Genome-wide association studies were performed to identify genetic determinants associated with different adhesion levels.

The levels of either phenotype were correlated and correlated with concentration of CRP in patients' blood, suggesting that adhesion is associated with proinflammatory response. This correlation was stronger in isolates which were not haemolytic on rabbit blood. At the same time, the level of adhesion to Fg, unlike adhesion to Fn, was correlated with Fg in patient's blood, emphasizing the link between the bacterial phenotype and inflammation in patients. Higher CRP levels occurred mainly in patients with severe and chronic infections due to more adhesive community-acquired and MSSA isolates. Both, high level of adhesion and low toxicity were associated with reduced risk in-hospital mortality. GWAS allowed to identify loci associated with the level of adhesion, incl. *spa* and SAUSA300_0689. Deactivation of *spa* lead to increased adhesiveness which could result from a competition between the proteins for the anchoring site in the cell wall. Deactivation of SAUSA300_0689, on the other hand, differently affected the level of adhesion in different *S. aureus* strains. The locus encodes glycosyltransferase suggesting the modulating role of glycosylation on adhesive proteins in different *S. aureus* backgrounds.

Fundings: National Science Centre

Analiza wpływu korzenia cykorii na mikrobiotę jelit królików w oparciu o technikę sekwencjonowania

Joanna Ziętara-Wysocka¹, Paulina Niedźwiedzka-Rystwej²,
Danuta Cembrowska-Lech³

¹ Szkoła Doktorska, Instytut Biologii US, Centrum Immunologii Doświadczalnej oraz Immunologii Chorób Zakaźnych i Nowotworowych Uniwersytetu Szczecińskiego, ² Instytut Biologii US, Centrum Immunologii Doświadczalnej oraz Immunologii Chorób Zakaźnych i Nowotworowych Uniwersytetu Szczecińskiego, ³ Instytut Biologii US

Prebiotyczne działanie inuliny pochodzącej z cykorii oraz pokrewnych fruktooligosacharydów jest dobrze udokumentowane u zwierząt monogastrycznych, jednak ich długoterminowy wpływ na mikrobiom jelitowy zajęczaków, takich jak króliki, nie został jeszcze w pełni zbadany. Aby to ocenić, przeanalizowaliśmy społeczności bakteryjne mikrobiomu jelita królików rasy *Oryctolagus cuniculus*. Zwierzęta karmiono standardową dietą granulowaną, bez dodatków (grupa kontrolna) lub wzbogaconą o cykorię (grupa badana) przez 12 tygodni. Pobieranie próbek kontynuowano przez kolejne dwa tygodnie po zakończeniu diety z cykorią.

Wykorzystując sekwencjonowanie ampliconów genu 16S rRNA, zebraliśmy dane w punkcie wyjściowym (tydzień 0) oraz w tygodniach 4, 8, 12 i 16. Porównaliśmy różnorodność i skład bakteryjny między dwiema grupami w czasie. Suplementacja cykorią znacząco zwiększyła bogactwo społeczności, co wykazały istotne zmiany w indeksach obserwowanych gatunków ($p = 0,049$) oraz Chao1 ($p = 0,023$), podczas gdy miary równomierności (indeksy Shannona i Simpsona, oba $p = 0,684$) pozostały niezmiennione.

Analizując odległości Bray–Curtisa za pomocą analizy głównych współrzędnych (PCoA), zaobserwowaliśmy znaczne nakładanie się próbek z obu grup. Pomimo braku istotnego oddzielenia społeczności, zaobserwowaliśmy stopniową zmianę w składzie mikrobiomu w czasie, osiągającą szczyt pod koniec okresu suplementacji (tydzień 12) i tylko częściowo powracającą do stanu wyjściowego w tygodniu 16. Wskazuje to, że wpływ diety był zarówno progresywny, jak i częściowo odwracalny.

Przez cały czas trwania badania Firmicutes pozostawały dominującym typem (ponad 70% względnej liczebności). Suplementacja cykorią konsekwentnie zmniejszała udział Actinobacteriota i zwiększała udział Bacteroidota, nie wpływając istotnie na inne typy o niskiej liczebności.

Podsumowując, nasze wyniki pokazują, że 12-tygodniowa suplementacja cykorią działa jako łagodny prebiotyk u królików. Zwiększa bogactwo bakteryjne i zmienia skład na poziomie typów, przy czym ogólna struktura mikrobiomu jelitowego pozostaje w dużej mierze niezmienniona. Część tych zmian utrzymuje się po zaprzestaniu suplementacji, co wskazuje na potencjał cykorii do trwałej i przewidywalnej modulacji mikrobiomu jelitowego królika.

Analysis of the Effect of Chicory Root on the Gut Microbiota of Rabbits Based on Sequencing Techniques

The prebiotic effects of chicory-derived inulin and related fructooligosaccharides are well documented in monogastric animals, but their long-term effects on the gut microbiome of lagomorphs such as rabbits have not yet been fully investigated. To

assess this, we analyzed the bacterial communities of the gut microbiome of *Oryctolagus cuniculus* rabbits. Animals were fed a standard pelleted diet, either without additives (control group) or supplemented with chicory (treatment group) for 12 weeks. Sampling continued for another two weeks after the chicory diet ended. Using 16S rRNA amplicon sequencing, we collected data at baseline (week 0) and at weeks 4, 8, 12, and 16. We compared bacterial diversity and composition between the two groups over time. Chicory supplementation significantly increased community richness, as shown by significant changes in observed species indices ($p = 0.049$) and Chao1 ($p = 0.023$), while evenness measures (Shannon and Simpson indices, both $p = 0.684$) remained unchanged.

Analyzing Bray–Curtis distances using principal coordinate analysis (PCoA), we observed significant overlap between samples from both groups. Despite the lack of significant community separation, we observed a gradual change in microbiome composition over time, peaking at the end of the supplementation period (week 12) and only partially returning to baseline by week 16. This indicates that the dietary effect was both progressive and partially reversible.

Throughout the study, Firmicutes remained the dominant phylum (over 70% relative abundance). Chicory supplementation consistently reduced the proportion of Actinobacteriota and increased the proportion of Bacteroidota, without significantly affecting other low-abundance phyla. In summary, our results show that 12 weeks of chicory supplementation acts as a mild prebiotic in rabbits. It increases bacterial richness and changes the composition at the phylum level, while the overall structure of the gut microbiome remains largely unchanged. Some of these changes persist after cessation of supplementation, indicating the potential of chicory to provide a sustained and predictable modulation of the rabbit gut microbiome.



Postery



Określenie endofitycznego mykobiotu ziarniaków wybranych odmian jęczmienia metodą klasyczną i przy zastosowaniu sekwencjonowania nowej generacji NGS

Barbara Abramczyk¹, Elżbieta Mielniczuk¹, Anna Marzec-Grządziel²,
Ewa Król¹

¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii i Mykologii, ² Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa-Państwowy Instytut Badawczy w Puławach, Zakład Mikrobiologii

Grzyby endofityczne zasiedlające wnętrze tkanek roślinnych stanowią jeden z kluczowych czynników warunkujących odporność roślin na biotyczne i abiotyczne czynniki stresowe, a także promują ich wzrost i plonowanie.

Celem prezentowanych badań było porównanie endofitycznego mykobiotu ziarniaków trzech odmian jęczmienia: ‘Aristelle’, ‘Flamenco’ i ‘Tilmor’ uprawianych w Polsce. W badaniach wykorzystano tradycyjną metodę izolacji i hodowli grzybów na zestalonej w szalkach Petriego pożywce ziemniaczano-agarowej (PDA), oraz sekwencjonowanie nowej generacji (NGS).

W wyniku przeprowadzonych analiz uzyskano liczne izolaty grzybów między innymi z rodzaju *Alternaria*, *Fusarium*, *Bipolaris*, *Epicoccum* oraz gatunki niezarodnikujące. Metoda NGS w połączeniu z klasyczną metodą hodowli grzybów umożliwiła dokładniejszą identyfikację gatunków grzybów endofitycznych zasiedlających ziarniaki badanych odmian.

Determination of the Endophytic Mycobiome of Grains of Selected Barley Cultivars using Classical Method and Next-Generation Sequencing (NGS)

Endophytic fungi inhabiting the interior of plant tissues are one of the key factors determining plant resistance to biotic and abiotic stress factors and also promote plants growth and yield.

The aim of the presented study was to compare the endophytic mycobiome of grains of three barley varieties: ‘Aristelle’, ‘Flamenco’ and ‘Tilmor’ grown in Poland. The study used the traditional method of isolating and cultivating fungi on a potato-agar medium (PDA) solidified in Petri dishes, as well as next-generation sequencing (NGS) technology.

As a result of the conducted analyses, numerous fungal isolates were obtained, including those from the genera *Alternaria*, *Fusarium*, *Bipolaris*, *Epicoccum* and non-sporulating species. The NGS method combined with the classical fungus cultivation method enabled more accurate identification of the species of endophytic fungi inhabiting the grains of the tested varieties.

Mykobiota ściółki leśnej w wybranych siedliskach

Barbara Abramczyk, Ewa Król, Elżbieta Mielniczuk, Elżbieta Patkowska

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Katedra Ochrony Roślin,
Zakład Fitopatologii i Mykologii

Celem przedstawionych badań było poznanie składu gatunkowego oraz ilościowego grzybów zasiedlających ściółkę leśną dwóch siedlisk: *Peucedano-Pinetum* w Zemborzycach i *Quercu carpinetum* w Tomaszowie Lubelskim. Próby ściółki pobierano wiosną i przewożono do laboratorium, gdzie wykonywano analizę mykologiczną i oznaczano wyrosłe grzyby do gatunku.

Wyniki przeprowadzonych badań, wskazały na obecność w ściółce zarówno gatunków saprotroficznych jak i groźnych patogenów roślin. Mykobiota ściółki w Tomaszowie Lubelskim charakteryzowała się większą bioróżnorodnością i liczebnością gatunków niż mykobiota w Zemborzycach.

Do najczęściej wyosabnianych grzybów należał *Trichoderma koningii*, który stanowił prawie 46% wszystkich grzybów izolowanych z obu stanowisk. Dość licznie występowały także grzyby z rodzaju *Fusarium*, wśród których najliczniej izolowano *F. equiseti*. Ponadto, ściółkę w obu siedliskach zasiedlały gatunki *Mucor racemosus*, *Rhizopus stolonifer* i *Chaetomium globosum*. Inne gatunki grzybów występowały w niewielkiej liczebności i zasiedlały zwykle ściółkę jednego z badanych siedlisk. W składzie mycobioty ściółki znalazły się również gatunki *Alternaria alternata*, *Botrytis cinerea*, *Verticillium albo-atrum*, które obok rodzaju *Fusarium* znane są z patogenicznych uzdolnień w stosunku do wielu roślin, w tym gatunków leśnych.

Mycobiota of Forest Litter in Selected Habitats

The aim of the presented research was to identify the species and quantitative composition of fungi inhabiting the forest litter of two habitats: *Peucedano-Pinetum* in Zemborzyce and *Quercu carpinetum* in Tomaszów Lubelski. Litter samples were collected in spring and transported to the laboratory, where mycological analysis was performed and the grown fungi were identified to species.

The results of the conducted research indicated the presence of both saprotrophic and dangerous plant pathogenic species in the litter. The mycobiota of the litter in Tomaszów Lubelski was characterized by greater biodiversity and species abundance than the mycobiota in Zemborzyce. The most frequently isolated fungi included *Trichoderma koningii*, which constituted almost 46% of all fungi isolated from both sites. Fungi of the genus *Fusarium* were also quite numerous, among which *F. equiseti* was isolated most frequently. In addition, the litter in both habitats was inhabited by the species *Mucor racemosus*, *Rhizopus stolonifer* and *Chaetomium globosum*. Other fungal species occurred in low numbers and usually inhabited the litter of one of the studied habitats. The mycobiota of the litter also included the species *Alternaria alternata*, *Botrytis cinerea*, *Verticillium albo-atrum*, which, alongside the genus *Fusarium*, are known for their pathogenic abilities towards many plants, including forest species.

Wpływ hydrożeli i herbicydu Boxer 800 EC na różnorodność bakterii w glebie

Małgorzata Baćmaga, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski

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

Celem badań było określenie skuteczności hydrożeli (alginianu sodu i poliakrylanu sodu) w przywracaniu homeostazy gleby narażonej na działanie herbicydu Boxer 800 EC. Doświadczenie wazonowe prowadzono na glebie Eutric Cambisols przez 50 dni. Testowaną rośliną była *Triticum aestivum* L. odmiany „KWS Dorium C1”. Wszystkie analizowane próbki gleby były zdominowane przez bakterie należące do typu Proteobacteriota. Dość licznie występowały również Actinobacteriota, kolejno Acidobacteriota, Gemmatimonadota i Chloroflexi. Dawka zanieczyszczająca herbicydu (48.0 mg kg^{-1}) zwiększyła liczbę bakterii Proteobacteriota, Chloroflexi, Cyanobacteria, Firmicutes i Verrucomicrobiota, natomiast zmniejszyła liczbę Acidobacteriota, Actinobacteriota, Armatimonadota, Bacteroidota, Bdellovibrionota, Gemmatimonadota, Myxococcota i Planctomycetota. Wprowadzenie do gleby alginianu sodu obniżyło liczbę Actinobacteriota, Chloroflexi, Firmicutes, Gemmatimonadota, Myxococcota i Planctomycetota względem próbek bez dodatku hydrożeli, natomiast poliakrylan sodu – liczbę Armatimonadota, Chloroflexi, Cyanobacteria i Gemmatimonadota.

Effect of Hydrogels and the Herbicide Boxer 800 EC on Bacterial Diversity in Soil

The aim of the study was to determine the efficacy of hydrogels (sodium alginate and sodium polyacrylate) in restoring homeostasis to soils exposed to the herbicide Boxer 800 EC. The pot experiment was conducted on Eutric Cambisols soil for 50 days. The tested crop was *Triticum aestivum* L. of the cultivar “KWS Dorium C1”. All soil samples examined were dominated by bacteria belonging to the phylum Proteobacteriota. Actinobacteriota were also quite abundant, followed by Acidobacteriota, Gemmatimonadota and Chloroflexi. The contaminating dose of the herbicide (48.0 mg kg^{-1}) increased the number of Proteobacteriota, Chloroflexi, Cyanobacteria, Firmicutes and Verrucomicrobiota, while it reduced the number of Acidobacteriota, Actinobacteriota, Armatimonadota, Bacteroidota, Bdellovibrionota, Gemmatimonadota, Myxococcota and Planctomycetota. The addition of sodium alginate to the soil reduced the number of Actinobacteriota, Chloroflexi, Firmicutes, Gemmatimonadota, Myxococcota and Planctomycetota compared to the sample without the addition of hydrogels, while sodium polyacrylate reduced the number of Armatimonadota, Chloroflexi, Cyanobacteria and Gemmatimonadota.

Strategia wzbogacania osadów jeziornych w celu pozyskania szczepów wykorzystywanych w biotechnologii medycznej

Artur Banach¹, Agnieszka Kuźniar¹, Monika Janeczko¹, Jacek Podlewski²,
Agnieszka Wolińska¹, Maciej Masłyk¹

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

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

Osady jeziorne to bogate środowiska mikroorganizmów mogących znaleźć zastosowanie w biotechnologii medycznej. Ich izolacja wymaga zastosowanie odpowiedniej strategii wzbogacania. Celem badań było zoptymalizowanie selektywnego namnażania mikroorganizmów z osadów zbiorników stosowanych do hodowli karpia, zarządzanych przez Fundację Potulicką w Wojnowie, czynnikiem wzbogacającym *Candida albicans* (0,05 i 1,00 jtk/ml). Identyfikację wyhodowanych szczepów wykonano technikami PacBio oraz Illumina (BMKGENE, Niemcy).

W wyniku wzbogacania wykazano wzrost obfitości bakterii należących do Proteobacteria (2,48-28,17%), Acidobacteriota (0,53-4,15%), Crenarchaeota (0,23-2,87%), Myxococcota (0,83-1,94%), Chloroflexi (0,34-2,09%) oraz Actinobacteriota (0,57-1,18%). Wyznaczone wskaźniki bioróżnorodności wykazały na modyfikację struktury mikrobiologicznej badanych próbek, co w połączeniu z analizą taksonomiczną dowodzi efektywności zastosowanej strategii wzbogacania oraz potwierdza iż badany osad stanowi źródło mikroorganizmów o potencjalnym znaczeniu aplikacyjnym w biologii medycznej.

Badania zostały sfinansowane przez Fundację Potulicką w Wojnowie

Strategy for Enrichment of Lake Sediments to Obtain Strains Used in Medical Biotechnology

Lake sediments are rich environments for microorganisms that may find application in medical biotechnology. Their isolation requires the use of an appropriate enrichment strategy. The aim of this study was to optimize the selective multiplication of microorganisms from the sediments of reservoirs used for carp farming, managed by the Potulicka Foundation in Wojnowo, with the enrichment agent *Candida albicans* (0.05 and 1.00 cfu/ml). Identification of cultured strains was performed by PacBio and Illumina techniques (BMKGENE, Germany).

Enrichment showed an increase in the abundance of bacteria belonging to Proteobacteria (2.48-28.17%), Acidobacteriota (0.53-4.15%), Crenarchaeota (0.23-2.87%), Myxococcota (0.83-1.94%), Chloroflexi (0.34-2.09%) and Actinobacteriota (0.57-1.18%). The determined biodiversity indices showed on the modification of the microbial structure of the studied samples, which, combined with the taxonomic analysis, proves the effectiveness of the applied enrichment strategy and confirms that the studied sediment is a source of microorganisms of potential application importance in medical biology.

Sezonowa i przestrzenna zmienność mikrobioty bakteryjnej zasiedlającej osady 4 zbiorników stosowanych do hodowli narybku karpia

Artur Banach¹, Agnieszka Kuźniar¹, Anna Sochaczewska¹, Andrzej Górski¹,
Jacek Podlewski², Agnieszka Wolińska¹

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

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

W celu rozpoznania potencjalnej puli wartościowych biotechnologicznie mikroorganizmów objęto badaniami 4 zbiorniki wodne stosowane do produkcji rybnej, pozostające pod zarządem Fundacji Potulickiej. Materiał do badań pobrano w 3 sezonach i do identyfikacji wykorzystano technikę NGS (MiSeq Illumina, Novogene Co., Ltd., UK).

Przeprowadzona analiza wykazała zmienną różnorodność mikrobiologiczną badanych zbiorników. Największym bogactwem wiosną cechowały się zbiorniki 37 i 42, latem 37, a jesienią ponownie 37 i 42. Jednocześnie obserwowano przyrost ich liczebność w całym okresie badań. Współczynniki różnorodności Shannon'a i Simpsona wskazywały wysoką różnorodność badanych prób, szczególnie w zbiornikach 37, 42 i 43. Wśród głównych dominantów notowanych w całym okresie badań wyróżniono: *Candidatus_Methanoperedens* sp., *Thiobacillus* sp., unidentyficy *Bathyarchaeia* sp. oraz *Sulfurifustis* sp. Dodatkowo notowano zmienną obfitość innych 12 szczepów, spośród których wyróżniały się *Iamia* sp., *Nocardioides* sp. oraz *Sideroxydans* sp.

Badania zostały sfinansowane przez Fundację Potulicką w Wojnowie

Seasonal and Spatial Variability of Bacterial Microbiota Inhabiting Sediments of 4 Ponds Used for Rearing Carp Fry

In order to identify the potential pool of valuable biotechnological microorganisms, 4 water reservoirs used for fish production under the management of the Potulick Foundation were surveyed. Material for the study was collected in 3 seasons and NGS technique was applied for identification (MiSeq Illumina, Novogene Co., Ltd., UK) was used.

The analysis showed variable microbial diversity in the studied reservoirs. Reservoirs 37 and 42 were characterized by the highest richness in spring, 37 in summer, and 37 and 42 again in autumn. At the same time, an increase in their abundance was observed throughout the study period. Shannon's and Simpson's diversity coefficients indicated high diversity in the samples, especially in reservoirs 37, 42 and 43. Among the main dominants recorded throughout the study period were: *Candidatus_Methanoperedens* sp., *Thiobacillus* sp., unidentyficy *Bathyarchaeia* sp. and *Sulfurifustis* sp. In addition, a variable abundance of other 12 strains was recorded, among which *Iamia* sp., *Nocardioides* sp. and *Sideroxydans* sp. stood out.

The research was funded by Potulicka Foundation from Wojnowo

Metataksonomiczna analiza mikrobiomu gleby po wprowadzeniu hydrolizatu keratynowego

Justyna Bohacz, Michał Możejko

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

Wprowadzanie do gleb nawozów organicznych, nieorganicznych oraz biopreparatów kształtuje skład taksonomiczny mikroorganizmów odrywających w glebie różne funkcje. Celem badań było zbadanie mikrobiomu gleby (Haplic Podzol) z obsadą rzepaku, nawożonej i nienawożonej hydrolizatem keratynowym otrzymanym po biodegradacji odpadowej keratyny pierza przez grzyby z grupy *Chrysosporium*. Analizę metagenomiczną przeprowadzono za pomocą sekwencjonowania nowej generacji (NGS) na bazie hiperzmiennego regionu V3-V4 genu 16S rRNA na platformie Illumina MiSeq.

Uzyskane wyniki wskazały występowanie, w glebie nawadnianej wodą oraz glebie z hydrolizatem, 14 rodzin bakterii, wśród których najliczniejsze i wspólne rodziny należały do *Micrococcaceae*, *Bradyrhizobiaceae*, *Mycobacteriaceae* i stanowiły od 1% do 3,2% całej puli OTU. Najliczniejszą część mikrobiomu stanowiły bakterie z rodzaju *Sphingomonas* stanowiące 7,4% całej puli OTU w wariantcie bez hydrolizatu i 8,4 % z hydrolizatem. Do dominujących gatunków należał *Gaiella occulta* stanowiący od 9,1% do 10,6% całej puli OTU. Po zastosowaniu hydrolizatu uwidoczniły rzadko spotykane rodzaje *Nonomuraea*.

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

Metataxonomic Analysis of Soil Microbiome After Introduction of Keratin Hydrolysate

The introduction of organic and inorganic fertilizers and biopreparations into soils shapes the taxonomic composition of microorganisms performing various functions in the soil. The aim of the study was to examine the soil microbiome (Haplic Podzol) with rape, fertilized and unfertilized with keratin hydrolysate obtained after biodegradation of feather keratin waste by fungi from the *Chrysosporium* group. Metagenomic analysis was performed using next-generation sequencing (NGS) based on the hypervariable V3-V4 region of the 16S rRNA gene on the Illumina MiSeq platform. The results indicated the occurrence of 14 bacterial families in the water-irrigated soil and in the soil with hydrolysate, among which the most numerous and common families belonged to *Micrococcaceae*, *Bradyrhizobiaceae*, *Mycobacteriaceae* and accounted for 1% to 3.2% of the entire OTU pool. The most numerous part of the microbiome were bacteria of the genus *Sphingomonas*, constituting 7.4% of the whole OTU pool in the variant without hydrolysate and 8.4% with hydrolysate. The dominant species included *Gaiella occulta* (from 9.1% to 10.6% of the entire OTU pool). After the application of hydrolysate, they revealed rarely encountered genera of *Nonomuraea*.

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

Wrażliwość bakterii glebowych oraz *Avena sativa* na działanie Cr(III) i Cr(VI)

Edyta Boros-Lajszner, Jadwiga Wyszowska,
Małgorzata Baćmaga, Jan Kucharski

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

Celem przeprowadzonego doświadczenia wazonowego była ocena oddziaływania Cr^{3+} i Cr^{6+} zaaplikowanych w ilości 0, 5, 10, 20, 40, 80 i 160 mg kg^{-1} s.m. gleby na różnorodność bakterii oraz wzrost i rozwój *Avena sativa*. Do gliny piaszczystej o $\text{pH}_{\text{KCl}} - 6,1$ wprowadzono Cr^{+3} w postaci siarczanu chromu potasu, natomiast Cr^{6+} w formie dichromianu potasu. Analiza metagenomiczna wykazała, że w próbkach gleby dominowały bakterie przynależne do phylum Actinobacteriota, przy czym największą ich liczbę (109257 OTU) odnotowano w glebie zanieczyszczonej Cr^{3+} (dawka 160 mg kg^{-1} s.m. gleby). Licznie w glebie występowały również Proteobacteriota, których liczba OTU wahała się od 20947 (gleba zanieczyszczona Cr^{6+}) do 36903 (gleba kontrolna). Spośród zidentyfikowanych rodzajów bakterii w próbkach gleby najliczniej występowały *Cellulosinicrobium*. Bakterie te intensywniej namnażały się w glebie zanieczyszczonej Cr^{3+} i Cr^{6+} niż w glebie kontrolnej. Cr^{3+} istotnie stymulował rozwój bakterii z rodzaju *Arthrobacter* i *Phycococcus*, natomiast Cr^{6+} – hamował. Wprowadzenie do gleby Cr^{3+} i Cr^{6+} przyczyniło się do obniżenia plonu części nadziemnych i korzeni *Avena sativa*, szczególnie po aplikacji dawki 160 mg kg^{-1} s.m. gleby. Jednak bardziej toksycznie na rośliny wpływał Cr^{6+} niż Cr^{3+} .

Sensitivity of Soil Bacteria and *Avena sativa* to Cr(III) and Cr(VI)

The aim of the pot experiment was to investigate the effect of Cr^{3+} and Cr^{6+} at doses of 0, 5, 10, 20, 40, 80 and 160 mg kg^{-1} d.m. of soil on bacterial diversity and the growth and development of *Avena sativa*. Cr^{3+} in the form of chromium potassium sulfate and Cr^{6+} in the form of potassium dichromate were added to sandy loam with $\text{pH}_{\text{KCl}} - 6.1$. Metagenomic analysis showed that the soil samples analyzed were dominated by bacteria belonging to the phylum Actinobacteriota, with the highest number of bacteria (109,257 OTU) detected in the soil contaminated with Cr^{3+} (dose of 160 mg kg^{-1} d.m. soil). Proteobacteriota were also abundant in the soil, with OTUs ranging from 20947 (Cr^{6+} contaminated soil) to 36903 (control soil). Among the bacterial genera identified in the soil samples, *Cellulosinicrobium* was the most abundant in the soil samples. These bacteria multiplied more intensively in the soils contaminated with Cr^{3+} and Cr^{6+} than in the control soils. Cr^{3+} significantly stimulated the growth of *Arthrobacter* and *Phycococcus* bacteria, while Cr^{6+} inhibited it. The incorporation of Cr^{+3} and Cr^{+6} into the soil contributed to a decrease in the yield of the aerial parts and roots of *Avena sativa*, especially after the application of a dose of 160 mg kg^{-1} d.m. of soil. However, Cr^{6+} had a stronger toxic effect on the plants than Cr^{3+} .

Mikrobiom zalesionych gleb porolnych

Agata Borowik, Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski

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

Współczesne procesy wyłączenia gruntów marginalnych z produkcji rolniczej na rzecz zalesiania odzwierciedlają globalny zwrot w kierunku rekultywacji ekosystemów glebowych. Aby zweryfikować zmiany zachodzące w reorganizacji struktur prokariotycznych zespołów mikrobiologicznych wykonano badania na glebach przekształconych w Polsce Północno-Wschodniej. Grunty orne, które charakteryzowały się zbliżonymi właściwościami fizyko-chemicznymi zostały podzielone na strefy, które zalesiono oddzielnie następującymi gatunkami drzew: świerk pospolity, sosna zwyczajna, dąb szypułkowy, modrzew europejski i brzoza brodawkowata. Obiekt kontrolny stanowił pas niezalesiony.

Celem badań była analiza zmian właściwości mikrobiologicznych w glebie spod poszczególnych gatunków drzew. W tym celu w glebie niezalesionej oraz obsadzonej poszczególnymi gatunkami drzew określono różnorodność genetyczną na poszczególnych poziomach taksonomicznych.

Wykazano, że rodzaj zadrzewienia istotnie zmieniał mikrobiom gleby. Zalesienie gleby porolnej wpłynęło na zmiany w strukturze mikroorganizmów na wszystkich poziomach taksonomicznych. Rodzajem rdzeniowym występującym w glebie, niezależnie od gatunku drzewa, był *Rhodoplanes*. W glebie spod świerka pospolitego najbardziej charakterystycznym rodzajem okazał się *Bacillus*, spod sosny zwyczajnej – *Pseudonocardia*, modrzewia europejskiego – *Iamia* i spod brzozy brodawkowatej – *Burkholderia*.

Microbiome of Afforested Post-Agricultural Soils

Contemporary processes of excluding marginal land from agricultural production in favor of afforestation reflect a global shift toward the reclamation of soil ecosystems. In order to verify the changes taking place in the reorganization of prokaryotic structures of microbial assemblages, a study was carried out on transformed soils in Northeastern Poland. Arable land, which was characterized by similar physical and chemical properties, was divided into zones, which were afforested separately with the following tree species: norway spruce, scots pine, english oak, european larch and silver birch. The control object was an unforested strip.

The aim of the study was to analyse changes in microbiological properties in the soil from under each tree species. For this purpose, genetic diversity at different taxonomic levels was determined in the non-forested soil and in the soil planted with individual tree species.

It was shown that the type of afforestation significantly changed the soil microbiome. Afforestation of post-agricultural soil affected changes in the microbial structure at all taxonomic levels. The core genus found in the soil, regardless of the tree species, was *Rhodoplanes*. In the soil from under the norway spruce, *Bacillus* was the most characteristic genus, from under the scots pine – *Pseudonocardia*, from under the european larch - *Iamia*, and from under the silver birch – *Burkholderia*.

Wstępne badania nad wykorzystaniem ekstraktów z rukoli (*Eruca sativa*) do wzmacniania odporności przeciwwirusowej u pomidora (*Solanum lycopersicum*)

Marta Budziszewska, Patryk Frąckowiak, Aleksandra Obrępańska-Stęplowska

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

Wirusy roślinne stanowią poważne zagrożenie dla wielu upraw, prowadząc do znaczących strat plonów, zwłaszcza, że skuteczne metody ich zwalczania są ograniczone. W poszukiwaniu naturalnych metod wzmacniania odporności roślin przeprowadzono badania nad zastosowaniem wyciągów z rukoli (*Eruca sativa*) jako potencjalnego induktora odpowiedzi przeciwwirusowej. Oceniono wpływ ekstraktów przygotowanych ze świeżych lub liofilizowanych liści rukoli uzyskanych w różnych temperaturach, na indukcję reakcji obronnej u pomidora (*Solanum lycopersicum* odm. Beta Lux) w odpowiedzi na infekcję wirusem mozaiki ogórka (CMV). Analizy molekularne wykazały, że traktowanie roślin wyciągiem z rukoli skutkowało obniżeniem akumulacji wirusa oraz modulowało ekspresję genów markerowych: 1,3-B-glukanazy (*GluB*), receptora etylenowego (*ETR*) oraz inhibitora proteazy II (*PI II*). Co więcej, wyciągi ze świeżych liści rukoli, przygotowane w wyższej temperaturze silniej indukowały ekspresję genów *GluB* oraz *ETR*. Wyniki eksperymentu sugerują, że ekstrakty z rukoli mogą pełnić funkcję naturalnych induktorów odporności, zmniejszając wrażliwość roślin na infekcje wirusowe. Przedstawiona hipoteza wymaga jednak przeprowadzenia dodatkowych analiz, z uwzględnieniem większej liczby prób biologicznych, celem jej zweryfikowania i potwierdzenia potencjału aplikacyjnego badanych ekstraktów.

Preliminary Study on the Use of Arugula (*Eruca sativa*) Extracts to Enhance Antiviral Resistance in Tomato (*Solanum lycopersicum*)

Plant viruses represent a major threat to many crops worldwide, causing significant yield losses, particularly in the context of limited effective control methods. In the search for natural strategies to enhance plant resistance, this study investigated the potential of arugula (*Eruca sativa*) extracts as inducers of antiviral responses. The effects of extracts derived from fresh or lyophilized arugula leaves, prepared at different temperatures, were evaluated in tomato plants (*Solanum lycopersicum* cv. Beta Lux) infected with cucumber mosaic virus (CMV). Molecular analyses revealed that treatment with arugula extracts reduced viral accumulation and modulated the expression of defence-related marker genes such as 1,3- β -glucanase (*GluB*), ethylene receptor (*ETR*), and protease inhibitor II (*PI II*), which are associated with plant responses to biotic stress. Notably, extracts from fresh leaves prepared at a higher temperature more strongly induced the expression of *GluB* and *ETR* genes. These findings suggest that arugula extracts may function as natural resistance inducers, reducing plant susceptibility to viral infections. However, further studies with a larger number of biological replicates are necessary to validate these results and confirm the potential practical application of the tested extracts.

Ocena czystości mikrobiologicznej produktów nawozowych zgodnie z rozporządzeniem (UE) 2019/1009

Julia Flakiewicz, Renata Tyśkiewicz, Anna Zdunek

Laboratorium Analityczne, Sieć Badawcza Łukasiewicz – Instytut Nowych Syntezy Chemicznych, al. Tysiąclecia Państwa Polskiego 13A, 24-110 Puławy

Badanie czystości mikrobiologicznej produktów nawozowych stanowi istotny element oceny ich bezpieczeństwa i jakości, szczególnie w kontekście wymagań określonych w rozporządzeniu (UE) 2019/1009. Rozporządzenie to ustanawia przepisy dotyczące udostępniania produktów nawozowych UE na rynku, uwzględniając m.in. wymagania mikrobiologiczne mające na celu ochronę środowiska oraz zdrowia ludzi i zwierząt. W szczególności zdefiniowano dopuszczalne poziomy obecności patogenów, takich jak *Salmonella* spp. i *Escherichia coli*, w określonych kategoriach produktów nawozowych. Przestrzeganie tych norm jest kluczowe dla zapewnienia, że produkty nawozowe są bezpieczne w użytkowaniu i nie stanowią zagrożenia mikrobiologicznego przy ich stosowaniu w rolnictwie lub ogrodnictwie.

Celem pracy była ocena czystości mikrobiologicznej 20 komercyjnych nawozów organicznych i organiczno-mineralnych dostępnych na rynku. Badania przeprowadzono zgodnie z normami metodycznymi wskazanymi w rozporządzeniu (UE) 2019/1009: CEN/TS 17780 dla wykrywania *Salmonella* spp. oraz CEN/TS 17781 dla oznaczania liczby *E. coli*. W żadnej z analizowanych próbek nie stwierdzono obecności *Salmonella* spp. ani przekroczenia dopuszczalnego poziomu *E. coli*. Uzyskane wyniki wskazują na wysoką jakość mikrobiologiczną badanych nawozów oraz skuteczność procesów technologicznych podczas ich produkcji.

Assessment of the Microbiological Purity of Fertilizing Products in Accordance with Regulation (EU) 2019/1009

Microbiological purity testing of fertilizing products is a key element in assessing their safety and quality, particularly in the context of the requirements set out in Regulation (EU) 2019/1009. This regulation lays down rules for the making available of EU fertilizing products on the market, taking into account, among other things, microbiological requirements aimed at protecting environment and human and animal health. In particular, acceptable levels of pathogens such as *Salmonella* and *Escherichia coli* have been defined for specific categories of fertilizing products. Compliance with these standards is crucial to ensure that fertilizing products are safe to use and do not pose a microbiological risk when applied in agriculture or horticulture.

The aim of this study was to assess the microbiological purity of 20 commercial organic and organo-mineral fertilizers available on the market. The analyses were conducted according to methodological standards indicated in Regulation (EU) 2019/1009: CEN/TS 17780 for the detection of *Salmonella* spp. and CEN/TS 17781 for the determination of *E. coli* counts. None of analyzed samples showed the presence of *Salmonella* spp. or exceeded the permissible level of *E. coli*. The results indicate high microbiological quality of the tested fertilizers and the effectiveness of technological processes during their production.

Transfer mikrobiomu w obrębie holobiontu roślinnego jako strategia rozwoju zrównoważonej produkcji roślinnej

Magdalena Frąc, Dominika Siegieda, Agata Gryta, Jacek Panek

Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk
e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl

Rośliny postrzegane są jako metaorganizmy współistniejące z mikroorganizmami, z którymi współpracują oraz komunikują się poprzez wymianę molekuł sygnałnych, związków pokarmowych i różnych metabolitów. Roślina składa się z nisz ekologicznych, stanowiących różne jej części, w tym korzenie, części nadziemne, kwiaty, owoce, a także ryzosferę i glebę, na której rośliny są uprawiane. W obrębie nisz ekologicznych holobiontu roślinnego dochodzi do transferu mikrobiomu bakteryjnego i grzybowego, a rozpoznanie przemieszczania mikroorganizmów w tym systemie może mieć bardzo istotne znaczenie dla rozwoju zrównoważonych, opartych na mikrobiomie, strategii produkcji roślinnej. Dla rozpoznania transferu mikrobioty, konieczne jest zebranie biobanku próbek, które będą mogły być sukcesywnie analizowane, przyczyniając się do zwiększenia bazy danych metataksonomicznych, co w efekcie będzie stanowiło podstawę do wykorzystania podejścia *source tracker* do rozpoznania transferu mikroorganizmów, przy czym pierwszy etap badań obejmuje analizy mikrobiomu glebowego i części nadziemnych roślin. Uzyskane wyniki wzmocnią koncepcję rozpoznania interakcji gleba-roślina-mikrobiom dla rozwoju zrównoważonych sposobów produkcji roślinnej.

„Publikacja dofinansowana ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Edukacji i Nauki (aktualnie Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego) pod nazwą „Nauka dla Społeczeństwa II” nr projektu NdS-II/SP/0263/2024/01 kwota dofinansowania 1 000 000 PLN, całkowita wartość projektu 1 000 000 PLN”

Microbiome Transfer Within the Plant Holobiont as a Strategy for Developing Accessible Crop Production

Plants are regarded as metaorganisms coexisting with microorganisms, with which they cooperate, communicating through the exchange of signalling molecules, nutrients and various metabolites. A plant consists of ecological niches, constituting its multiple parts, including roots, above-ground parts, flowers, fruits, the rhizosphere and soil, in which plants are grown. Bacterial and fungal microbiomes are transferred within the ecological niches of the plant holobiont, and the recognition of microorganism movement in this system can be significant for developing sustainable, microbiome-based plant production strategies. To recognize microbiota transfer, it is necessary to collect a biobank of samples that can be successively analyzed, contributing to the increase of the metataxonomic database, which will ultimately be the basis for using the source tracker approach to recognize microorganism transfer, with the first stage of research including analyses of the soil microbiome and above-ground parts of plants.

Analiza stopnia zróżnicowania genetycznego szczepów *Aspergillus fumigatus* wyizolowanych w rejonie składowiska odpadów komunalnych

Krzysztof Frączek, Dariusz Ropek

Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie

W celu wytypowania gatunku wskaźnikowego kolonizacji środowiska wokół składowiska odpadów komunalnych spośród rezerwuaru mikroorganizmów wyznaczono do badań szczepę grzyba *Aspergillus fumigatus*. Podstawą zaproponowanego wyboru był fakt, że najczęściej zasiedla on zgromadzone na składowisku odpady, oraz to, że w stosunku do wytypowanego gatunku owady i ptaki pełnią funkcję wektora środowiskowego. Szczepy zostały wyizolowane z próbek powietrza, złoża zgromadzonych odpadów oraz wód powierzchniowych i odciekowych, a także z powierzchni ciała muchy domowej. Różnicowanie genetyczne pozyskanych szczepów grzybowych wykonano dwiema metodami typowania genetycznego: RAPD oraz PCR-MP. W odniesieniu do *A. fumigatus* analizowane metody rozróżniają szczepy, które są naturalnym składnikiem występującym w otoczeniu składowiska od tych, które występują w odpadzie lub występują w siedliskach będących pod bezpośrednim wpływem odpadów. Otrzymane wyniki wskazują, że w rejonie składowiska dochodzi do różnicowania genetycznego szczepów tego gatunku grzyba, w związku z czym można tu spotkać typ odpadowy, podtypy zależne występujące w siedlisku wodnym, powietrzu i żerujących na odpadzie owadach i wreszcie typy pochodzące z otoczenia składowiska i adaptujące się do niego.

Analysis of the Degree of Genetic Diversity of *Aspergillus fumigatus* Strains Isolated in the Area of a Municipal Landfill Site

In order to select an indicator of the colonization of the environment around the municipal landfill site, strains of fungus *Aspergillus fumigatus* were selected for testing from the reservoir of microorganisms. This selection was based on the fact that this species most frequently colonises the landfill waste and that insects and birds act as environmental vectors of this microorganism. The strains were isolated from air samples, the deposited wastes, and surface and leachate waters, as well as from the body surface of a housefly. Genetic differentiation of the isolated fungal strains was performed using two genetic typing methods: RAPD and PCR-MP. In relation to *A. fumigatus*, the analysed methods distinguish strains that are a natural component occurring in the vicinity of the landfill from those that occur in the waste or occur in habitats directly influenced by the waste. The obtained results indicate that genetic differentiation of strains of this fungus species occurs in the area of the landfill so that it is possible to find a waste type, dependent subtypes occurring in the aquatic habitat, in air and on insects feeding on waste, and finally types originating from the environment adjacent the landfill and adapting to it.

Wpływ ekologicznego pestycydu (kwasu pelargonowego) na bakterie metanotroficzne

Adam Furtak¹, Anna Bilokinna², Anna Szafranek-Nakonieczna², Anna Pytlak¹

¹ Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk,

² Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

Powszechne stosowanie syntetycznych herbicydów (n.p. glifosatu) stanowi zagrożenie dla ekosystemów jest czynnikiem modyfikującym skład i aktywność mikrobioty glebowej. Jako alternatywę proponowane są związki pochodzenia naturalnego, podlegające biodegradacji. Jednym z coraz szerzej stosowanych „zielonych” prstycydów jest kwas pelargonowy (nonanowy) (PA). Jest on uznawany za bezpieczny dla środowiska, jednak ocena ta nie uwzględnia oddziaływania na bakterie metanotroficzne, które są powszechne w środowisku glebowym i poprzez utlenienie CH₄ pełnią ważną rolę w ograniczaniu efektu szklarniowego. Prezentowane badania miały na celu uzyskanie wiedzy na temat wrażliwości czystych kultur *Methylomonas methanica* oraz *Methylocystis bryophila* oraz kultur mieszanych wyizolowanych z gleb rolniczych na PA. Uzyskane wyniki wskazują, iż bakterie metanotroficzne reprezentujące Typ I (Gammaproteobacteria) oraz tym II (Alphaproteobacteria) charakteryzują się różną tolerancją na PA.

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

The Impact of an Organic Pesticide (Pelargonic Acid) on Methanotrophic Bacteria

The widespread use of synthetic herbicides (e.g. glyphosate) threatens ecosystems by modifying the composition and activity of the soil microbiota. Compounds of natural origin that are biodegradable are proposed as an alternative. One of the increasingly used ‘green’ prstycides is pelargonic (nonanoic) acid (PA). It is considered environmentally safe, but this assessment does not take into account the effects on methanotrophic bacteria, which are common in the soil environment and, through the oxidation of CH₄, play an important role in reducing the greenhouse effect. The research presented here aimed to gain an understanding of the sensitivity of pure cultures of *Methylomonas methanica* and *Methylocystis bryophila* as well as enrichment cultures isolated from agricultural soils to PA. The results obtained indicate that methanotrophic bacteria representing Type I (Gammaproteobacteria) and those representing Type II (Alphaproteobacteria) have different tolerances to PA.

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

Adiuwanty jako czynnik modulujący odpowiedź metanotrofii glebowej na glifosat

Adam Furtak¹, Anna Szafranek-Nakonieczna², Andrzej Górski², Anna Pytlak¹

¹ Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, ² Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

W związku z postępującą intensyfikacją rolnictwa, ilość i częstość stosowania środków ochrony roślin znacząco rośnie. Dotyczy to również herbicydów, w których substancją aktywną jest glifosat. Związek ten jest najczęściej wykorzystywanym herbicydem na świecie (zużycie w 2025 roku 9.2×10^8 kg). Komercyjne produkty, obok aktywnej substancji zawierają także adiuwanty, których rolą jest wzmożenie i ochrona toksycznych właściwości glifosatu. Pomimo masowej aplikacji, wpływ adiuwantów na mikrobiotę, w tym na bakterie metanotroficzne, jest bardzo słabo poznany. W pracy, zaprezentowano różnice w oddziaływaniu komercyjnych roztworów na bazie glifosatu (GFC) oraz czystej substancji aktywnej (GFP) na bakterie metanotroficzne. Analizowano aktywność (chromatografia gazowa) skład (sekwencjonowanie 16S rRNA) oraz liczebność metanotrofów (dPCR w oparciu o pmoA) w glebach rolniczych. Uzyskane wyniki wykazały istotną rolę adiuwantów w kształtowaniu odpowiedzi społeczności metanotroficznej na herbicyd.

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

Adjuvants as a Factor Modulating the Response of Soil Methanotrophy to Glyphosate

Due to the increasing intensification of agriculture, the amount and frequency of use of plant protection products is increasing significantly. This also applies to herbicides in which the active ingredient is glyphosate, which is the most widely used herbicide in the world with expected consumption of 9.2×10^8 kg in 2025. Commercial products, in addition to the active ingredient, also contain adjuvants, whose role is to enhance and protect the toxic properties of glyphosate. Despite mass application, the effects of adjuvants on the microbiota, including methanotrophic bacteria, are very poorly understood. In this study, differences in the effects of commercial glyphosate-based solutions (GFC) and the pure active ingredient (GFP) on methanotrophic bacteria are presented. The activity (gas chromatography) composition (16S rRNA sequencing) and abundance of methanotrophs (pmoA-based dPCR) in agricultural soils were analysed. The results showed an important role of adjuvants in shaping the response of the methanotrophic community to the herbicide.

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

Microbiom i profil metaboliczny ryzosfery i endoryzosfery wybranych odmian pszenicy jarej

Anna Gałązka, Anna Marzec-Grządziel

Zakład Mikrobiologii

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

agalazka@iung.pulawy.pl

Celem badań była charakterystyka metataksonomiczna bakterii zasiedlających ryzosferę oraz endryzosferę wybranych odmian pszenicy jarej. Pobrane próbki gleby ryzosferowej 6 odmian pszenicy jarej (Kuiavia, Samopsza, Płaskurka Jasna, Płaskurka Ciemna, Harenda, Mandaryna) zostały również poddane badaniom, umożliwiającym ocenę różnorodności funkcjonalnej. W tym celu zastosowano system BIOLOG EcoPlates, który umożliwił ocenę aktywności metabolicznej microbiomu gleby na podstawie intensywności wykorzystania 31 różnych źródeł węgla. Materiał do badań stanowiły fragmenty korzeni, łodyg i liści 6 odmian pszenicy jarej uprawianej w systemie ekologicznym, nie wykazujące objawów chorobowych. Próbki zostały pobrane w dwóch fazach rozwojowych pszenicy, w dwóch terminach – maj, lipiec.

Wykazano wysokie zróżnicowanie w bioróżnorodności strukturalnej oraz funkcjonalnej wybranych odmian roślin. Najwyższym zróżnicowanie bioróżnorodności strukturalnej charakteryzowały się odmiany pszenicy Kuiavia, Samopsza oraz Płaskurka Ciemna.

Badania wykonano w ramach projektu „Charakterystyka endofitów grzybowych wybranych odmian pszenicy jarej i określenie ich potencjału w promowaniu wzrostu roślin i ograniczeniu rozwoju patogenów” (1.08).

Microbiome and Metabolic Profile of the Rhizosphere and Endorhizosphere of Selected Spring Wheat Varieties

The aim of the study was to characterize the metataxonomic characteristics of bacteria inhabiting the rhizosphere and endrhizosphere of selected spring wheat varieties. The collected samples of rhizosphere soil of 6 spring wheat varieties (Kuiavia, Samopsza, Płaskurka Jasna, Płaskurka Ciemna, Harenda, Mandaryna) were also subjected to tests enabling the assessment of functional diversity. For this purpose, the BIOLOG EcoPlates system was used, which enabled the assessment of the metabolic activity of the soil microbiome based on the intensity of use of 31 different carbon sources. The material for the study consisted of fragments of roots, stems and leaves of 6 spring wheat varieties grown in an ecological system, showing no disease symptoms. The samples were collected in two wheat development stages, on two dates – May, July. High diversity in structural and functional biodiversity of selected plant varieties was demonstrated. The highest diversity of structural biodiversity was characterized by the wheat varieties Kuiavia, Samopsza and Płaskurka Ciemna.

Mikrobiom ryzosfery wybranych roślin ruderalnych

Anna Gałązka, Anna Marzec-Grządziel, Izabela Bielawska,
Jarosław Ciepiał, Katarzyna Wiejak

Zakład Mikrobiologii
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
agalazka@iung.pulawy.pl

Głównym celem badań była ocena ryzosfery roślinności ruderalnej pobranej z terenów zanieczyszczonych ropą naftową. Rośliny pozyskano z terenów zabytkowej Kopalni Ropy Naftowej w Węglówce. Tereny te zostały silnie zanieczyszczone i zdegradowane (ponad 100 lat zanieczyszczenie). Niemniej jednak od zamknięcia kopalni do chwili obecnej ropa naftowa nadal spontanicznie wypływa z szybów naftowych. Do badań wytypowano następujące rośliny: mniszek lekarski, skrzyp polny, babkę lancetowatą, żywokost, koniczynę czerwoną. Określono następujące analizy: różnicowanie funkcjonalne przy użyciu systemu Biolog, sekwencjonowanie nowej generacji (NGS) regionów zmiennych (16S rRNA dla bakterii). W roślinach przeprowadzono następujące analizy: aktywność biologiczną wybranych metabolitów wtórnych, oznaczenie profilu metabolomicznego i zawartości związków fenolowych.

Badania przeprowadzono w ramach realizacji projektu: NCN 2022/45/B/NZ8/02398 „Oddziaływanie między mikrobiomem, mykobiomem i metawiriomem ryzosfery i endoryzosfery roślin ruderalnych oraz ich rola w biernej i czynnej remediacji gleb silnie zdegradowanych i długotrwale zanieczyszczonych ropą naftową” (2023-2027).

Rhizosphere Microbiome of Selected Ruderal Plants

The main aim of the study was to assess the rhizosphere of ruderal vegetation collected from oil-contaminated areas. The plants were collected from under crude oil extractors in the historic Oil Mine in Węglówka. These areas have been heavily polluted and degraded (over 100 years of pollution). Nevertheless, from the closure of the mine to the present, crude oil has continued to flow spontaneously from oil wells. The following plants were selected for research: common dandelion, dandelion, horsetail, plantain, comfrey, red clover. DNA was extracted directly from the rhizosphere. The rhizosphere microbiome of ruderal plants were performed. The following analyses were determined: functional diversity using the Biolog system, next generation sequencing (NGS) of variable regions (16S rRNA for bacteria). In the plants the following analyses were assessed: biological activity of selected secondary metabolites, determination of the metabolomic profile and the content of phenolic compounds.

Mikrobiom gleb silnie zdegradowanych i długotrwanie zanieczyszczonych ropą naftową

Anna Gałązka, Anna Marzec-Grządziel, Izabela Bielawska,
Jarosław Ciepiał, Katarzyna Wiejak

Zakład Mikrobiologii
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
agalazka@iung.pulawy.pl

Celem badań było określenie mikrobiomu gleb długotrwanie zanieczyszczonych ropą naftową. Gleby zostały pobrane spod wyciągów ropy naftowej na terenie historycznej Kopalni Ropy Naftowej w Węglówce. Wykonane zostały oznaczenia: różnorodności funkcjonalnej z wykorzystaniem systemu Biolog, sekwencjonowania następnej generacji (NGS) regionów zmiennych (16S rRNA dla bakterii i ITS dla grzybów). Ponadto zostaną określone parametry chemiczne próbek roślinnych i glebowych (Corg, Nmin, Σ16 WWA i pierwiastki śladowe). Ropa naftowa i jej pochodne należą do jednych z najniebezpieczniejszych źródeł zanieczyszczeń ekosystemów. Produkty ropopochodne poprzez skażenie środowiska naturalnego stanowią czynnik zagrożenia dla zdrowia publicznego. Głównym warunkiem skutecznej bioremediacji skażonych gleb jest obecność mikroorganizmów zdolnych nie tylko do katabolicznej degradacji zanieczyszczeń, ale także posiadających szereg innych właściwości potwierdzających ich potencjał biotechnologiczny i adaptacyjny

Badania przeprowadzono w ramach realizacji projektu: NCN 2022/45/B/NZ8/02398 „Oddziaływanie między mikrobiomem, mykobiomem i metawiriomem ryzosfery i endoryzosfery roślin ruderalnych oraz ich rola w biernej i czynnej remediacji gleb silnie zdegradowanych i długotrwanie zanieczyszczonych ropą naftową” (2023-2027).

Microbiome of Soils Heavily Degraded and Long-Term Contaminated with Crude Oil

The aim of the study was to determine the microbiome of soils long-term contaminated with crude oil. Soils were collected from under oil extracts in the area of the historic Crude Oil Mine in Węglówka. The following were determined: functional diversity using the Biolog system, next-generation sequencing (NGS) of variable regions (16S rRNA for bacteria and ITS for fungi). In addition, chemical parameters of plant and soil samples will be determined (Corg, Nmin, Σ16 PAHs and trace elements). Crude oil and its derivatives are one of the most dangerous sources of ecosystem pollution. Petroleum products pose a threat to public health by contaminating the natural environment. The main condition for effective bioremediation of contaminated soils is the presence of microorganisms capable not only of catabolic degradation of pollutants, but also having a number of other properties confirming their biotechnological and adaptive potential.

Badanie potencjału bakterii środowiskowych do zwalczania patogenów grzybowych roślin uprawnych

Anna Gierut-Kot, Katarzyna Góralska, Magdalena Jopek, Weronika Walczak, Krzysztof Ambroziak

Intermag sp. z o.o., Dział Badań i Rozwoju, 32-300 Olkusz

Patogeny grzybowe stanowią istotne zagrożenie dla roślin uprawnych, powodując straty w plonach oraz wzrost kosztów produkcji rolnej. W związku z rosnącym zapotrzebowaniem na ekologiczne i zrównoważone metody ochrony roślin, bakterie środowiskowe wykazujące właściwości biokontrolne stają się obiecującym narzędziem w zwalczaniu chorób grzybowych.

W ramach przeprowadzonych badań wytypowane izolaty bakteryjne analizowano pod kątem ich zdolności do zwalczania patogenów roślin uprawnych m.in. *Fusarium spp.*, *Alternaria spp.* oraz *Botrytis cinerea*. Testy laboratoryjne obejmowały ocenę zdolności do ograniczania patogenów przez aktywną biologicznie biomasę bakteryjną oraz metabolity antagonistyczne. Ponadto, zbadano wpływ warunków hodowli mikroorganizmów na powyższe czynniki.

Wyniki wskazują, że można wzmocnić potencjał biokontrolny bakterii *Bacillus spp.* na etapie produkcyjnym oraz podkreślają znaczenie procesów biotechnologicznych w tworzeniu innowacyjnych rozwiązań dla rolnictwa.

Studying the Potential of Environmental Bacteria for Fungal Pathogen Control in Crops

Fungal pathogens pose a significant threat to crops, causing yield losses and increasing agricultural production costs. In light of the growing demand for ecological and sustainable plant protection methods, environmental bacteria with biocontrol properties are emerging as a promising tool in combating fungal diseases.

As part of the conducted research, selected bacterial isolates were analyzed for their ability to combat fungal pathogens, including *Fusarium spp.*, *Alternaria spp.*, and *Botrytis cinerea*. Laboratory tests involved assessing the capacity of bacterial biomass and antagonistic metabolites to suppress the pathogens. Additionally, the influence of cultivation conditions on these factors was examined.

The results indicate that the biocontrol potential of *Bacillus spp.* bacteria can be enhanced during the production stage as well as highlight the importance of biotechnological processes in developing innovative solutions for agriculture.

Biofilm bakteryjny ścian i sufitów tradycyjnej dojrzewalni serów Gospodarstwa Rolnego Ślesin

Weronika Goraj¹, Katarzyna Kagan¹, Agnieszka Kuźniar¹, Sara Jurczyk²,
Jacek Podlewski³, Agnieszka Wolińska¹

Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Wydział Medyczny, ul. Konstantynów 11,
20-708 Lublin, weronikagoraj@kul.pl

Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Wydział Nauk Przyrodniczych
i Technicznych, ul. Konstantynów 1 H; 20-708 Lublin
CGFP Sp. z o.o., Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

Gospodarstwo Rolne w Ślesinie w ramach „Spizarni Hrabiny Potulickiej” zajmuje się, zgodnie ze starą recepturą, produkcją tradycyjnego sera ze świeżego mleka, prosto od ślesieńskich krów. Celem niniejszej pracy była identyfikacja autochtonicznej mikrobioty (bakterii i grzybów) obecnej na ścianach i sufitach dojrzewalni serów długo dojrzewających należących do Spizarni Hrabiny Potulickiej.

Odnotowano, że bioróżnorodność zarówno bakterii, jak i grzybów w biofilmach rozwijających się na ścianach dojrzewalni sera była wyższa w porównaniu z tymi na suficie (wskaźniki bioróżnorodności były o około 30% wyższe). Wśród dominujących bakterii odnotowano rodzaje: *Amycolatopsis* (do 39%), *Pseudonocardia* (do 20%), *Salinisphaera* (około 15%) i niehodowlalne mikroorganizmy należące do rodzin Balneolaceae (do 16%) i Flavobacteriaceae (do 12%). Wśród zidentyfikowanych grzybów stwierdzono: Cordycipitaceae_gen_Incertae_sedis (do 50%), *Acremonium* (do 16%) oraz Hypocreales_gen_Incertae_sedis oraz *Neodevriesia* (do 4%).

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

Bacterial Biofilm of the Walls and Ceilings of the Traditional Cheese Ripening Room of the Ślesin Farm

The Ślesin Farm within the "Countess Potulicka's Pantry" is engaged, according to the old recipe, in making traditional cheese from fresh milk, straight from Ślesin cows. The purpose of this study was to identify the indigenous microbiota (bacteria and fungi) present on the walls and ceilings of the ripening room of long-ripened cheeses belonging to the Countess Potulicka's Pantry.

It was noted that the biodiversity of both bacteria and fungi in biofilms developing on the walls of the cheese ripening room was higher compared to those on the ceiling (biodiversity indices were about 30% higher). Among the dominant bacteria, the genera noted were: *Amycolatopsis* (up to 39%), *Pseudonocardia* (up to 20%), *Salinisphaera* (about 15%) and uncultured microorganisms belonging to the families Balneolaceae (up to 16%) and Flavobacteriaceae (up to 12%). Among the identified fungi were: Cordycipitaceae_gen_Incertae_sedis (up to 50%), *Acremonium* (up to 16%), and Hypocreales_gen_Incertae_sedis and *Neodevriesia* (up to 4%).

Potencjał funkcjonalny mikrobiomu gleby w uprawie współrzędnej roślin bobowatych i zbóż

Agata Gryta¹, Jacek Panek¹, Dominika Siegieda¹, Beata Feledyn-Szewczyk²,
Shamina Imran Pathan⁴, Giacomo Pietramellara³, Magdalena Frąc¹

¹ Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk; ² Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy; ³ Uniwersytet we Florencji
e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl; a.gryta@ipan.lublin.pl

Uprawa współrzędna zbóż z roślinami bobowatymi jest korzystna ze względu na aspekty środowiskowe i ekonomiczne, jednocześnie jest sposobem na prowadzenie zrównoważonej produkcji rolniczej. Różnorodność biologiczna gleby w systemie uprawy współrzędnej zbóż i roślin bobowatych umożliwia zwiększenie efektywności wiązania azotu, tworzenia korzystnych warunków biochemicznych m.in. poprzez różnorodność eksudatów korzeniowych. Takie warunki przyczyniają się do poprawy jakości stanu środowiska glebowego jak również samych roślin. Analiza mikrobiomu glebowego w kontekście określenia potencjału funkcjonalnego bakterii została przeprowadzona na podstawie wyników sekwencjonowania fragmentu 16S V3-V4 przy użyciu narzędzia bioinformatycznego PICRUSt2, które umożliwia przewidywanie funkcji zbiorowiska mikroorganizmów na podstawie danych sekwencjonowania amplikonów.

Badania finansowane w ramach Programu Horyzont Europa, numer umowy: Project 101082289 — LEGUMINOSE

Functional Potential of Soil Microbiome in Intercropping of Legumes and Cereals

Intercropping cereals with legumes is beneficial due to environmental and economic aspects, and at the same time, it is a way to conduct sustainable agricultural production. Soil biodiversity in the intercropping system of cereals and legumes allows for increased efficiency of nitrogen fixation, creation of favourable biochemical conditions, among others, through the diversity of root exudates. Such conditions contribute to the improvement of the quality of the soil environment as well as the plants. Analysis of the soil microbiome in the context of determining the functional potential of bacteria was carried out based on the results of sequencing of the 16S V3-V4 fragment using the PICRUSt2 bioinformatic tool, which allows for the prediction of the function of the microbial community based on amplicon sequencing data.

This study was supported in the framework of the Horizon Europe Programme, agreement no. Project 101082289 — LEGUMINOSE

Odpowiedź transkrypcyjna *Rhizobium leguminosarum* sv. *trifolii* na stres niskiej temperatury

Monika Janczarek, Paulina Adamczyk

Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie;
monika.janczarek@mail.umcs.pl

Rhizobium leguminosarum sv. *trifolii* (*Rlt*) to glebowa bakteria zdolna nawiązywać symbiotyczne interakcje z różnymi gatunkami koniczyn (*Trifolium* spp.). Niska temperatura jest jednym z istotnych czynników abiotycznych wpływających na przeżycie tej bakterii w środowisku glebowym. W celu określenia wpływu tego czynnika stresowego na ekspresję genów *Rlt*, bakterie te były inkubowane w 10°C przez 3 godz. (stres niskiej temperatury) i 24 godz. (aklimatyzacja do niskiej temperatury). Bakterie inkubowane w 25°C stanowiły kontrolę. Analiza porównawcza transkryptomów bakterii *Rlt* inkubowanych w różnych warunkach temperaturowych potwierdziła, że posiadają one mechanizmy adaptacyjne zapewniające szybko i efektywną odpowiedź na stres niskiej temperatury. W grupie kilkudziesięciu genów, których ekspresja była indukowana w tych warunkach, zidentyfikowano m.in. geny kodujące białka szoku zimna CSP (ang. Cold Shock Proteins), różne czynniki transkrypcyjne oraz białka rybosomalne. Zaobserwowano niewielkie różnice w profilu transkryptomów *Rlt* w zależności od długości czasu ekspozycji na niską temperaturę, co wskazuje na udział różnych genów w adaptacji do krótkotrwałego i długotrwałego stresu zimna.

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

Transcriptomic Response of *Rhizobium leguminosarum* sv. *trifolii* to Low Temperature Stress

Rhizobium leguminosarum sv. *trifolii* (*Rlt*) is a soil bacterium capable of establishing symbiotic interactions with various clover species (*Trifolium* spp.). A low temperature is one of the most important abiotic factors affecting survival of this bacterium in the soil environment. To determine the influence of this stress factor on the expression of the *Rlt* genes, the bacteria were incubated at 10°C during 3 h (low temperature stress) or 24 h (acclimatization to low temperature). Bacteria incubated at 25°C were used as a control. Comparative transcriptomic analysis of the bacteria incubated at different temperatures confirmed that they possess adaptation mechanisms ensuring a rapid and effective response to the low temperature. Among the genes, whose expression was induced under these conditions, genes encoding CSP (Cold Shock Proteins), several transcription factors, and ribosomal proteins were identified. Some differences in the transcriptomic profiles of *Rlt* were observed, depending on exposition time to low temperature. This indicated on the participation of different genes in adaptation to short- and long-term cold stress.

This work was supported by the grant of NCN, No. 2018/31/B/NZ9/00663

***Sporobolomyces ruberrimus* aktywnie chroni roślinę przed metalami: zmiany w homeostazie metali roślin i metabolizmie wtórnym grzyba**

Roman J. Jędrzejczyk^{1*}, Agnieszka Domka², Rafał Ważny¹, Dominika Pawcenis³, Damian Chlebdą³, Przemysław Jodłowski⁴, Piotr Rozpądek¹

¹ Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński, Gronostajowa 7A, 30-387 Kraków, Polska

² Instytut Botaniki Polskiej Akademii Nauk im. W. Szafera, Lubicz 46, 31-512 Kraków, Polska

³ Wydział Chemii, Uniwersytet Jagielloński, Gronostajowa 2, 30-387 Kraków, Polska

⁴ Wydział Inżynierii i Technologii Chemicznej, Politechnika Krakowska, Warszawska 24, 30-155 Kraków, Polska

Endofityczny grzyb *Sporobolomyces ruberrimus* chroni roślinę *Arabidopsis arenosa* przed toksycznością metali, zwiększając jej biomasę i ograniczając objawy stresu w warunkach imitujących hałdę pokopalnianą (nadmiar Fe, Zn, Cd). Grzyb wytrąca żelazo w postaci amorficznych (oksy)wodorotlenków i fosforanów, ograniczając ekspozycję rośliny na metale. Stres metalowy oddziałuje na syntezę karotenoidów w komórkach grzyba, powodując zmianę z β -karotenu na torulen lub jego pochodne. Barwniki te zidentyfikowano za pomocą technik chromatograficznych (HPLC-DAD-MS, GC-MS) i spektroskopowych (FTIR, Raman, UV-Vis). Wyniki analiz instrumentalnych korelowały z danymi transkryptomycznymi, wskazując na aktywację szlaków związanych z detoksykacją metali i biosyntezą metabolitów wtórnych. Badanie podkreśla potencjał grzyba w ochronie roślin przed szkodliwymi warunkami środowiskowymi. Co więcej, może być wykorzystany w zrównoważonej biosyntezie bioaktywnych związków w warunkach stresu środowiskowego.

*roman.jedrzejczyk@uj.edu.pl

Badania były finansowane z grantów NCN: Miniatura 2023/07/X/ST4/00710, OPUS 2021/43/B/NZ9/03034, 2017/27/B/NZ8/01199

***Sporobolomyces ruberrimus* Actively Protects the Plant Against Metals: Changes in Plant Metal Homeostasis and Secondary Metabolism in the Fungus**

The endophytic fungus *Sporobolomyces ruberrimus* protects *Arabidopsis arenosa* from metal toxicity enhancing biomass production and reducing stress symptoms under mine dump-like conditions (excess Fe, Zn, Cd). The fungus precipitates iron as amorphous (oxy)hydroxides and phosphates, effectively reducing the plants exposure to toxic metals. Metal stress affects carotenoid biosynthesis by the fungus, shifting production from β -carotene to torulene or its derivatives. These dyes were identified using chromatographic (HPLC-DAD-MS, GC-MS) and spectroscopic (FTIR, Raman, UV-Vis) techniques. Instrumental analyses correlated with transcriptomic data, revealing the activation of pathways related to metal detoxification and secondary metabolite biosynthesis. This study highlights the fungus' potential in protection of plants from elevated metal concentrations in soil. Moreover, the fungus can be used in sustainable production of bioactive compounds under abiotic stress, with promising applications in green biotechnology.

Parametry aktywności i bioróżnorodności mikroorganizmów jako narzędzie do monitorowania gleb Poleskiego Parku Narodowego i jego okolic

Jolanta Joniec, Edyta Kwiatkowska

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

Parametry aktywności i bioróżnorodności mikroorganizmów glebowych są czułymi wskaźnikami zmian zachodzących w środowisku. Ze względu na wysoką czułość są wykorzystywane nie tylko w ocenie wpływu różnego rodzaju antropopresji, czy skuteczności rekultywacji, ale również w ocenie podjętych działań ochronnych. W prezentowanych badaniach oceniano wpływ formy ochrony przyrody, jaką jest park narodowy na mikroorganizmy w glebach pobranych z pól i nieużytków zlokalizowanych w parku i w jego okolicy. Ponadto analizowano skuteczność 2 i 10 letniej rekultywacji gleby skałą płonną. Analizowane aktywności wykazywały różnice w zależności od lokalizacji, a w przypadku rekultywacji w zależności od czasu jej trwania. Liczebności bakterii osiągnęły wyższe wartości w glebach poza parkiem, natomiast liczebności grzybów w parku. Stężenie DNA oraz aktywność β-glukozydazy w przypadku gleb pobranych z pól kształtowały się na zbliżonym poziomie. Natomiast w przypadku gleb nieużytków były wyższe poza parkiem. Ponadto wszystkie analizowane parametry osiągnęły wyższe wartości w glebie poddanej 10-letniej rekultywacji.

Badania zostały częściowo sfinansowane w ramach projektu UBAD.WRM.24.104, pt. „Parametry aktywności i bioróżnorodności mikroorganizmów oraz fitotoksyczności, jako narzędzie do monitorowania gleb Poleskiego Parku Narodowego”, realizowanego jako część Programu Strategicznego: RAZEM DLA BIORÓŻNORODNOŚCI ze środków Funduszu Badań i Działania na rzecz Ochrony Środowiska na obszarze Lubelskiego Zagłębia Węglowego: GRANTY DLA NAUKOWCÓW”

Parameters of Activity and Biodiversity of Microorganisms as a Tool for Monitoring the Soils of the Polesie National Park and its Surroundings

The parameters of soil microorganism activity and biodiversity are sensitive indicators of changes occurring in the environment. Due to their high sensitivity, they are used not only in assessing the impact of various types of anthropogenic pressure, the effectiveness of reclamation, but also in assessing the undertaken protective measures. The presented research assessed the impact of the national park form of nature protection on microorganisms in soils collected from fields and wastelands located in the park and its surroundings. In addition, the effectiveness of 2- and 10-year soil reclamation with gangue was analyzed. The analysed activities showed differences depending on the location, and in the case of reclamation, depending on its duration. Bacterial counts reached higher values in the soils outside the park, whereas fungi counts reached higher values in the park. DNA concentration and β-glucosidase activity in the case of soils collected from fields were at a similar level. However, in the case of wasteland soils, they were higher outside the park. Moreover, all analysed parameters reached higher values in the soil subjected to 10 years of reclamation.

Zmienność bakterii *Legionella* spp. w środowiskach antropogenicznych – analiza genomowa izolatów z budynków użyteczności publicznej

Piotr Koper, Kamil Żebracki, Jakub Wysokiński, Marta Palusińska-Szys, Andrzej Mazur

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

Bakterie z rodzaju *Legionella* kolonizują systemy wodne w środowiskach antropogenicznych, gdzie ich obecność może prowadzić do przypadków legionellozy. Kluczowym czynnikiem warunkującym ich zdolność do infekcji komórek gospodarza jest układ sekrecji typu IV (T4SS) Dot/Icm, który umożliwia transfer licznych białek efektorowych do komórek eukariotycznych. W niniejszym badaniu przeanalizowano 30 genomów *Legionella* wyizolowanych z instalacji wodnych różnych budynków użyteczności publicznej. Genomy zostały poddane pełnemu sekwencjonowaniu oraz analizie porównawczej pod kątem obecności plazmidów, genów wirulencji i efektorów Dot/Icm. Pomimo ogólnego podobieństwa wielkości genomów i konserwacji genów rdzeniowych, zaobserwowano istotne różnice w składzie zestawów efektorów T4SS, co może przekładać się na różnice w potencjale infekcyjnym szczepów. Częstość występowania plazmidów w genomach wyizolowanych szczepów była zróżnicowana w zależności od lokalizacji instalacji. Wyniki te poszerzają wiedzę o zmienności mobilomu i repertuaru efektorów *Legionella* w środowiskach antropogenicznych oraz mogą znaleźć zastosowanie w działaniach prewencyjnych i ocenie ryzyka zdrowotnego.

Badanie finansowane w ramach projektu NCN SONATA nr 2022/47/D/NZ8/00258.

Genomic Variability of *Legionella* spp. in Anthropogenic Environments – Analysis of Strains from Public Utility Buildings

Legionella bacteria can colonize anthropogenic water systems and cause outbreaks of legionellosis. A key factor underlying their ability to infect eukaryotic cells is the Dot/Icm type IV secretion system (T4SS), which delivers a diverse set of effector proteins into host cells. In this study, we analyzed 30 *Legionella* genomes isolated from water systems of various public utility buildings. Whole-genome sequencing was followed by comparative genomic analysis focusing on plasmid content, virulence-associated genes, and T4SS effector repertoires. While the overall genome sizes and content of core genes were conserved, we observed significant differences in the Dot/Icm effector sets across strains, which may reflect variable pathogenic potential. The frequency of plasmids in the genomes of the strains obtained varied considerably between the locations of the water systems. These findings provide insights into the diversity of the *Legionella* mobilome and effector arsenal in anthropogenic environments, with potential implications for microbial risk assessment and prevention strategies.

This study was funded by the National Science Centre, Poland (project SONATA no. 2022/47/D/NZ8/00258).

Potencjał przeciwbakteryjny frakcji eteru dietylowego z *Tradescantia spathacea*

Klaudia Kosak, Monika Janeczko

Katedra Biologii Molekularnej, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

W niniejszym badaniu skupiono się na ocenie właściwości przeciwbakteryjnych frakcji eteru dietylowego otrzymanych z ekstraktów etanolowych suszonych liści *Tradescantia spathacea* var. *concolor* i *Tradescantia spathacea* var. *bicolor* wobec wybranych szczepów bakteryjnych. W obliczu narastającego problemu antybiotykooporności roślinne związki bioaktywne zyskują coraz większe znaczenie jako potencjalne środki wspomagające lub profilaktyczne w leczeniu zakażeń. Aktywność przeciwbakteryjną oceniono na podstawie minimalnych stężeń hamujących (MIC), określonych metodą rozcieńczeń w podłożu płynnym. Spośród uzyskanych wyników szczególnie wyróżniają się wartości MIC dla frakcji TC-EtOH-DE: 0,1875 mg/ml wobec *Micrococcus luteus* oraz 0,375 mg/ml wobec *Klebsiella oxytoca*. Zaobserwowana aktywność przeciwbakteryjna wskazuje, że *T. spathacea* może stanowić obiecujące źródło związków bioaktywnych, co czyni ją wartościowym obiektem dalszych analiz fitochemicznych i mikrobiologicznych.

Antibacterial Potential of Diethyl Ether Fractions from *Tradescantia spathacea*

This study focused on evaluating the antibacterial properties of diethyl ether fractions obtained from ethanol extracts of dried leaves of *Tradescantia spathacea* var. *concolor* and *Tradescantia spathacea* var. *bicolor* against selected bacterial strains. In the face of the growing problem of antibiotic resistance, plant-derived bioactive compounds are gaining increasing attention as potential supportive or preventive agents in the treatment of infections. Antibacterial activity was assessed based on the minimum inhibitory concentrations (MIC), determined using the broth dilution method. Among the results, the most notable MIC values for the TC-EtOH-DE fraction were 0.1875 mg/ml against *Micrococcus luteus* and 0.375 mg/ml against *Klebsiella oxytoca*. The observed antibacterial activity suggests that *T. spathacea* may be a promising source of bioactive compounds, making it a valuable subject for further phytochemical and microbial analyses.

Zmiany aktywności mikrobiologicznej gleb ściółkowanych odpadami celulozowo-drzewnymi w uprawach ogrodniczych

Beata Kowalska, Magdalena Szczech, Jadwiga Treder,
Anna Michalska, Jolanta Winciorek

Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy

Jednym z podstawowych założeń projektu pt. „Poprawa stanu gleby poprzez wykorzystanie odpadowego pelletu celulozowo-skalnego oraz impregnowanych zrębków drzewnych” jest poprawa właściwości mikrobiologicznych, a w konsekwencji zwiększenie żyzności gleb wykorzystywanych rolniczo i w terenach zieleni. W tym celu stosowana jest aplikacja do gleby lub ściółkowanie przy użyciu pelletów celulozowo-skalnych oraz zrębków drzewnych impregnowanych nawozami mineralnymi. Istotnym elementem projektu są korzyści środowiskowe, czyli zagospodarowanie odpadów z przemysłu papierniczego i kamieniarskiego, ograniczenie emisji CO₂ ze spalania odpadów papierowych i składowania szlamów skalnych na wysypiskach. Badane produkty są aplikowane pojedynczo oraz łącznie w uprawie ziemniaków, cebuli, mieczyków oraz tulipanów. Doświadczenia prowadzone są na skalę przemysłową u wybranych producentów na terenie Polski. W czasie wegetacji roślin kilkakrotnie badane są następujące parametry mikrobiologiczne gleby: liczebność wskaźnikowych grup bakterii i grzybów oraz aktywność dehydrogenaz i ureazy. Ponadto za pomocą testów BIOLOG oceniana jest aktywność i bioróżnorodność mikrobiologiczna. Oczekuje się, że produkty odpadowe będzie można stosować w uprawach, a efektem będzie poprawa warunków glebowych.

*Projekt współfinansowany przez UE w ramach Programu LIFE i NFOSiGW
Project 101113635 — LIFE22-ENV-PL-SoilLifeBoats*

Changes in Microbial Activity of Soils Mulched with Cellulose and Wood Waste in Horticultural Crops

One of the primary objectives of the project “Soil condition improvement through cellulose-rock pellets and impregnated wood chips,” is to improve microbiological properties and consequently increase the fertility of soils used for agriculture and landscaping by applying cellulose-rock pellets and wood chips impregnated with mineral fertilizers to soils or mulching. An important element is the environmental benefits, namely the management of waste from the paper and stone industry, the reduction of CO₂ emissions from the burning of paper waste and the landfilling of rock sludge. The studied products are applied individually and in combination in the cultivation of potatoes, onions, gladiolus and tulips. The experiments are conducted on an industrial scale at selected producers in Poland. During the vegetation of plants, the following soil microbiological parameters are tested several times: the abundance of indicated groups of bacteria and fungi, as well as the activity of dehydrogenases and ureases. In addition, microbial activity and biodiversity are evaluated using BIOLOG tests. It is expected that the waste products used will positively affect the microbial activity of the soil, and as a result improve soil fertility.

Mikroorganizmy wykorzystywane do produkcji biopreparatów

Monika Kozieł

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

W dzisiejszych czasach stosowanie biopreparatów jest istotnym elementem zrównoważonej praktyki rolniczej, która minimalizuje negatywny wpływ na środowisko naturalne. Biopreparaty są tworzone na bazie drobnoustrojów (bakterie lub/i grzyby) o pożądanym właściwościach. Wyselekcjonowane mikroorganizmy zawarte w biopreparatach oddziałują bezpośrednio na rośliny, pobudzając ich wzrost i rozwój poprzez biosyntezę substancji biologicznie czynnych (np. hormonów, witamin), poprawiają odżywianie roślin, np. azotem i fosforem, oraz zapewniają biologiczną ochronę przed fitopatogenami.

Wśród stosowanych mikroorganizmów w składzie biopreparatów dominują bakterie z rodzaju *Azospirillum*, *Azotobacter*, *Bacillus*, *Pseudomonas* i *Rhizobium* oraz grzyby z rodzaju *Aspergillus*, *Beauveria*, *Penicillium* i *Trichoderma*.

Opracowanie przygotowane zostało w ramach zadania 1.7 dotacji celowej MRiRW w 2025 r. pt. „Preparaty mikrobiologiczne”

Microorganisms Used for the Production of Biopreparations

Nowadays, the use of biopreparations is an important element of sustainable agricultural practice that minimizes the negative impact on the natural environment. Microorganisms, including fungi, bacteria and yeasts are involved in biopreparations production. Selected microorganisms contained in biopreparations support plant growth as a result of the biosynthesis of growth regulators (e.g. hormones, vitamins), improve the plant nutrition, e.g. with nitrogen and phosphorus, biocontrol of phytopathogens.

Microorganisms commonly used in biopreparation include bacteria from the genera *Azospirillum*, *Azotobacter*, *Bacillus*, *Pseudomonas* and *Rhizobium* as well as fungi from the genera *Aspergillus*, *Beauveria*, *Penicillium* and *Trichoderma*.

Identyfikacja szczepów bakterii solubilizujących fosforany zdolnych do promowania wzrostu pszenicy ozimej

Monika Koziel, Anna Gałązka

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Celem badań było określenie przynależności gatunkowej 27 szczepów PSB wyizolowanych z gleb ornych Polski oraz ocena wpływu inokulacji na wzrost pszenicy ozimej.

Przynależność gatunkowa wszystkich izolatów została określona na podstawie sekwencjonowania fragmentu genu 16S rRNA. Wśród szczepów znalazły się bakterie należące do rodzajów: *Bacillus*, *Collimonas*, *Inquilingus*, *Paraburkholderia*, *Phyllobacterium*, *Pseudomonas*, *Rhizobium*, *Sphingomonas*, a także promieniowce z rodzaju *Streptomyces*.

W przeprowadzonym doświadczeniu wazonowym analizowano wpływ badanych szczepów PSB na świeżą i suchą masę części nadziemnych i korzeni pszenicy ozimej (odmiana Memory). Zaszczepienie nasion pszenicy bakteriami solubilizującymi fosforany na ogół nie miało istotnego wpływu na plonowanie i wzrost korzeni tej rośliny. Największą średnią suchą masę części nadziemnych uzyskano dla szczepów *Phyllobacterium trifolii*, *Sphingomonas panacis*, *Paraburkholderia ginsengisoli*, *Pseudonana arsenicoxydans* i *Paraburkholderia caledonica*, natomiast najwyższą wartość średniej suchej masy korzeni uzyskano w przypadku szczepów *Bacillus ginsengihumi*, *Paraburkholderia caledonica* i *Pseudomonas helmanticensis*.

Opracowanie przygotowane zostało w ramach zadania 1.7 dotacji celowej MRiRW w 2025 r. pt. „Preparaty mikrobiologiczne”

Identification of Phosphate Solubilizer Bacteria Strains and Their Effect on Growth of Winter Wheat

The aim of the present study was to genetic identification of 27 phosphate solubilizing bacteria strains isolated from Polish arable soils and investigate their potential for plant growth promotion.

On the basis of the 16S rRNA gene sequence analysis, the bacterial isolates belonging to the genera: *Bacillus*, *Collimonas*, *Inquilingus*, *Paraburkholderia*, *Phyllobacterium*, *Pseudomonas*, *Rhizobium*, *Sphingomonas*, as well as actinomycetes of the genus *Streptomyces*.

In the pot experiment, the influence of the tested PSB strains on the fresh and dry weight of the aerial parts and roots of winter wheat (Memory variety) was analyzed. The highest mean weight of the aerial parts was obtained for the strains *Phyllobacterium trifolii*, *Sphingomonas panacis*, *Paraburkholderia ginsengisoli*, *Pseudonana arsenicoxydans* i *Paraburkholderia caledonica*, while the highest value of the mean weight of the roots was obtained for the strains *Bacillus ginsengihumi*, *Paraburkholderia caledonica* i *Pseudomonas helmanticensis*.

Czynniki wirulencji, lekooporność i grupy filogenetyczne uropatogennych *Escherichia coli* izolowanych od psów i kotów

Jolanta Kutkowska¹, Katarzyna Gorzkiewicz¹, Karolina Wrześniewska²

¹Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Wydział Biologii i Biotechnologii, UMCS, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin; ²Uniwersytet Przyrodniczy, Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Katedra i Klinika Chorób Wewnętrznych Zwierząt, ul. Głęboka 30, 20-612 Lublin

Zakażenie układu moczowego jest częstą chorobą ludzi i zwierząt domowych, jej leczenie jest trudne, ze względu na wysokie ryzyko nawrotu lub przejścia w stan chroniczny. Głównym bakteryjnym czynnikiem etiologicznym jest *Escherichia coli*.

Celem pracy było określenie profili oporności na antybiotyki, grup filogenetycznych oraz genów kodujących czynniki wirulencji szczepów *E. coli* wyizolowanych od psów i kotów z zakażeniem dróg moczowych.

Najwyższy poziom lekooporności stwierdzono na antybiotyki β-laktamowe, a najniższy na fluorochinolony. Obserwowano wysoki stopień oporności na aminoglikozydy, tetracykliny i sulfonamidy. 30% badanych szczepów zaliczono do wielolekoopornych MDR. Cztery izolaty wytwarzały cefalosporynazę AmpC, a jeden z nich również β-laktamazy o rozszerzonym spektrum substratowym (ESBL).

Stwierdzono, że wśród izolatów *E. coli* dominowały grupy filogenetyczne D (47%, w tym 5 MDR) oraz B2 (41%, 5 MDR), a tylko 4 izolaty sklasyfikowano jako filogrupę A (szczepy komensalne, 2 MDR). Obecność genów *curli csgA* i systemu pobierania żelaza *iroN* i *irp2* (salmochelina i yersinobaktyna) potwierdzono u większości izolatów (85%-96%), u 55% również geny kodujące pile typu P *papC*, natomiast geny *bcs* (synteza celulozy) i *fliC* (flagelina) tylko u kilku izolatów (<20%).

Virulence Factors, Drug Resistance and Phylogenetic Groups of Uropathogenic *Escherichia coli* Isolated from Dogs and Cats

Urinary tract infection is a common disease of humans and pets, its treatment is difficult due to the high risk of recurrence or progression to a chronic condition. The main bacterial etiological agent is *Escherichia coli*.

The aim of this study was to determine antibiotic resistance profiles, phylogenetic groups and genes encoding virulence factors of *E. coli* strains isolated from dogs and cats with urinary tract infection.

The highest level of drug resistance was found to β-lactam antibiotics, and the lowest to fluoroquinolones. High levels of resistance to aminoglycosides, tetracyclines and sulfonamides were observed. 30% of the tested strains were classified as multidrug resistant MDR. Four isolates produced AmpC cephalosporinase, and one of them also produced extended substrate spectrum β-lactamases (ESBLs).

It was found that among the *E. coli* isolates, the predominant phylogenetic groups were D (47%, including 5 MDR) and B2 (41%, 5 MDR) predominated among the isolates, while only 4 isolates were classified as phylogroup A (commensal strains, 2 MDR). The presence of *curli csgA* and iron uptake system genes *iroN* and *irp2* (salmochelin and yersinobactin) was confirmed in the majority of isolates (85%-96%), in 55% also genes encoding P-type pile *papC*, while *bcs* (cellulose synthesis) and *fliC* (flagellin) genes were confirmed in only a few isolates (<20%).

Odporność na środki przeciwdrobnoustrojowe oraz charakterystyka genomowa szczepów *E. faecalis* i *E. faecium* izolowanych ze stad indyków w Polsce

Renata Kwit, Inga Bona, Magdalena Zając, Magdalena Skarżyńska,
Anna Lalak, Ewelina Skrzypiec, Paulina Pasim, Emilia Mikos-Wojewoda,
Weronika Koza, Dominika Wojdat, Dominika Pastuszka,
Sylwia Hudzik-Pałosz, Dariusz Wasyl

Państwowy Instytut Weterynaryjny Państwowy Instytut Badawczy, Dział Bakteriologii i Chorób Bakteryjnych Zwierząt

Enterococcus (E.) faecium i *E. faecalis* dzięki swoim cechom mogą pełnić rolę organizmów wskaźnikowych odzwierciedlających aktualną sytuację rozprzestrzeniania antybiotykooporności wśród bakterii w danym środowisku. Badania przeprowadzono na szczepach: *E. faecium* (n = 21) oraz *E. faecalis* (n = 85). Wartości MIC określono z wykorzystaniem panelu EUVENC mikroplitek Sensitire. WGS wykonano na platformie NextSeq. Analizy przeprowadzono przy użyciu platformy Galaxy ARIES. Oporność na co najmniej jedną z badanych substancji przeciwdrobnoustrojowych potwierdzono u ponad 80% badanych szczepów. Ponadto 25,88% *E. faecalis* oraz 57,14% *E. faecium* charakteryzowało się wielolekoopornością. Najczęściej obserwowana oporność niezależnie od gatunku drobnoustroju dotyczyła tetracykliny co wynikało z obecności genów *tet(M)*, *tet(L)*, *tet(O)*. Badania potwierdziły dużą różnorodność wśród typów sekwencyjnych (ST) izolatów, ujawniono również obecność nieopisanych dotąd typów ST. Wysoki odsetek enterokoków opornych na substancje przeciwbakteryjne jest alarmujący, dlatego niezwykle ważne jest monitorowanie tego zjawiska oraz dokładne poznanie warunkujących je czynników genetycznych.

Antimicrobial Resistance and Genomic Characterization of *E. faecalis* and *E. faecium* Strains Isolated from Turkey Flocks in Poland

Enterococcus (E.) faecium and *E. faecalis*, due to their features, can act as indicator organisms reflecting the current situation of the spread of antibiotic resistance among bacteria in an environment. The studies were conducted on the strains: *E. faecium* (n = 21) and *E. faecalis* (n = 85). MIC values were determined using the EUVENC Sensitire microplate panel. WGS was performed on the NextSeq platform. Analyses were performed using the Galaxy ARIES platform. Resistance to at least one of the tested antimicrobial substances was confirmed in over 80% of the tested strains. In addition, 25.88% of *E. faecalis* and 57.14% of *E. faecium* were characterized by multidrug resistance. The most frequently observed resistance, regardless of the microorganism species, concerned tetracycline, which resulted from the presence of the *tet(M)*, *tet(L)*, *tet(O)* genes. Studies have confirmed a large diversity among the sequence types (ST) of isolates, and the presence of previously undescribed ST types has also been revealed. The high percentage of enterococci resistant to antibacterial substances is an alarming therefore, it is extremely important to monitor this phenomenon and to understand the genetic factors that determine it thoroughly.

Charakterystyka filogenetyczna *Salmonella* Enteritidis izolowanych w latach 1980-2020 od drobiu w Polsce

Anna Lalak, Inga Bona, Magdalena Skarżyńska, Renata Kwit, Paulina Pasim, Dominika Wojdat, Dominika Pastuszka, Sylwia Hudzik-Pałosz, Dariusz Wasyl

¹Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy, Dział Bakteriologii i Chorób Bakteryjnych Zwierząt

Spośród ponad 2600 serowarów *Salmonella*, *S. Enteritidis* stanowi najczęstszą przyczynę zachorowań zarówno ludzi, jak i zwierząt.

Analizom poddano 154 szczepy tego serowaru uzyskanych w latach 1980-2020 od drobiu. Sekwencjonowanie genomowe wykonano z wykorzystaniem platformy Illumina. Przeprowadzone analizy wykazały zróżnicowanie genetyczne szczepów *S. Enteritidis*. Odnotowano nieopisany wcześniej typ sekwencyjny ST11643, który charakteryzował się nowym wariantem genu *aroC*(~5). W jednym z izolatów zidentyfikowano niespotykaną dotąd mutację genów *purK* i *purE*, w wyniku której doszło do ich połączenia z częściową delecją genu *purE*. Dodatkowo potwierdzono obecność replikonów plazmidowych, powiązanych z przenoszeniem genów oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe oraz mutacji punktowych w regionie determinującym oporność na chinolony genu *gyrA*, co wskazuje na znaczny potencjał zoonotyczny analizowanych izolatów. Na podstawie przeprowadzonych analiz nie udało się zidentyfikować konkretnej determinanty warunkującej zjawisko sukcesu epidemiologicznego *S. Enteritidis*, w związku z czym konieczne jest przeprowadzenie bardziej szczegółowych badań.

Phylogenetic Characterization of *Salmonella* Enteritidis Isolated from Poultry in Poland, in 1980-2020

Among over 2,600 *Salmonella* serovars, *S. Enteritidis* is the most common cause of illness in both humans and animals.

This study analyzed 154 *S. Enteritidis* strains of this serovar obtained from poultry between 1980 and 2020. Whole-genome sequencing was performed using the Illumina platform. The analyses showed genetic diversity of *Salmonella* Enteritidis strains. The recorded novel ST11643 sequence type was characterized by a new *aroC* variant (~5). In one isolate, an unprecedented mutation involving the *purK* and *purE* genes was noted. It resulted in a partial deletion of the *purE* gene. Furthermore, plasmid replicons associated with the transmission of antimicrobial resistance genes were confirmed. Point mutations were also detected in the quinolone resistance-determining region of the *gyrA* gene, indicating a significant zoonotic potential of the analyzed isolates. Based on the analyses conducted, it was not possible to identify a specific determinant of the epidemiological success of *S. Enteritidis*, therefore further, deeper analyses are necessary.

Zmiany składu populacji bakterii na różnych etapach produkcji śniegu technicznego, czyli analiza bakteryjnych podróży z wykorzystaniem NGS

Anna Lenart-Boroń¹, Klaudia Stankiewicz¹, Natalia Czernecka²,
Anna Ratajewicz², Piotr Boroń³

¹ Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Wydział Rolniczo-Ekonomiczny, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

² Sekcja Mikrobiologii Koła Naukowego Biotechnologów HELISA, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

³ Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Wydział Leśny, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

Zbadano skład populacji bakterii techniką sekwencjonowania nowej generacji hiperzmiennego regionu V3-V4 16S rRNA, w 14 punktach stanowiących różne etapy produkcji śniegu technicznego w dwóch stacjach narciarskich, korzystających ze wspólnego ujęcia wody, stale zanieczyszczonego przez dopływ niedostatecznie oczyszczonych ścieków z oczyszczalni oraz nielegalne zrzuty ścieków bytowych z okolicznych gospodarstw. Badane punkty obejmowały: zrzut ścieków z oczyszczalni, ujęcie wody do naśnieżania, zbiorniki techniczne z filtrami UV i napowietrzaniem, filtry armatek śnieżnych, świeżo wytworzony śnieg techniczny, śnieg zalegający na stokach, wodę z roztopów, odpływ ze zbiorników oraz osady zgromadzone w zbiornikach po sezonie. Zrzut ścieków z oczyszczalni i ujęcie wody rzecznej charakteryzują się typowym składem mikrobioty z taksonami np. *Enterobacteriaceae* i *Microthrix* przy oczyszczalni, *Flavobacterium*, *Nocardia* w ujęciu. Zbiorniki pełnią ważną rolę w zmniejszeniu udziału mikroorganizmów stanowiących zanieczyszczenie mikrobiologiczne, jednocześnie zwiększając udział bakterii zimnolubnych i odpornych na trudne warunki (np. *Sphingomonas*, *Comamonas*, *Pseudomonas*), tym samym wpływają na skład populacji bakterii w wodach górskich.

Bacterial Community Shifts During Technical Snow Production: Microbial Journey Traced by NGS

Bacterial community composition of 14 sites at different stages of technical snowmaking was examined using next generation sequencing of hypervariable V3-V4 16S rRNA region. The study was conducted in two ski resorts using a common water intake, constantly polluted by inflow of insufficiently treated sewage from the local treatment plant and illegal discharges of domestic sewage. The studied sites included: wastewater discharge from the treatment plant, water intake for technical snowmaking, technical reservoirs with UV light disinfection and aeration, snow cannon filters, freshly produced technical snow and snow lying on the slopes, meltwater, reservoir runoff and reservoir sediments. Wastewater discharge from treatment plant and river water intake are characterized by typical bacterial community with taxa such as *Enterobacteriaceae* and *Microthrix* at the discharge, *Flavobacterium*, *Nocardia* at the intake. Reservoirs play an important role in reducing the share of microbial contaminants, while increasing the share of cold-tolerant bacteria (e.g. *Sphingomonas*, *Comamonas*, *Pseudomonas*), thus affecting bacterial community in mountain aquatic environment.

Zintegrowana analiza bioróżnorodności mikroorganizmów wybranych matryc środowiskowych

Rafał Łopucki¹, Adam Kiersztyn², Anna Kruczyńska³, Weronika Goraj³, Artur Banach³, Tomasz Lenard⁴, Marcin Skowronek¹, Angelika Kliszczy⁵, Jacek Podlewski⁶, Andrzej Słomczewski⁶, Agnieszka Kuźniar⁷

¹The John Paul II Catholic University of Lublin, Department of Biomedicine and Environmental Research, ²Lublin University of Technology, Department of Computational Intelligence, ³The John Paul II Catholic University of Lublin, Department of Microbiology and Translational Medicine, ⁴The John Paul II Catholic University of Lublin, Department of Physiology and Toxicology, ⁵University of Agriculture in Cracow, Department of Agroecology and Plant Production, ⁶CGFP sp. z o.o., ⁷The John Paul II Catholic University of Lublin, Laboratory of Genomics and Genetics

Mikroorganizmy tworzą gęstą sieć interakcji łączącą wszystkie poziomy organizacji agroekosystemów, od mineralnych cząstek gleby, przez rośliny, aż po organizmy różnych gatunków zwierząt bezkręgowych i kręgowych. W praktyce badawczej i monitoringowej często jednak różnorodność mikrobioty analizowana jest osobno dla poszczególnych elementów środowiska, przez co otrzymywana jest jedynie fragmentaryczna wiedza na temat struktury i funkcjonowania tego elementu środowiska. Zaprezentowano, jak za pomocą wielowymiarowych modeli statystycznych, wykorzystujących metody uczenia maszynowego można analizować profile mikrobiologiczne różnych matryc środowiskowych. Wykazano w jaki sposób integracja danych z różnych nisz odsłania pełniejszy obraz procesów wymiany mikroorganizmów i pozwala wychwycić elementy wspólne, które w największym stopniu determinują odporność ekosystemu na presję klimatyczną i antropogeniczną.

Badania sfinansowane przez CGFP Sp. z o.o. w ramach projektu pt. „Optymalizacja podejścia metodycznego badania wpływu biostymulatorów mikrobiologicznych na agroekosystem”

Integrated Analysis of Microbial Biodiversity in Selected Environmental Matrices

Microorganisms form a dense network of interactions that links every organizational level of agroecosystems – from mineral soil particles, through plants, to both invertebrate and vertebrate animals. In routine research and monitoring, however, microbiota diversity is often examined separately within each environmental compartment, yielding only a fragmented understanding of system structure and function. This study demonstrates how multidimensional statistical frameworks that incorporate machine-learning techniques can be applied to analyze microbial profiles across diverse environmental matrices. Integrating data from multiple ecological niches reveals a more comprehensive picture of microbial exchange processes and identifies shared components that most strongly shape ecosystem resilience to climatic and anthropogenic pressures.

This research was funded by CGFP Sp. z o.o. under the project “Optimization of the methodological approach to assessing the impact of microbiological biostimulants on the agroecosystem.”

Mikrobiota jelitowa jako wskaźnik jakości siedlisk dzikich kopytnych: studium przypadku sarny europejskiej (*Capreolus capreolus*) w krajobrazie rolniczym

Rafał Łopucki¹, Ewa Sajnaga¹, Kinga Ożga¹, Dagmara Stępień-Pyśniak²,
Marcin Świątek³, Marta Kloch⁴, Ilona Sadok⁵, Paweł Nasiadka⁴, Petter
Kjellander⁶, Daniel Klich⁴

¹The John Paul II Catholic University of Lublin, Department of Biomedicine and Environmental Research, ²University of Life Sciences in Lublin, Department of Veterinary Prevention and Avian Diseases, ³Warsaw University of Life Sciences (SGGW), Department of Animal Breeding and Nutrition, ⁴Warsaw University of Life Sciences (SGGW), Department of Animal Genetics and Conservation, ⁵The John Paul II Catholic University of Lublin, Department of Chemistry, ⁶Grimsö Wildlife Research Station, Swedish University of Agricultural Sciences

Mikrobiota jelitowa reaguje na bodźce środowiskowe i fizjologiczne, dlatego jej skład może stanowić czuły wskaźnik jakości siedlisk dzikich zwierząt. Celem badań była ocena zależności pomiędzy poziomem fizjologicznego stresu a składem mikrobioty jelitowej sarny europejskiej zasiedlającej intensywnie użytkowany krajobraz rolniczy oraz identyfikacja bakteryjnych biomarkerów przydatnych w monitoringu jakości siedlisk. Wykazano wyraźne różnice w strukturze mikrobioty między osobnikami o wysokim i niskim stężeniu metabolitów kortyzolu. Wyniki sugerują, że monitorowanie mikrobioty, połączone z pomiarem kortyzolu, może być użytecznym narzędziem do oceny wpływu agroekosystemów na dzikie kopytne. Może ono uzupełniać klasyczne metody ekologii krajobrazu i gospodarki łowieckiej oraz wspierać podejmowanie decyzji ochronnych i planowanie zrównoważonego użytkowania gruntów.

Badania sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki (2021/41/B/NZ9/04442) oraz częściowo przez Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II (2023/2/1).

Gut microbiota as an Indicator of Habitat Quality for Wild Ungulates: a Case Study of the European Roe Deer (*Capreolus capreolus*) in an Agricultural Landscape

The gut microbiota responds dynamically to environmental and physiological stimuli; consequently, its composition can serve as a sensitive indicator of habitat quality in wildlife. This study assessed the relationship between physiological stress and gut-microbiota composition in European roe deer (*Capreolus capreolus*) inhabiting an intensively cultivated agricultural landscape in central Poland, and aimed to identify bacterial biomarkers useful for habitat-quality monitoring. Marked differences in microbiota composition emerged between individuals experiencing high versus low stress loads. The results indicate that gut-microbiota profiling, combined with cortisol-metabolite quantification, offers a non-invasive tool for evaluating the impacts of agricultural land use on wild ungulates. Microbiological analyses thus represent a promising complement to conventional landscape-ecology and wildlife-management methods, supporting conservation decisions and the planning of land use.

Funding was provided by Narodowe Centrum Nauki (2021/41/B/NZ9/04442) and partly by the John Paul II Catholic University of Lublin (2023/2/1).

Charakterystyka mikrobiomu *Varroa destructor*: wpływ na zdrowie pszczoły miodnej

Anna Marzec-Grządziel¹, Grzegorz Borsuk²

¹ Zakład Mikrobiologii

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
agrzadziel@iung.pulawy.pl

² Zakład Pszczelnictwa, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Pasożytowanie roztocza *Varroa destructor* stanowi jedno z głównych zagrożeń dla zdrowia i przeżywalności rodzin pszczelich. Celem niniejszego badania była charakterystyka mikrobiomu *V. destructor* oraz jego porównanie z mikrobiomem *Apis mellifera*, w kontekście zrozumienia interakcji mikrobiologicznych pomiędzy pasożytem a gospodarzem. Analiza oparta na sekwencjonowaniu regionu V3–V4 genu 16S rRNA wykazała istotne różnice w różnorodności oraz składzie taksonomicznym mikrobiomu obu organizmów. Wśród dominujących bakterii w *Varroa* znajdowały się przedstawiciele rodzin *Acetobacteraceae*, *Morganellaceae* i *Segniliparaceae*, podczas gdy mikrobiom pszczoł był bogatszy w korzystne dla gospodarza rodzaje, takie jak *Gilliamella*, *Lactobacillus* i *Snodgrassella*. Zidentyfikowano również taksony unikalne dla *V. destructor*, w tym potencjalne patogeny oportunistyczne, co sugeruje rolę roztocza jako wektora mikroorganizmów chorobotwórczych. Uzyskane wyniki podkreślają znaczenie badań nad mikrobiomem pasożyta w kontekście nowych strategii ochrony zdrowia pszczoł.

Badania wykonano w ramach tematu statutowego 1.04 IUNG-PIB „Charakterystyka endofitów bakteryjnych wyizolowanych z wybranych roślin miododajnych oraz określenie ich potencjału biotechnologicznego”

Characterization of the *Varroa destructor* Microbiome: Impact on Honey Bee Health

Parasitism by the mite *Varroa destructor* is one of the main threats to the health and survival of honey bee colonies. The aim of this study was to characterize the microbiome of *V. destructor* and compare it with the microbiome of *Apis mellifera*, in the context of understanding the microbial interactions between the parasite and its host. Analysis based on sequencing of the V3–V4 region of the 16S rRNA gene revealed significant differences in the diversity and taxonomic composition of the microbiomes of both organisms. Among the dominant bacteria in *Varroa* were representatives of the families *Acetobacteraceae*, *Morganellaceae*, and *Segniliparaceae*, while the microbiome of bees was richer in host-beneficial genera such as *Gilliamella*, *Lactobacillus*, and *Snodgrassella*. Unique taxa were also identified in *V. destructor*, including potential opportunistic pathogens, indicating a possible role of the mite as a vector of microbial infections. The results emphasize the importance of studying the parasite’s microbiome in the context of developing new strategies for honey bee health protection.

This study was carried out as part of the statutory research task 1.04 of IUNG-PIB: “Characterization of bacterial endophytes isolated from selected melliferous plants and evaluation of their biotechnological potential.”

Wpływ zastosowania plazmidów antybakteryjnych o ukierunkowanym działaniu na mikrobiom środowiska glebowego

Anna Marzec-Grządziel, Jarosław Ciepiel

Zakład Mikrobiologii
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
agrządziel@iung.pulawy.pl

W dobie narastającego problemu oporności bakterii na antybiotyki, coraz większe zainteresowanie budzą alternatywne metody ograniczania liczebności wybranych mikroorganizmów patogennych w środowisku. Jednym z takich rozwiązań jest zastosowanie plazmidów antybakteryjnych o ukierunkowanym działaniu, które mogą być zaprojektowane w celu selektywnego eliminowania konkretnych grup bakterii bez zakłócania całej społeczności mikrobiologicznej. W przeprowadzonym badaniu oceniono wpływ takich plazmidów na strukturę mikrobiomu glebowego, stosując metody metataksonomiczne oparte na sekwencjonowaniu regionu V3–V4 genu 16S rRNA. Analizy wykazały zmiany w liczebności oraz różnorodności określonych taksonów bakteryjnych, przy jednoczesnym zachowaniu ogólnej stabilności funkcjonalnej mikrobiomu. Uzyskane wyniki wskazują, że odpowiednio zaprojektowane plazmidy mogą stanowić precyzyjne narzędzie do kształtowania społeczności mikroorganizmów w środowisku glebowym, otwierając nowe możliwości w zakresie biologicznej kontroli patogenów i zarządzania zdrowiem gleby.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki [2021/03/Y/NZ7/00123] oraz JPIAMR-ACTION GA no 963864

Impact of the Application of Targeted Antimicrobial Plasmids on the Microbiome of the Soil Environment

With the growing challenge of antibiotic resistance, alternative strategies for controlling pathogenic microorganisms in the environment are gaining increasing attention. One such approach involves the use of targeted antibacterial plasmids designed to selectively eliminate specific bacterial groups without disrupting the overall microbial community. In this study, we assessed the effects of such plasmids on soil microbiome composition using a metataxonomic approach based on sequencing of the V3–V4 region of the 16S rRNA gene. The analysis revealed shifts in the abundance and diversity of selected bacterial taxa, while the overall functional stability of the microbiome remained largely unaffected. These findings suggest that well-designed plasmids can serve as precise tools for shaping microbial communities in soil environments, offering new prospects for biological pathogen control and sustainable soil health management.

This research was co-funded in whole or in part by National Science Centre [2021/03/Y/NZ7/00123] and JPIAMR-ACTION GA no 963864

Analiza wiromu upraw roślin strączkowych w Polsce

Julia Minicka¹, Martyna Szkatulska¹, Beata Komorowska²,
Beata Hasiów-Jaroszewska¹

¹ Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań, Polska; ² Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy, Skierniewice, Polska.

Zmieniające się warunki klimatyczne sprzyjają zwiększeniu produkcji roślin strączkowych na świecie, jak i populacji owadów, w tym mszyc, które obecnie stanowią jedną z głównych dróg rozprzestrzenienia się wirusów na polach uprawnych. Jak dotąd znanych jest 168 gatunków wirusów, naturalnie porażających uprawy roślin bobowatych, z których większość przenoszona jest przez mszyce.

W latach 2020, 2023 i 2024 przeprowadzono monitoring upraw roślin strączkowych (grochu, łubinu i bobiku) w Polsce, pod kątem występowania wirusów w uprawach oraz diagnostykę z wykorzystaniem sekwencjonowania wysokoprzepustowego. Łącznie zebrano ponad 100 próbek roślin charakteryzujących się zróżnicowanymi objawami chorobowymi, spośród których do RNAseq wyselekcjonowano 12 próbek zbiorczych, w tym 10 próbek grochu, 1 próbkę bobiku oraz 1 próbkę łubinu.

We wszystkich próbkach pochodzących z grochu i bobiku stwierdzono obecność mieszanych infekcji, z przewagą pea enation mosaic virus 1 (PEMV1), pea enation mosaic virus 2 (PEMV2) oraz pea seed-borne mosaic virus (PSBMV), natomiast w próbce łubinu jedynie obecność bean yellow mosaic virus (BYMV). Ponadto, zidentyfikowano dwa nowe wirusy: pea necrotic yellow dwarf virus (PNYDV) i clover yellow vein virus (CIYVV) w próbkach bobiku i grochu pochodzących z 2024 roku, których znaczenie epidemiologiczne dla obszaru Polski jest jak dotąd mało poznane.

Virome Analysis of Legume Crops in Poland

Changing climatic conditions are conducive to increasing legume production worldwide. At the same time, global warming could increase insect populations, especially aphids, which are significant vectors of plant viruses in agricultural fields. To date, 168 viruses are known to infect legume crops naturally, most of which are transmitted by aphids.

In 2020, 2023, and 2024 growing seasons, the survey of legume crops (*Pisum sativum*, *Lupinus sp.*, and *Vicia faba* var. minor) in Poland was carried out. The presence of viruses in crops was detected by high-throughput sequencing. Over 100 plant samples characterized by various disease symptoms were collected in total. RNA seq was performed on 12 pooled samples, of which ten were selected from peas, one from faba bean, and one from lupine.

In all samples from peas and faba beans, the presence of mixed infections was found, with a predominance of pea enation mosaic virus 1 (PEMV1), pea enation mosaic virus 2 (PEMV2), and pea seed-borne mosaic virus (PSBMV). In the lupine sample, only bean yellow mosaic virus (BYMV) was detected. In addition, the new viruses: pea necrotic yellow dwarf virus (PNYDV) and clover yellow vein virus (CIYVV) were identified in faba bean and pea samples derived from 2024. The knowledge regarding their impact on legume crops is limited.

Wpływ różnych technologii uprawy na zbiorowiska bakterii pod bobikiem

Niewiadomska Alicja, Swędrzyńska Dorota, Wolna-Maruwka Agnieszka,
Selwet Marek

Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Celem naszych badań była ocena wpływu technologii uprawy na społeczność bakteryjną gleby, aby ocenić różnice, które mogą mieć odzwierciedlenie w funkcjonalności środowiskowej i rolniczej, identyfikując możliwe gatunki bakterii o właściwościach ekologicznych. W tym kontekście skład społeczności bakteryjnych (na poziomie gromad, rzędów, klas i gatunków oceniano w różnych warunkach, takich jak uprawa konwencjonalna (CT) (płużna), uprawa uproszczona (RT) (kultywator ścierniskowy), uprawa pasowa (ST) i uprawa bezorkowa (siew bezpośredni na ściernisku i ugorowanej strefie buforowej pola doświadczalnego) na plantacji bobiku. Metody metagenomiczne (technologia sekwencjonowania nowej generacji, NGS) zostały użyte do określenia procentu poszczególnych operacyjnych jednostek taksonomicznych (OTU). Nasze badanie pokazało, że technologie uprawy bezorkowej, głównie metody pasowe i bezorkowe, miały pozytywny wpływ na społeczności mikrobiologiczne. W rzeczywistości kluczowe gatunki związane z żyznością gleby i plonami, takie jak *Gemmatimonas aurantiaca* (mikroorganizm, który redukuje tlenek azotu, N₂O w glebie) i *Aeromicrobium ponti* (gatunek korzystny dla środowiska glebowego, niezbędny do prawidłowego funkcjonowania agroekosystemu upraw), wzrosły w technologiach uprawy zredukowanej. Gatunki te mogą decydować o żyzności gleby i plonach, a zatem są bardzo ważne dla zrównoważonego, a nawet regeneracyjnego rolnictwa.

The Influence of Different Cultivation Technologies on Bacterial Communities in the Soil under a Horse Bean Plantation

The aim of our study was to assess the impact of cultivation technology on the soil bacterial community in order to assess the differences that may be reflected in environmental and agricultural functionality, identifying possible bacterial species with ecological properties. In this context, the composition of bacterial communities (at the level of phyla, orders, classes and species) was assessed under different conditions, such as conventional tillage (CT) (plowing), reduced tillage (RT) (stubble cultivator), strip tillage (ST) and no-tillage (direct sowing on stubble and fallow buffer zone of the experimental field) in a faba bean plantation. Metagenomic methods (next-generation sequencing, NGS) were used to determine the percentage of individual operational taxonomic units (OTUs). Our study showed that no-tillage technologies, mainly strip and no-till methods, had a positive effect on microbial communities. In fact, key species related to soil fertility and yield, such as *Gemmatimonas aurantiaca* (a microorganism that reduces nitrous oxide, N₂O in soil) and *Aeromicrobium ponti* (a species beneficial to the soil environment, necessary for the proper functioning of the crop agroecosystem), increased in reduced-tillage technologies. These species can determine soil fertility and yield and are therefore very important for sustainable and even regenerative agriculture.

Wpływ długotrwałej monokultury rzodkiewki (*Raphanus sativus* var. *sativus*) na zmienność gleby uprawnej

Artur Nowak¹, Nataliia Kutryieva-Nowak², Małgorzata Majewska¹, Anna Marzec-Grządziel³, Marcin Przybyś⁴, Anna Gałązka³, Jolanta Jaroszuk-Ścisiel¹

¹ Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, UMCS, ² Instytut Agrofizyki PAN, ³ Zakład Mikrobiologii, IUNG, ⁴ Zakład Biotechnologii i Hodowli Roślin, IUNG

Zwiększone zapotrzebowanie na żywność prowadzi do intensyfikacji upraw oraz tworzenia wielkoskalowych monokultur. Tak uprawianą rośliną jest rzodkiewka (*Raphanus sativus* var. *sativus*), której cykl wegetacyjny wynosi 20-35 dni, a po zakończonym zbiorze rozpoczyna się nowy cykl uprawowy. Wpływa to bezpośrednio na bioróżnorodność gleby.

W ramach prowadzonych badań rozpatrzono zmienność genetyczną oraz ekofizjologiczną w próbach glebowych pobieranych w każdym cyklu uprawowym (20-35 dni) przez okres 12 miesięcy (styczeń-luty). Po każdym cyklu wzrostu roślin gleba była poddawana następującym zabiegom agronomicznym: nawożenie, spulchnianie i nawadnianie. W każdym cyklu stosowano nawozy w takich samych dawkach: 3 kg siarczanu potasu, 4 kg azotanu amonu (Saletrzak), 8 kg Azofoski (nawóz NPK (MgO + SO₃) 13,3%–6,1%–17,1% (4,5% + 21,0%)) oraz 8 kg azotanu wapnia. W trakcie wzrostu rzodkiewki zastosowano standardowe zabiegi ochrony chemicznej przy użyciu fungicydu Signum 33 WG i insektycydu Bioczos. Największe zmiany widoczne były na poziomie wykorzystania różnych źródeł węgla w testach EcoPlate Biolog®, w szczególności D-mannitolu, L-argininy, L-asparaginy oraz L-seryny. Przez cały okres uprawy rzodkiewki najliczniej reprezentowane były bakterie należące do typów: Proteobacteria (37,3%), Acidobacteria (19%) i Actinobacteria (16%) oraz rodzajów: *Gaiella* (1,59%), *Devosia* (1,51%) i *Nocardioides* (1,43%).

The Impact of Long-Term Monoculture of Radish (*Raphanus sativus* var. *sativus*) on the Soil Variability

Increased demand for food leads to intensification of cultivation and the creation of large-scale monocultures. An example of such a crop is radish (*Raphanus sativus* var. *sativus*), which has a growing cycle of 20-35 days. This means that a new crop cycle begins immediately after harvest. This has a direct impact on soil biodiversity. As part of the study, genetic and ecophysiological variability was investigated in soil samples taken at each crop cycle (20-35 days) over a period of 12 months (January-February). After each crop cycle, the soil was subjected to the following agronomic treatments: fertilisation, loosening and irrigation. In each cycle, fertilisers were applied in the same doses: 3 kg potassium sulphate, 4 kg ammonium nitrate (Saletrzak), 8 kg Azofoski (NPK fertiliser (MgO + SO₃) 13.3%-6.1%-17.1% (4.5% + 21.0%)) and 8 kg calcium nitrate. During the growth of the radishes, the standard chemical protection measures were applied with the fungicide Signum 33 WG and the insecticide Bioczos. The most significant changes were observed in the use of different carbon sources in the EcoPlate Biolog® tests, especially D-mannitol, L-arginine, L-asparagine and L-serine. During the cultivation of radish, the most abundant bacteria were those belonging to the following phyla: Proteobacteria (37.3%), Acidobacteria (19%) and Actinobacteria (16%), and the genera: *Gaiella* (1.59%), *Devosia* (1.51%) and *Nocardioides* (1.43%).

Szczepy *T. citrinoviride* i *T. simmonsii* indukujące odpowiedź pszenicy i hamujące wzrost fitopatogenicznego dla pszenicy *Fusarium culmorum*

Artur Nowak¹, Urszula Perlińska-Lenart², Zoia Pustova³, Patrycja Skalmowska², Sebastian Piłsyk², Grzegorz Janusz¹, Joanna Kruszewska², Jolanta Jaroszuk-Ścisiel¹

¹ Instytut Nauk Biologicznych, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, ² Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, ³ Podolski Państwowy Uniwersytet Agrarno-Techniczny

Wartości wskaźnika zasiedlania niszy (NOI) obliczone na podstawie profili metabolicznych Biolog FF dla szczepów *Trichoderma*: *T. citrinoviride* (OM1) i *T. simmonsii* (PKB) oraz fitopatogenicznego *Fusarium culmorum* (Fc37) wyizolowanego z pszenicy wskazują, że zasiedlają one odmienne nisze niż fitopatogen, ale oba szczepy *Trichoderma* spp. redukują wzrost *F. culmorum* do 40%. Efekt hamujący wynikał najprawdopodobniej z oddziaływania mykopasożytniczego, gdyż oba szczepy *Trichoderma* spp. charakteryzowały się bardzo wysoką aktywnością proteazy, szczep PKB odznaczał się bardzo wysoką aktywnością β -glukanazy a szczep OM1 bardzo wysoką chitynazy. Oba szczepy *Trichoderma* (*T. citrinoviride* i *T. simmonsii*) wprowadzone w postaci zarodników na nasiona pszenicy wywoływały kilkukrotny wzrost aktywności enzymów szlaku fenylopropanoidowego liazy fenyloalaninowej (PAL) oraz liazy tyrozynowej (TAL) w korzeniach i łodygach pszenicy, co świadczy o indukcji odporności systemicznej pszenicy. Zatem *T. citrinoviride* i *T. simmonsii* mogą chronić pszenicę przed fitopatogenicznym szczepem *F. culmorum* zarówno bezpośrednio jak i pośrednio.

Projekt zrealizowany w ramach stypendium Unesco 2025 oraz umowy UMCS - IBB 2025

Strains of *T. citrinoviride* and *T. simmonsii* Induce Wheat Response and Inhibit Growth of Wheat Phytopathogen *Fusarium culmorum*

The niche inhabitation index (NOI) values calculated from Biolog FF metabolic profiles for the *Trichoderma* strains *T. citrinoviride* (OM1) and *T. simmonsii* (PKB) and the phytopathogenic *Fusarium culmorum* (Fc37) isolated from wheat indicate that they inhabit different niches than the phytopathogen, but that both *Trichoderma* spp. strains reduce *F. culmorum* growth by up to 40%. The inhibitory effect was most likely due to mycoparasitic interaction, as both *Trichoderma* spp. strains had very high protease activity, the PKB strain had very high β -glucanase activity and the OM1 strain had very high chitinase activity. Both *Trichoderma* spp. strains (*T. citrinoviride* and *T. simmonsii*) introduced in the form of spores on wheat seeds induced a several-fold increase in the activity of phenylpropanoid pathway enzymes phenylalanine lyase (PAL) and tyrosine lyase (TAL) in wheat roots and stems, indicating the induction of systemic resistance in wheat. Thus, *T. citrinoviride* and *T. simmonsii* can protect wheat against the phytopathogenic strain of *F. culmorum* both directly and indirectly.

Project carried out within the framework of the Unesco 2025 grant and the UMCS - IBB 2025 agreement

Aktywność metaboliczna grzyba entomopatogenicznego *Beauveria bassiana* w obecności mykotoksyn *Fusarium*

Monika Nowak, Sylwia Różalska

Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii

Grzyby entomopatogenne, takie jak *Beauveria bassiana*, odgrywają istotną rolę w biologicznej ochronie roślin, wykazując zdolność do infekowania i eliminacji owadów. W warunkach naturalnych mogą jednak współistnieć z innymi mikroorganizmami, w tym z toksynotwórczymi grzybami z rodzaju *Fusarium*. Mykotoksyny produkowane przez te grzyby mogą wpływać na wzrost, metabolizm i skuteczność działania grzyba entomopatogenicznego *B. bassiana*. Celem niniejszej pracy było zbadanie, w jaki sposób obecność wybranych mykotoksyn *Fusarium* oddziałuje na aktywność metaboliczną *B. bassiana*. Największe zahamowanie aktywności metabolicznej *B. bassiana* zaobserwowano w obecności zearalenonu. Już przy dawce 2,5 mg/L aktywność spadła o połowę, a przy najwyższym stężeniu 80 mg/L obniżyła się o 95%. Trichoteceny (deoksyniwalenol i jego form acetylowane oraz niwalenol) nie wykazały istotnego negatywnego wpływu na aktywność metaboliczną. Toksyna HT-2 nie wpływała znacząco na metabolizm grzyba, natomiast T-2 obniżyła aktywność metaboliczną o 55% dla stężenia 80 mg/L. Otrzymane wyniki wskazują, że największy wpływ na aktywność metaboliczną *B. bassiana* ma zearalenon, co może ograniczać skuteczność infekcyjną badanego grzyba w środowiskach zanieczyszczonych tą mykotoksyną.

Badania zostały sfinansowane przez NCN w ramach grantu 2023/07/X/NZ9/00547

Metabolic Activity of the Entomopathogenic Fungus *Beauveria bassiana* in the Presence of *Fusarium* Mycotoxins

Entomopathogenic fungi, such as *Beauveria bassiana*, play a crucial role in the biological control of plants by exhibiting the ability to infect and eliminate insects. However, in natural conditions, they can coexist with other microorganisms, including toxigenic fungi of the genus *Fusarium*. Mycotoxins produced by these fungi can affect the growth, metabolism, and infectivity of the entomopathogenic fungus *B. bassiana*. The aim of this study was to investigate how the presence of selected *Fusarium* mycotoxins affects the metabolic activity of *B. bassiana*. The greatest inhibition of *B. bassiana* metabolic activity was observed in the presence of zearalenone. Already at a dose of 2.5 mg/L, the activity decreased by 50%, and at the highest concentration of 80 mg/L, it was reduced by 95%. Trichothecenes (deoxynivalenol and its acetylated forms, as well as nivalenol) did not show a significant negative effect on metabolic activity. The HT-2 toxin did not significantly affect the fungus's metabolism, while T-2 reduced metabolic activity by 55% for the concentration of 80 mg/L. The obtained results indicate that zearalenone has the greatest impact on the metabolic activity of *B. bassiana*, which may limit the infective effectiveness of the studied fungus in environments contaminated with this mycotoxin.

This research was funded by the NCN under grant number 2023/07/X/NZ9/00547

Wpływ uprawy współrzędnej pszenicy na poziom aktywności wybranych enzymów glebowych w różnych systemach uprawy

Karolina Oszust¹, Agata Gryta¹, Beata Feledyn-Szewczyk², Giacomo Pietramellara³, Shamina Imran Pathan³, Magdalena Frąc¹

¹Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk; ²Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy; ³Uniwersytet we Florencji
e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl; k.oszust@ipan.lublin.pl

Uprawa współrzędna zbóż i roślin bobowatych przynosi liczne korzyści w aspektach agronomicznym i ekologicznym. Celem przeprowadzonych badań była ocena wpływu uprawy współrzędnej pszenicy i koniczyny oraz pszenicy i koniczyny z trawą w różnych systemach uprawy: konwencjonalnym, integrowanym oraz ekologicznym na aktywność takich enzymów glebowych jak dehydrogenazy, β -glukozydaza, proteaza, ureaza, fosfataza kwaśna i zasadowa. Doświadczenie poletkowe przeprowadzono na polach doświadczalnych Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa PIB w Osinach. Próbkę gleby ryzosferowej zostały pobrane z głębokości 0-15 cm. Najwyższe wartości badanych enzymów zanotowano dla uprawy współrzędnej pszenicy z koniczyną i trawą w systemie ekologicznym. W glebie pozaryzosferowej taki efekt zaobserwowano dla β -glukozydazy, ureazy i proteazy. Natomiast w glebie ryzosferowej dla fosfatazy kwaśniej.

Badania finansowane w ramach Programu Horyzont Europa, numer umowy: Projekt 101082289 — LEGUMINOSE

The Effect of Wheat Intercropping on the Activity Level of Selected Soil Enzymes in Different Cultivation Systems

Intercropping of cereals and legumes brings benefits in agronomic and ecological aspects. The aim of the study was to assess the effect of wheat intercropping with clover and the use of clover with grass in various cultivation methods: conventional, integrated and organic on the activities of soil enzymes such as dehydrogenases, β -glucosidase, protease, urease, acid and alkaline phosphatase. The experiment was conducted on the fields of the Institute of Soil Science and Plant Cultivation in Osiny. Samples of rhizosphere soil were taken from a depth of 0-15 cm. The highest values of enzyme parameters were found for intercropping with clover and grass in the organic system. In non-rhizosphere soil such an effect was noted for β -glucosidase, urease and protease. Conversely, in rhizosphere soil it was found for acid phosphatase.

Research funded under the Horizon Europe Program, contract number: Project 101082289 — LEGUMINOSE

Nieukierunkowane profilowanie metabolitów pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) w warunkach stosowania biopreparatu endofitycznego InnoEndop

Pacan M.¹, Fornal E.², Sumara A.², Nikolaichuk H.², Sochaczewska A.³,
Kruczyńska A.³, Wolińska A.³, Kuźniar A.⁴

¹ Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

² Zakład Bioanalitiky, Uniwersytet Medyczny w Lublinie

³ Katedra Mikrobiologii i Medycyny Translacyjnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

⁴ Pracownia Genomiki i Genetyki Laboratoryjnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

Pszenica zwyczajna to jedna z najważniejszych roślin uprawnych, często analizowana w badaniach metabolomicznych pod kątem zmian w metabolizmie, zachodzących w odpowiedzi na czynniki biotyczne i abiotyczne. Celem badań była ocena wpływu biopreparatu InnoEndop na wzrost pszenicy zwyczajnej (*T. aestivum* L.) w warunkach *in vitro* oraz na profil metabolomiczny odmian Rokosz i Hondia w doświadczeniu wazonowym. W warunkach *in vitro* ziarniaki pszenicy Hondia, Tytanika i Rokosz inkubowano w obecności dwóch dawek biopreparatu i analizowano długość korzeni i epikotyli. Doświadczenie wazonowe prowadzono z zaprawianymi preparatem ziarniakami i poddawano rośliny analizom enzymatycznym, metabolomicznym (TOF-MS) co 5 dni. Dawka InnoEndop o gęstości komórek $6,67 \cdot 10^4$ okazała się optymalna w temperaturach 15°C i 20°C dla wzrostu korzenia i epikotyli wszystkich badanych odmian. Aktywność enzymów POX i PAL była wyższa w roślinach inokulowanych, sugerując potencjalne wzmocnienie odporności na patogeny. Analiza LC/TOF-MS wykazała statystycznie istotne zmiany w profilach metabolicznych roślin poddanych zaprawianiu i kontroli. Wyniki sugerują, że InnoEndop może wspomagać wczesny wzrost i odporność pszenicy ozimej.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach projektu Lider IX – umowa nr Lider/7/0024/L-9/17/NCBR/2018.

Untargeted Metabolite Profiling of Common Wheat (*Triticum aestivum* L.) under the Endophytic Biopreparation InnoEndop Application Conditions

Common wheat is one of the most important crop species, often analysed in metabolomic studies for changes in metabolism occurring in response to biotic and abiotic factors. The aim of this study was to evaluate the effect of the biopreparation InnoEndop on the growth of common wheat (*T. aestivum* L.) *in vitro* and on the metabolomic profile of plants of the cultivars Rokosz and Hondia in a pot experiment. Under *in vitro* conditions, wheat kernels of the cultivars Hondia, Tytanika and Rokosz were incubated in the presence of two doses of the biopreparation and root and epicotyl length were analysed. A pot experiment was conducted with treated kernels and plants were subjected to enzymatic, metabolomic TOF-MS analyses every 5 days. A dose of InnoEndop with a cell density of $6.67 \cdot 10^4$ proved optimal at 15°C and 20°C for root and epicotyl growth of all cultivars tested. POX and PAL enzyme activities were higher in inoculated plants, suggesting a potential enhancement of pathogen resistance. LC/TOF-MS analysis showed statistically significant changes in the metabolic profiles of treated and control plants. The results suggest that InnoEndop may support early growth and resistance in winter wheat.

Rezystom bakterii *Priestia megaterium*

Jacek Panek, Daria Barańska, Giorgia Pertile, Dominika Siegieda,
Magdalena Frąć

Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk
e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl; j.panek@ipan.lublin.pl

Priestia megaterium (*Bacillus megaterium*) to Gram-dodatnia, przetrwalnikująca bakteria należąca do rodziny Bacillaceae. *P. megaterium* znalazła szerokie zastosowanie w branży biotechnologicznej jako producent licznych białek, biopolimerów czy witaminy B12. Ponadto coraz częściej *P. megaterium* jest wykorzystywana jako składnik biopreparatów mikrobiologicznych, wspierając wzrost i rozwój roślin. *P. megaterium* znajduje także zastosowanie w inokulacji nasion roślin uprawianych na mikrolistki (*microgreens*), poprawiając ich właściwości.

Celem badań było określenie obecności genów odporności na antybiotyki oraz mobilnych elementów genetycznych w *P. megaterium* wyizolowanej z kiszzonego buraka.

Z wykorzystaniem zestawu Illumina DNA Prep przygotowano bibliotekę całogenomową, którą następnie sekwencjonowano z wykorzystaniem zestawu v3 3x300pz na aparacie Illumina MiSeq. Genom złożono z wykorzystaniem narzędzia SPAdes, zaś wyszukiwanie i anotację genów odporności na antybiotyki i mobilnych elementów genetycznych przeprowadzono z wykorzystaniem CARD RGI oraz mobileOG-db.

Rezystom badanej bakterii cechował się nieliczną obecnością genów oporności, oraz nielicznymi wystąpieniami elementów mobilnych. Izolat poddany analizie nie stanowi zagrożenia wprowadzenia genów oporności na antybiotyki do środowiska.

Praca finansowana przez Narodowe Centrum Nauki w ramach programu OPUS23, numer umowy UMO-2022/45/B/NZ9/04254

Resistome of *Priestia megaterium* Bacteria

Priestia megaterium (*Bacillus megaterium*) is a Gram-positive, spore-forming bacterium belonging to the Bacillaceae family. It has found wide application in synthesis of numerous proteins, biopolymers or vitamin B12. In addition, *P. megaterium* is increasingly used as an ingredient in microbial biopreparations, promoting plant growth and development. It is also used in the inoculation of seeds of plants grown for microgreens, improving their properties.

The aim of this study was to determine the presence of antibiotic resistance genes and mobile genetic elements in *P. megaterium* isolated from pickled beets.

A whole-genome library was sequenced using the v3 3x300bp kit on an Illumina MiSeq instrument. The genome was assembled using the SPAdes tool, while the search and annotation of antibiotic resistance genes and mobile genetic elements was performed using CARD RGI and mobileOG-db.

The resistome of the bacterium studied was characterized by the sparse presence of resistance genes, and few occurrences of mobile elements. The isolate analyzed does not pose a risk of introducing antibiotic resistance genes into the environment.

Pogłębiona analiza sekwencji genomu grzyba endofitycznego *Serendipita indica*

Giorgia Pertile¹, Jacek Panek¹, Katarzyna Turnau², Sylwia Różalska³,
Magdalena Frąć¹

¹Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk; ²Uniwersytet Jagielloński, Instytut Nauk o Środowisku; ³Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii
e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl; g.pertile@ipan.lublin.pl

W ostatnich dekadach, ze względu na duże zanieczyszczenie środowiska wynikające ze stosowania chemicznych środków ochrony roślin, podejmowane są badania nad biologicznym wspomaganie wzrostu i ochroną roślin. *Serendipita indica* (*Piriformospora indica*) jest grzybem endofitycznym, który może mieć pozytywny wpływ na wzrost i plonowanie roślin, zwiększenie wydajności procesu fotosyntezy, udostępnianie roślinom składników pokarmowych, a także może wzmacniać tolerancję roślin na stropy biotyczne i abiotyczne.

W celu lepszego rozpoznania roli *S. indica* w uprawie roślin (w tym mikrolistków) bardzo ważne jest rozpoznanie genomu tego grzyba. Dlatego też przeprowadzone badania obejmowały sekwencjonowanie genomu (Whole Genome Sequencing) *S. indica* po hodowli na podłożu agarowym bez dodatku antybiotyków. W ramach przeprowadzonych badań genom testowanego grzyba poddano analizie w kierunku obecności genów zaangażowanych w poprawę kondycji roślin i wzmacnianie odporności na stropy abiotyczne i biotyczne, w tym powodowane przez mikroorganizmy fitopatogeniczne.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach programu OPUS-23, numer umowy 2022/45/B/NZ9/04254

In-Depth Analysis of the Genome Sequence of the Endophytic Fungus *Serendipita indica*

In recent decades, research has been undertaken on the biological support of growth and plant protection due to the high environmental pollution resulting from chemical plant protection. *Serendipita indica* (*Piriformospora indica*) is an endophytic fungus that can have a positive effect on plant growth and yield, increase the efficiency of the photosynthesis process, provide plants with nutrients, and can also strengthen plant tolerance to biotic and abiotic stresses.

To better understand the role of *S. indica* in plant cultivation (including microleaves), it is essential to recognize the genome of this fungus. Therefore, the studies carried out included sequencing the genome (Whole Genome Sequencing) of *S. indica* after cultivation on an agar medium without the addition of antibiotics. As part of the studies, the genome of the tested fungus was analyzed for the presence of genes involved in improving the condition of plants and strengthening resistance to abiotic and biotic stresses, including those caused by phytopathogenic microorganisms.

Identyfikacja i właściwości przeciwbakteryjne grzybów słonolubnych występujących w Kopalni Soli Bochnia

Sylwia Plewa^{1,*}, Magdalena Kowalewicz-Kulbat², Aleksandra Puławska^{3,4},
Dominika Drzewiecka¹

¹ Katedra Biologii Bakterii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź; *student

² Katedra Immunologii i Biologii Infekcyjnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

³ Wydział Geologii, Geofizyki i Ochrony Środowiska, Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie, al. Mickiewicza 30, 30-059 Kraków

⁴ Kopalnia Soli Bochnia, ul. Campi 15, 32-700 Bochnia

Mykobiota halofilna Kopalni Soli Bochnia nie była do tej pory poznana. Celem badań była izolacja grzybów słonolubnych z powietrza i skał Kopalni oraz analiza ich aktywności antybakteryjnej. Wyizolowano pleśnie zarówno halofilne, jak i halotolerancyjne. Wśród 18 szczepów poddanych identyfikacji mikroskopowej i molekularnej z wykorzystaniem sekwencji ITS dominowały te należące do rodzajów *Aspergillus* (13) i *Penicillium* (4), wykryto także jeden szczep *Microascus* sp. Wszystkie z nich wykazały działanie antagonistyczne wobec 1-6 szczepów bakterii chorobotwórczych Gram-dodatnich i Gram-ujemnych, które w hodowlach stałych z dodatkiem 5% NaCl było silniejsze niż bez soli. Te pionierskie badania ukazują różnorodność, tolerancję na szerokie spektrum zasolenia oraz obiecujący potencjał antybakteryjny grzybów słonolubnych występujących w skałach i powietrzu Kopalni Soli Bochnia.

Dofinansowanie: Studencki Grant Badawczy Uniwersytetu Łódzkiego (2024) dla Sylwii Plewy; grant NCN 2021/41/N/ST10/02751 dla Aleksandry Puławskiej

Identification and Antibacterial Properties of Halophilic Fungi Found in the Bochnia Salt Mine

The halophilic mycobiota of the Bochnia Salt Mine has not been identified so far. The aim of the study was to isolate halophilic fungi from the air and rocks of the Mine and to analyze their antibacterial activity. Both halophilic and halotolerant molds were isolated. Among the 18 strains identified through microscopic and molecular methods using ITS sequences, the majority represented the genera *Aspergillus* (13) and *Penicillium* (4), and one *Microascus* sp. strain was also detected. All of them exhibited antagonistic activity against 1 to 6 strains of pathogenic Gram-positive and Gram-negative bacteria, with stronger effects observed in solid cultures supplemented with 5% NaCl compared to those without salt. These pioneering studies reveal the diversity, broad salinity tolerance, and promising antibacterial potential of salt-loving fungi occurring in rocks and the air of the Bochnia Salt Mine.

Funding: Student Research Grant of the University of Lodz (2024) for Sylwia Plewa; grant NCN 2021/41/N/ST10/02751 for Aleksandra Puławska

Wpływ użyźniania gleby frassem owadzi na strukturę metataksonomiczną ryzosfery pszenicy jarej

Sebastian Wojciech Przemieniecki

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa, Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej

W niniejszym projekcie, w doświadczeniu wazonowym, oceniono wpływ frassu owadziego (pochodzącego z hodowli mącznika młynarka) na mikrobiotę ryzosferową i jej potencjał metaboliczny w uprawie pszenicy jarej. Wyniki porównano z ryzosferą kontrolną (bez użyźniacza) oraz nawożoną mineralnie. Doświadczenie prowadzono w warunkach semi-kontrolowanych w szklarni. Próbkę ryzosfery pobrano w fazie BBCH 29 (koniec krzewienia). Przeprowadzono ekstrakcję materiału genetycznego, amplifikację regionów rRNA dla bakterii i eukariotów, a następnie sekwencjonowanie metodą nanoporową. Zaobserwowano, że dodatek frassu zwiększył zwiększył bioróżnorodność oraz udział *Bacillus* spp., chemoheterotrofów, bakterii proteolitycznych i chitynolitycznych oraz grzybów saprotroficznych. Pod wpływem zastosowania frassu, odnotowano spadek liczebności mikroorganizmów wiążących azot cząsteczkowy w porównaniu do wariantu z nawożonego nawozami mineralnymi. Podsumowując, zastosowanie frassu owadziego pozytywnie wpłynęło na procesy związane z rozkładem materii organicznej, jednak zmniejszyło potencjał wiązania azotu przez mikrobiotę.

Wyniki stanowią część projektu finansowanego przez Uniwersytet warmińsko-Mazurski w Olsztynie „Grant Rektora II”

Insect Frass Fertilization's Effect on the Rhizosphere Metataxonomic Structure in Spring Wheat

In this pot experiment, we assessed the impact of insect frass (derived from *Tenebrio molitor* production) on the rhizosphere microbiota and its metabolic potential in spring wheat cultivation. Results were compared to a control rhizosphere (no fertilizer) and a mineral-fertilized treatment. The experiment was conducted under semi-controlled greenhouse conditions. Rhizosphere samples were collected at the BBCH 29 growth stage (end of tillering). Genetic material was extracted, followed by rRNA region amplification for bacteria and eukaryotes, and subsequent nanopore sequencing. The addition of frass increased biodiversity and the abundance of *Bacillus* spp., chemoheterotrophs, proteolytic and chitinolytic bacteria, and saprotrophic fungi. However, frass application led to a decrease in the number of nitrogen-fixing microorganisms compared to the mineral-fertilized treatment. In summary, applying insect frass positively influenced processes related to organic matter decomposition but reduced the microbiome's nitrogen-fixing potential.

The results are part of a project funded by the University of Warmia and Mazury in Olsztyn „Grant Rektora II”

Selekcja mykopasożytniczych szczepów *Trichoderma* spp. zdolnych do stymulacji wzrostu roślin i ochrony przed fitopatogenami

Zoia Pustova¹, Artur Nowak², Jolanta Jaroszuk-Ścisiel², Grzegorz Janusz²,
Joanna Kruszewska³, Urszula Perlińska-Lenart³

¹ Podolski Państwowy Uniwersytet Agrarno-Techniczny, ² Instytut Nauk Biologicznych, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, ³ Instytut Biochemii i Biofizyki PAN

Preparaty biologiczne stosowane w rolnictwie powinny być tworzone w oparciu o szczepy *Trichoderma* spp. łączące zdolność ograniczania wzrostu fitopatogenów oraz wspomaganie wzrostu roślin. Taki warunek mogą spełnić mykopasożytnicze szczepy zdolne m.in. do intensywnej produkcji enzymów hydrolitycznych hamujących wzrost fitopatogenów oraz metabolitów wtórnych (np. fitohormonów) stymulujących wzrost roślin. Na podstawie porównania tempa wzrostu kilkunastu szczepów *Trichoderma*, reprezentujących pięć gatunków, do zdefiniowanego i zsekwencjonowanego szczepu laboratoryjnego *Trichoderma reesei* QM9414 (ATCC26921) wybrano szczepy z gatunku *T. simmonsii* i *T. citrinoviride*. Przetestowano ich oddziaływanie na wzrost pomidora i fasoli oraz na wzrost fitopatogenów. Oba szczepy wykazały silną aktywność antygrzybową oraz zdolność do stymulowania jednego z testowanych gatunków roślin. Wybrane szczepy *Trichoderma* spp. okazały się zatem doskonałym modelem do dalszych badań nad mechanizmami oddziaływania na rośliny oraz grzyby fitopatogeniczne z rodzaju *Fusarium* spp.

Projekt zrealizowany w ramach programu PAN NANU 2024 (program dofinansowania pobytu badawczych naukowców z Ukrainy w jednostkach naukowych PAN) oraz umowy UMCS - IBB 2025

Selection of Mycoparasitic *Trichoderma* spp. Strains Capable of Stimulating Plant Growth and Protecting Against Phytopathogens

Biological preparations used in agriculture should be based on *Trichoderma* spp. strains combining the ability to inhibit phytopathogen growth and promote plant growth. Such a condition may be fulfilled by mycoparasitic strains able to intensive production of hydrolytic enzymes inhibiting phytopathogens growth and secondary metabolites stimulating plant growth, e.g. phytohormones. Based on a comparison of the growth rates of these *Trichoderma* strains, representing five species, to the defined and sequenced laboratory strain *Trichoderma reesei* QM9414 (ATCC26921), two strains from the species *T. simmonsii* and *T. citrinoviride* were selected. Their effects on tomato and bean growth and on phytopathogens growth were tested. Both strains showed strong antifungal activity and the ability to stimulate one of the plant species tested. The selected *Trichoderma* spp. strains therefore proved to be an excellent model for further research into the mechanisms of effects on plants and on phytopathogenic fungi of the genus *Fusarium* spp.

Project carried out within the PAS NANU (a program of co-financing research stays of scientists from Ukraine in scientific units of the Polish Academy of Sciences) and the UMCS - IBB 2025 agreement

***Trichoderma* spp. mykopasożytnicze dla *Fusarium* spp. patogenicznych dla pszenicy i fasoli**

Zoia Pustova¹, Artur Nowak², Urszula Perlińska-Lenart³, Patrycja Skalmowska³, Sebastian Piłsyk³, Grzegorz Janusz², Joanna Kruszewska³, Jolanta Jaroszuk-Ściseł²

¹ Podolski Państwowy Uniwersytet Agrarno-Techniczny, ² Instytut Nauk Biologicznych, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, ³ Instytut Biochemii i Biofizyki PAN

Szczepy *Trichoderma citrinoviride* i *Trichoderma simmonsii* wyizolowane z gleb nieuprawnych, hodowane na podłożu z dodatkiem ściany komórkowej *Fusarium culmorum* jako jedynym źródłem węgla, odznaczały się bardzo wysoką aktywnością enzymów istotnych dla mykopasożytnictwa. Ich aktywność proteaz była na podobnym poziomie a bardzo istotnie różniła się ich aktywność chitynaz (wyższa u *T. citrinoviride*) i β-glukanaz (wyższa u *T. simmonsii*). *T. simmonsii* charakteryzowała kilkakrotnie wyższa aktywność metaboliczna (Biolog FF: AWCD, Substrate richness) niż *T. citrinoviride*. Natomiast oba szczepy z podobną intensywnością hamowały wzrost dziesięciu szczepów z rodzaju *Fusarium* należących do czterech gatunków (*F. culmorum*, *F. venenatum*, *F. oxysporum*, *F. graminearum*) wyizolowanych zarówno z korzeni fasoli jak i korzeni pszenicy. Tylko w przypadku (*T. citrinoviride* i *F. culmorum* wyizolowanego z fasoli) zaobserwowano strefę oddziaływania antybiotycznego. *T. simmonsii* ograniczała wzrost *Fusarium* spp. w 47 do 38% a *T. citrinoviride* w 45 do 38%. Testowane szczepy *Trichoderma* spp. mają szeroki zakres mykopasożytniczego oddziaływania na szczepy *Fusarium* spp. niezależnie od miejsca izolacji a glukanazy i chitynazy mają w tym procesie równoważny udział.

Projekt zrealizowany w ramach stypendium Unesco 2025 oraz umowy UMCS - IBB 2025

***Trichoderma* spp. Mycoparasitic to *Fusarium* spp. Pathogenic to Wheat and Beans**

Trichoderma citrinoviride and *Trichoderma simmonsii* strains isolated from uncultivated soils, grown on a substrate with the addition of *Fusarium culmorum* cell wall as the sole carbon source, were characterized by very high activity of enzymes essential for mycoparasitism. They produced proteases of similar activity and significantly differed in the activity of chitinases (higher in *T. citrinoviride*) and β-glucanases (higher in *T. simmonsii*). *T. simmonsii* was characterised by several times higher metabolic activity (Biolog FF: AWCD, Substrate richness) than *T. citrinoviride*. In contrast, they inhibited with similar intensity the growth of ten strains of the genus *Fusarium* belonging to the four species (*F. culmorum*, *F. venenatum*, *F. oxysporum*, *F. graminearum*) isolated from both bean and wheat roots. Only in the case of *T. citrinoviride* and *F. culmorum* isolated from beans was a zone of antibiotic effect observed. *T. simmonsii* reduced the growth of *Fusarium* spp. by 47 to 38% and *T. citrinoviride* by 45 to 38%. *Trichoderma* spp. tested strains have a wide range of mycoparasitic effects on *Fusarium* spp. strains regardless of the site of isolation and glucanases and chitinases have an equivalent contribution to this process.

Project carried out within the framework of the Unesco 2025 grant and the UMCS - IBB 2025 agreement

***Pseudomonas donghuensis* P482 – pożyteczny szczep bakterii kolonizujący tkanki roślin, zdolny do tworzenia biofilmu**

Magdalena Rajewska, Sylwia Jafra

Laboratorium Mikrobiologii Roślin, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG & GUMed, Gdańsk

Pseudomonas donghuensis P482 to mało poznany izolat z ryzosfery pomidora, wykazujący aktywność przeciwmikrobiologiczną wobec bakteryjnych i grzybowych patogenów roślin, skutecznie kolonizujący wiele roślin-gospodarzy. Jednym z mechanizmów zwiększających jego konkurencyjność środowiskową jest zdolność do tworzenia biofilmów – złożonych, wielokomórkowych społeczności, zarówno na powierzchniach biotycznych, jak i abiotycznych. Nasze badania pokazały, że na zdolność P482 do tworzenia biofilmu na powierzchniach abiotycznych ma wpływ rodzaj źródła węgla, dostępny dla bakterii. Również rodzaj sztucznego podłoża, polistyren lub szkło, ma znaczenie dla procesu przytwierdzenia się komórek P482 do powierzchni. Co więcej, mutanty P482 w genach związanych z ruchliwością komórek, chemotaksją, syntezą polisacharydów, kodujących proteazy lub czynniki regulatorowe, które miały obniżoną zdolność do tworzenia biofilmu na szkle, były wciąż zdolne do kolonizacji ryzosfery roślin-gospodarzy, pomidora i kukurydzy. To wskazuje, iż zdolność bakterii do kolonizacji tkanek roślin nie zawsze jest powiązana ze możliwością tworzenia biofilmu na powierzchniach abiotycznych. Wyniki te pozwalają spojrzeć szerzej na zdolności adaptacyjne bakterii zasiedlających rośliny do różnych środowisk.

Badania finansowano z grantu NCN Sonata 2015/19/D/NZ9/03588

***Pseudomonas donghuensis* P482 – a Beneficial Plant-Colonizing and Biofilm-Forming Bacterium**

Pseudomonas donghuensis P482 is a little-known isolate from tomato rhizosphere, which exhibits antimicrobial properties towards bacterial and fungal plant pathogens, and was shown to efficiently colonize various plant hosts. One of the mechanisms which increases the strain's environmental competence is its ability to form biofilms – complex, multicellular communities, both on biotic and abiotic surfaces. Our research demonstrated that the potential of P482 to form biofilms on abiotic surfaces are influenced by the carbon source available to the bacterium. The type of abiotic substratum, polystyrene or glass, also has impact on the ability of P482 to attach to the surface. Moreover, mutant strains of P482, in genes associated with cells' motility or chemotaxis, synthesis of polysaccharides, or encoding proteases or regulatory factors, defective in biofilm formation on glass, were still capable of colonizing rhizosphere of plant hosts, tomato and maize. This indicates that the ability of bacteria to colonize plant tissues does not necessarily go hand-in-hand with its biofilm formation capacity on abiotic surfaces. Our results bring broader perspective on the adaptation of plant-associated bacteria to various environments.

The research was funded through NSC Sonata grant 2015/19/D/NZ9/03588

Różnorodność biologiczna mikroorganizmów kolonizujących powierzchnię folii PLA

Agnieszka Richert¹, Agnieszka Kalwasińska², Natalia Hejda¹, Maria Swiontek Brzezinska²

¹ Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Katedra Genetyki, ² Katedra Mikrobiologii Środowiskowej i Biotechnologii

Materiałem badawczym była folia z polilaktydu (PLA). Folię inkubowano w wodzie jeziornej w temperaturze 23°C przez 7 dni. Celem oceny różnorodności społeczności bakteryjnych rozwijających się na powierzchniach folii z PLA wykonano sekwencjonowanie NGS genu 16SrRNA. Najliczniejszą grupą odnotowywaną na foliach PLA były Proteobacteria. Z kolei Gammaproteobacteria i Alphaproteobacteria były najliczniejszymi klasami. Burkholderiales z górującą liczebnie rodziną Commamonadaceae był przeważającym rzędem.

Pięć najliczniejszych rodzajów to: niesklasyfikowany na poziomie OTU przedstawiciel Comamonadaceae, Aquabacterium i niesklasyfikowany OTU w obrębie Sphingomonadaceae, Hydrogenophaga i Caulobacter.

Uzyskane wyniki mają znaczenie dla ukierunkowanych procesów biodegradacji materiałów polimerowych, co pozwoliłoby skutecznie unikać gromadzenia się odpadów i skutecznie dbać o ochronę środowiska.

Excellence Initiative-Research University, Grupa Badawcza ds. Materiałów Biodegradowalnych PACKaging (UMK Toruń).

Biodiversity of Microorganisms Colonising the Surface of PLA Film

The test material was polylactide (PLA) film. The films were incubated in lake water at 23°C for 7 days. In order to assess the diversity of bacterial communities developing on the surfaces of the PLA films, NGS sequencing of the 16SrRNA gene was performed. Proteobacteria were the most abundant group recorded on PLA films. In contrast, Gammaproteobacteria and Alphaproteobacteria were the most abundant classes. The Burkholderiales with the Commamonadaceae family dominating in numbers was the predominant order.

The five most abundant genera were an unclassified OTU-level representative of the Comamonadaceae, Aquabacterium and an unclassified OTU within the Sphingomonadaceae, Hydrogenophaga and Caulobacter.

The results have relevance for targeted biodegradation processes of polymeric materials, which would effectively avoid waste accumulation and ably take care of environmental protection.

“Excellence Initiative –Research University”, BIOdegradable PACKaging materials research group (Nicolaus Copernicus University in Torun, Poland).

Lost and found: niskocząsteczkowe białkowe fosfatazy tyrozynowe a regulacja aktywności kopolimerazy egzopolisacharydu w rizobiach

Kamila Rusek, Martyna Moryl, Małgorzata Marczak

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

Celem pracy było scharakteryzowanie trzech niskocząsteczkowych białkowych fosfataz tyrozynowych (LMW-PTP) *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* (QJS26037, QJS29739 i QJS28269) oraz ocena ich zdolności do defosforylacji autokinazy PssP – kluczowego regulatora biosyntezy egzopolisacharydu (EPS). Fosfatazy poddano ekspresji heterologicznej z etykietą histydynową w *E. coli*, a następnie oczyszczono na kolumnie Ni²⁺-NTA. Fosforylowany cytoplazmatyczny fragment PssP inkubowano *in vitro* z każdą fosfatazą, a produkty reakcji analizowano metodą Western blot z przeciwciałami anti-P-Tyr oraz spektrometrią mas fosfopeptydów. W toku badań wykazano, że LMW-PTP3 najskuteczniej usuwa reszty fosforanowe z tyrozyn białka PssP. LMW-PTP1 wykazuje umiarkowaną aktywność, natomiast w mieszaninach z LMW-PTP2 nie stwierdzono wykrywalnej defosforylacji Tyr. Uzyskane wyniki sugerują, że LMW-PTP3 pełni dominującą rolę w regulacji aktywności PssP w szlaku biosyntezy EPS w *R. leguminosarum*. Zróżnicowana swoistość LMW-PTP może stanowić dodatkowy poziom kontroli biosyntezy EPS, wpływając na efektywność symbiozy z roślinami lub inne właściwości bakterii.

Lost and Found: Low-Molecular-Weight Protein Tyrosine Phosphatases and the Regulation of Exopolysaccharide Copolymerase Activity in Rhizobia

The aim of the study was to characterize three low-molecular-weight protein tyrosine phosphatases (LMW-PTPs) from *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* (QJS26037, QJS29739 and QJS28269) and to assess their ability to dephosphorylate the autokinase PssP – a key regulator of exopolysaccharide (EPS) biosynthesis. The phosphatases were heterologously expressed in *E. coli* with a histidine tag and subsequently purified on a Ni²⁺-NTA column. A phosphorylated cytoplasmic fragment of PssP was incubated *in vitro* with each phosphatase, and reaction products were analyzed by Western blotting with anti-P-Tyr antibodies and phosphopeptide mass spectrometry. LMW-PTP3 most effectively removed phosphate groups from PssPs Tyr residues. LMW-PTP1 exhibited moderate activity, whereas no detectable tyrosine dephosphorylation was observed in reactions with LMW-PTP2. The results suggest that LMW-PTP3 plays a dominant role in regulating PssP activity within the EPS biosynthetic pathway of *R. leguminosarum*. Differential LMW-PTP specificity may provide an additional layer of EPS-biosynthesis control, influencing the efficiency of symbiosis with leguminous plants and other bacterial traits.

Synergistyczne antybakteryjne działanie bakterii probiotycznych w połączeniu z ekstraktami roślinnymi przeciwko ludzkim patogenom opornych na antybiotyki

Nikodem Rybicki^{1*}, Ewa Sajnaga¹, Marcello Locatelli², Monika Elżbieta Jach¹

¹ Instytut Nauk Biologicznych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, *student biotechnologii, ² Department of Pharmacy, University "G. d'Annunzio" of Chieti-Pescara, Włochy

W dobie narastającej oporności bakterii na antybiotyki rośnie potrzeba poszukiwania alternatywnych strategii terapeutycznych. Celem niniejszego badania była ocena potencjału przeciwbakteryjnego wybranych szczepów probiotycznych z grupy bakterii kwasu mlekowego (LAB), szczepu *Bacillus amyloliquefaciens* (WT), *Escherichia coli* Nissle 1917 oraz ekstraktów roślinnych: *Astragalus membranaceus*, *Serenoa repens* i *Curcuma longa*. Przeprowadzono testy dyfuzyjne i oznaczenia MIC wobec szczepów patogennych o znaczeniu klinicznym, w tym *Staphylococcus aureus* MRSA, *E. coli*, *Shigella dysenteriae*, *Salmonella enterica* i innych. Uzyskane wyniki wykazały, że probiotyczne szczepy *Lactiplantibacillus plantarum* (ER5, ER43) oraz szczep *Bacillus* WT wykazywały istotną aktywność przeciwdrobnoustrojową. Dodatkowo, ekstrakty z kurkumy i traganka błoniastego w stężeniu 1:1 znacząco zwiększały skuteczność hamowania wzrostu patogenów, co sugeruje działanie synergistyczne. Uzyskane wyniki potwierdzają, że łączenie probiotyków z bioaktywnymi ekstraktami roślinnymi może stanowić skuteczne wsparcie dla konwencjonalnej antybiotykoterapii w walce z wielolekoopornymi patogenami.

Synergistic Antibacterial Action of Probiotic Bacteria Combined with Plant Extracts Against Antibiotic-Resistant Human Pathogens

In an era of increasing bacterial resistance to antibiotics, there is a growing need to search for alternative therapeutic strategies. The aim of this study was to evaluate the antimicrobial potential of selected probiotic strains from the lactic acid bacteria (LAB) group, *Bacillus amyloliquefaciens* (WT) strain, *Escherichia coli* Nissle 1917 and plant extracts: *Astragalus membranaceus*, *Serenoa repens* and *Curcuma longa*. Diffusion tests and MIC determinations were carried out against pathogenic strains of clinical importance, including *Staphylococcus aureus* MRSA, *E. coli*, *Shigella dysenteriae*, *Salmonella enterica* and others. The results showed that probiotic strains of *Lactiplantibacillus plantarum* (ER5, ER43) and *Bacillus* WT strain exhibited significant antimicrobial activity. In addition, extracts of turmeric and astragalus at a concentration of 1:1 significantly increased the effectiveness of inhibiting the growth of pathogens, suggesting a synergistic effect. The results confirm that combining probiotics with bioactive plant extracts can provide effective support to conventional antibiotic therapy in the fight against multidrug-resistant pathogens.

Mikrobiologiczna ocena jakości wód rzeki Czechówki w kontekście renaturalizacji miejskich ekosystemów rzecznych

Ewa Sajnaga¹, Monika Elżbieta Jach¹, Marta Ziółek², Katarzyna Mięsiak-Wójcik², Magdalena Krekora²

¹ Instytut Nauk Biologicznych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ² Instytut Nauk o Ziemi i Środowisku, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

Mikroorganizmy chorobotwórcze coraz częściej stanowią stały element wód powierzchniowych, dostających się do rzek m.in. wraz ze ściekami komunalnymi i przemysłowymi. Celem pracy jest mikrobiologiczna ocena jakości wód rzeki Czechówki pod kątem możliwości renaturalizacji miejskich ekosystemów rzecznych. Do tej pory przeprowadzono wstępne badania obejmujące analizę obecności mikroorganizmów wskaźnikowych. W próbkach wody z rzeki Czechówki z marca 2025 nie wykryto obecności wskaźnikowych bakterii chorobotwórczych, aczkolwiek liczba bakterii heterotroficznych (HPC) przekraczała wielokrotnie dopuszczalne wartości dla wód pitnych, świadcząc o zanieczyszczeniu wody. Wstępna analiza wskazywała ponadto na zróżnicowaną jakość mikrobiologiczną wody w zależności od miejsca poboru próbek. Pod względem mikrobiologicznym woda z Czechówki będzie badana aż do jesieni. Planowane też są badania metataksonomiczne wybranych próbek wody. Uzyskane wyniki posłużą do oceny potencjału hydroekologicznego rzeki Czechówki. Zaplanowano także działania edukacyjne na rzecz ochrony miejskich cieków wodnych.

Microbiological Assessment of Water Quality in the Czechówka River in the Context of Urban River Ecosystem Restoration

Pathogenic microorganisms are increasingly becoming a persistent component of surface water, entering rivers primarily through municipal and industrial wastewater. This study aimed to assess the microbiological quality of water from the Czechówka River in the context of restoring urban river ecosystems. Preliminary analyses focused on the presence of indicator bacteria in samples. No pathogenic indicator bacteria were detected in the water samples from the Czechówka River from March 2025. However, the number of heterotrophic bacteria (HPC) exceeded the permissible values for drinking water many times over, indicating water pollution. Preliminary analysis also indicated varying microbiological quality of water depending on the sampling location. Microbiological monitoring of the river will continue until autumn, and the selected samples will be subjected to metataxonomic analysis. These results will contribute to the assessment of the hydroecological potential of the Czechówka River. Educational and conservation activities focusing on the protection of the urban watercourses are also planned.

Ocena występowania wybranych genów zjadliwości oraz antybiooporności *Campylobacter jejuni* pozyskanych od psów

Marek Selwet, Alicja Niewiadomska, Agnieszka Wolna-Maruwka, Dorota Swędrzyńska

Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Badania dotyczyły występowania wybranych genów zjadliwości, antybiooporności szczepów *Campylobacter jejuni* wyizolowanych od psów. Badano wymazy pobrane z odbytnicy od 100 psów z hodowli na terenie Polski. Żaden z psów nie wykazywał objawów chorobowych. Bakterie *Campylobacter* stwierdzono w 36 próbkach (36%) pobranych od 100 psów. Techniki molekularne zidentyfikowały 16 przypadków *C. jejuni* (44%). W próbkach nie zidentyfikowano *C. coli*. W dalszych badaniach nad występowaniem genów zjadliwości wykorzystano szesnaście izolatów *C. jejuni*. Gen *cadF* stwierdzono w 10 izolatach (62%). Zbadano także obecność genów odpowiedzialnych za występowanie cytoletalnej toksyny (CDT). Wyniki wykazały, że gen *cdtB* był obecny w 6 izolatach (37%), natomiast genów *cdtA* i *cdtC* nie wykryto. Test oporności na antybiotyki wykazał, że 7 izolatów było wrażliwych na wszystkie antybiotyki użyte w teście. Wszystkie szczepy były wrażliwe na cyprofloksacynę (CIP), gentamycynę (GE) i meropenem (MEM).

Assessment of the Occurrence of Selected Virulence Genes, and Antibiotic Resistance of *Campylobacter jejuni* Isolates Collected from Dogs

The study concerned the occurrence of selected virulence genes and the antibiotic resistance of *Campylobacter jejuni* strains isolated from dogs. Rectal swabs taken from 100 dogs from breeding farms in Poland were examined. None of the dogs showed any disease symptoms. *Campylobacter* bacteria were found in 36 samples (36%) taken from 100 dogs. Molecular techniques identified 16 cases of *C. jejuni* (44%). *C. coli* was not identified in the samples. Sixteen isolates of *C. jejuni* were used in further studies on the occurrence of virulence genes. The *cadF* gene was found in 10 isolates (62%). The presence of genes responsible for the occurrence of cytolethal toxin (CDT) was also examined. The results showed that the *cdtB* gene was present in 6 isolates (37%), while the *cdtA* and *cdtC* genes were not detected. Antibiotic resistance testing showed that 7 isolates were susceptible to all antibiotics used in the test. All strains were susceptible to ciprofloxacin (CIP), gentamicin (GE) and meropenem (MEM).

Wpływ uprawy współrzędnej na strukturę mikrobiologiczną gleby i potencjał funkcjonalny grzybów glebowych w systemie pszenica-koniczyna

Priyal Sisodia¹, Agata Gryta¹, Jacek Panek¹, Dominika Siegieda¹, Karolina Oszust¹, Mateusz Mącik¹, Michał Pylak¹, Beata Feledyn-Szewczyk², Shamina Imran Pathan³, Giacomo Pietramellara³, Magdalena Frąc¹

¹ Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk; ² Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy; ³ Uniwersytet we Florencji
e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl

Uprawa współrzędna, czyli równoczesna uprawa wielu roślin na tym samym terenie i w tym samym czasie, daje możliwość zrównoważonego rozwoju rolnictwa. Wykazano, że ten typ uprawy zwiększa produktywność przy jednoczesnym wykorzystaniu mniejszej ilości zasobów agrochemicznych w porównaniu do monokultury. Uprawa współrzędna może zwiększyć produkcję rolną i dochody rolników poprzez efektywne wykorzystanie zasobów glebowych, dostosowanie systemów uprawy i optymalizację kontroli fitopatogenów. Globalnie wykazano, że poprawia ona wydajność plonów, biomasy i wykorzystania składników odżywczych w porównaniu z monokulturą. Jednak rozpoznanie zbiorowisk mikroorganizmów w uprawie współrzędnej wymaga dalszych badań. Coraz więcej dowodów sugeruje, że struktura społeczności roślin może regulować skład mikrobioty podziemnej, przyczyniając się tym samym do funkcji niezbędnych do zrównoważonej produkcji rolnej. Przeprowadzone badania obejmowały analizę wpływu trzech odrębnych systemów produkcji rolnej na strukturę i funkcję mikrobiomu gleby w uprawie współrzędnej pszenicy i kukurydzy. Badania realizowano w oparciu o eksperyment polowy obejmujący systemy produkcji roślinnej: ekologiczny, integrowany i konwencjonalny. Ekologiczny system produkcji obejmował zróżnicowaną mieszankę pszenicy, koniczyny czerwonej i traw, podczas gdy zintegrowany system obejmował pszenicę i koniczynę, różniąc się w ten sposób bioróżnorodnością roślin. Analizę metataksonomiczną przeprowadzono przy użyciu sekwencjonowania 16S rDNA i ITS2 w celu oceny składu społeczności bakteryjnej i grzybowej. Dalsze przewidywania funkcjonalne przeprowadzono przy użyciu FUNGuild do ekologicznej klasyfikacji grzybów. Wyniki pokazują, że uprawa współrzędna, zwłaszcza w ekologicznym i integrowanym systemie produkcji, sprzyja bardziej zróżnicowanemu, aktywnemu i funkcjonalnemu mikrobiomowi glebowemu, przyczyniając się ostatecznie do poprawy żywności gleby i zrównoważonej wydajności agroekosystemu.

Badania finansowane w ramach Programu Horyzont Europa, numer umowy: Projekt 101082289 — LEGUMINOSE

Impact of Intercropping on Soil Microbial Structure and Functional Potential of Soil Fungi in Wheat-Clover System

Intercropping, the simultaneous cultivation of multiple crops on the same land, offers the opportunity for sustainable agricultural intensification. It has been demonstrated to increase productivity while using fewer agrochemical resources per unit of land than monoculture. Intercropping can boost agricultural production and farmers' income by efficiently using land, adjusting crop communities, and optimizing

the phytopathogens control. Globally, it has been shown to improve yield, biomass, and nutrient use efficiency compared to monoculture. However, most previous studies have focused on one or fewer intercropping patterns, but their influence on soil microbial communities remains underexplored. Increasing evidence suggests that plant community structure can regulate the composition of the belowground microbiota, thereby contributing to the functions necessary for sustainable agricultural production. In this study, we conducted a detailed investigation into the effects of three distinct agricultural production systems on soil microbiome structure and function in a wheat-clover intercropping system. The experiment compared organic and integrated systems with and without intercropping against conventional wheat monocropping. The organic system included a diverse mix of wheat, red clover, and grasses, while the integrated system incorporated wheat and clover, thus differing in plant biodiversity. Metataxonomic analysis was conducted using 16S rDNA and ITS2 amplicon sequencing to assess bacterial and fungal community composition, respectively. Functional predictions were further carried out using FUNGuild for ecological classification of fungi. The results demonstrate that intercropping, especially when combined with organic or integrated management, fosters a more diverse, active, and functionally capable soil microbiome, ultimately contributing to improved soil fertility and sustainable agroecosystem performance.

This study was supported in the frame of the Horizon Europe Programme, agreement no. Project 101082289 — LEGUMINOSE

***Bacillus paralicheniformis* 2R5 i jego wpływ na wzrost rzepaku**

Maria Swiontek Brzezinska¹, Joanna Świątczak¹, Tamás Felföldi²,
Attila Szabó², Agnieszka Kalwasińska¹

¹ Department of Environmental Microbiology and Biotechnology,
Nicolaus Copernicus University in Toruń, Lwowska 1, 87-100 Toruń,

² Department of Microbiology, ELTE Eötvös Loránd University,
Pázmán y Péter sétány 1/C, H-1117 Budapest, Hungary

Badania wstępne wykazały, że *Bacillus paralicheniformis* 2R5 wykazywał najwyższy potencjał stymulowania wzrostu rzepaku zarówno w warunkach sterylnych, jak i niesterylnych. Obecność genów *trpA*, *B*, *C*, *D*, *E*, *F* oraz *pstA* i *S* w genomie izolatu 2R5 może być związana ze zdolnością do promowania wzrostu roślin. Geny *chiA* i *mbtH* mogą odpowiadać za aktywność przeciwgrzybową szczepu wobec patogenów. Ponadto, wprowadzenie *Bacillus paralicheniformis* 2R5 istotnie zwiększyło obfitość genów *narG*, *nosZ*, *nifH* i *nirS*, co sugeruje, że szczep 2R5 może odgrywać istotną rolę w społeczności bakterii glebowych.

Wyniki pokazały również, że inokulacja *B. paralicheniformis* 2R5 początkowo istotnie zmniejszyła obserwowaną różnorodność bakteryjną w porównaniu z kontrolą, natomiast po 44 dniach od rozpoczęcia zabiegu wartość tego wskaźnika alfa-różnorodności wzrosła. Analiza efektu wielkości dyskryminantu liniowego wykazała, że *B. paralicheniformis* 2R5 zmienił strukturę społeczności bakteryjnych i grzybowych gleby, zwiększając liczebność korzystnych dla roślin mikroorganizmów, takich jak *Nitrospira*, *Ramlibacter*, *Sphingomonas*, *Massilia*, *Terrimonas*, a także *Solicoccozyma*, *Schizothecium*, *Cyphellophora*, *Fusicolla*, *Humicola*.

***Bacillus paralicheniformis* 2R5 and Its Impact on Canola Growth**

Preliminary studies showed that *Bacillus paralicheniformis* 2R5 exhibited the highest potential for stimulating canola growth under both sterile and non-sterile conditions. The presence of the *trpA*, *B*, *C*, *D*, *E*, *F*, and *pstA* and *S* genes in the genome of the 2R5 isolate may be associated with its plant growth-promoting abilities. The *chiA* and *mbtH* genes may be responsible for the strain's antifungal activity against pathogens. Moreover, the introduction of *Bacillus paralicheniformis* 2R5 significantly increased the abundance of the *narG*, *nosZ*, *nifH*, and *nirS* genes, suggesting that strain 2R5 may play an important role in the soil bacterial community.

The results also showed that inoculation with *B. paralicheniformis* 2R5 initially significantly reduced observed bacterial diversity compared to the control, while after 44 days of treatment, this alpha diversity metric increased. Linear discriminant analysis effect size revealed that *B. paralicheniformis* 2R5 altered the structure of soil bacterial and fungal communities by increasing the abundance of plant-beneficial microorganisms such as *Nitrospira*, *Ramlibacter*, *Sphingomonas*, *Massilia*, *Terrimonas*, as well as *Solicoccozyma*, *Schizothecium*, *Cyphellophora*, *Fusicolla*, and *Humicola*.

Wpływ parametrów fizyko-chemicznych gleby na poziom oporności na antybiotyki

Mateusz Szadziul¹, Agata Goryluk-Salmonowicz², Magdalena Popowska¹

¹ Zakład Fizjologii Bakterii, Wydział Biologii, Instytut Mikrobiologii, Uniwersytet Warszawski ² Katedra Biochemii i Mikrobiologii, Instytut Biologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Oporność na środki przeciwdrobnoustrojowe (AMR) stanowi poważne globalne zagrożenie dla zdrowia publicznego. Niniejsze badanie analizuje zależność między właściwościami fizykochemicznymi gleby, a obfitością genów warunkujących oporność na antybiotyki (ARG) w środowiskach o różnym stopniu oddziaływania antropogenicznego, takich jak: gleba uprawna nawożona obornikiem, gleba z dodatkiem nawozów mineralnych oraz gleby leśne. W glebach analizowano zawartość 24 parametrów fizykochemicznych oraz 27 klinicznie istotnych genów ARG i 5 genów kodujących ruchome elementy genetyczne (MGE). Do analizy ARG zastosowano wysokoprzepustową, ilościową reakcję PCR (High Throughput quantitative PCR, HT-qPCR) w systemie SmartChip™ Real-time PCR. Uzyskane wyniki poddano analizie korelacji w programie Cytoscape v.3.10.1. Analiza wykazała m.in. dodatnie korelacje pomiędzy azotem, glinem i magnezem, a genami ARG oraz MGE. Z kolei ujemne korelacje wykazano w przypadku zawartości piasku i stosunku węgla do azotu. Analiza korelacji wykazała również silne dodatnie powiązania między MGE, a ARG, co podkreśla rolę elementów genetycznych w rozprzestrzenianiu się AMR. Otrzymane dane podkreślają wpływ czynników środowiskowych na dynamikę AMR i wskazują na potrzebę uwzględnienia ekologii gleb w strategiach ograniczania AMR w ramach podejścia One Health.

Soil Physico-Chemical Parameters Influence on the Level of Antibiotic Resistance

Antimicrobial resistance (AMR) is a serious global threat to public health. This study analyzes the relationship between the physicochemical properties of soil and the abundance of antibiotic resistance genes (ARGs) in environments with varying degrees of anthropogenic impact, such as manure-fertilized agricultural soil, mineral-fertilized soil, and forest soils. The study examined 24 physicochemical parameters, 27 clinically relevant ARGs, and 5 genes encoding mobile genetic elements (MGEs) in the soil. High-throughput quantitative PCR (HT-qPCR) using the SmartChip™ Real-time PCR system was applied to analyze ARGs. The obtained results were subjected to correlation analysis in Cytoscape v.3.10.1. The analysis revealed, among other findings, positive correlations between nitrogen, aluminum, and magnesium, and ARG and MGE genes. Conversely, negative correlations were observed between the content of sand and the carbon-to-nitrogen ratio. The correlation analysis also showed strong positive associations between MGEs and ARGs, emphasizing the role of genetic elements in the spread of AMR. The data obtained highlight the impact of environmental factors on AMR dynamics and indicate the need to consider soil ecology in strategies to mitigate AMR as part of a One Health approach.

Wpływ odpadów lignocelulozowych na grupy funkcyjne mikroorganizmów glebowych w uprawach sadowniczych

Magdalena Szczech, Beata Kowalska, Jadwiga Treder,
Anna Michalska, Jolanta Winciorek

Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy

Intensywne uprawy ogrodnictwa prowadzą do pogorszenia funkcjonowania gleb. Jedną z możliwych metod, aby poprawić stan gleby może być wprowadzanie kompozytowego granulatu celulozy skalnej (RCP), produkowanego z odpadowych włókien celulozowych i pyłu skalnego. Wcześniejsze badania z RCP wykazały zwiększenie bioróżnorodności mezofauny glebowej, szczególnie w okresach suszy. Celem prezentowanych badań była ocena oddziaływania granulatu z celulozy oraz granulatu wzbogaconego zrębkami drzewnymi, impregnowanymi NPK, na różne grupy funkcyjne mikroorganizmów glebowych w sadach jabłoniowych oraz śliwowych. RCP oraz RCP ze zrębkami zastosowano jako materiał ściółkujący w pasach drzew. Doświadczenia prowadzono w sadach komercyjnych. Próby gleby pobierano w czterech terminach w latach 2024-2025. Określano liczebności bakterii i grzybów na ogólnych podłożach agarowych do izolacji tych mikroorganizmów, a także bakterie z rodzaju *Pseudomonas*, *Azotobacter* i mikroorganizmy celulozowe. Stwierdzono pozytywny wpływ RCP i RCP połączonego ze zrębkami na liczebności badanych grup mikroorganizmów glebowych.

*Projekt współfinansowany przez UE w ramach Programu LIFE i NFOSiGW
Projekt 101113635 – LIFE22-ENV-PL-SoilLifeBoats*

Effect of Lignocellulosic Waste on Functional Groups of Soil Microorganisms in Orchard Crops

Intensive horticultural cultivation leads to the deterioration of soil functioning. One possible method to improve soil health may be the introduction of composite rock cellulose pellets (RCP), produced from waste cellulose fibres and rock dust. Previous studies with RCP have shown an increase in the biodiversity of soil mesofauna, especially during periods of drought. The aim of the present study was to evaluate the effects of these pellets and pellets enriched with NPK-impregnated wood chips on different functional groups of soil microorganisms in apple and plum orchards. RCP and RCP with woodchips were applied as mulching material in tree rows. The experiments were conducted in commercial orchards. Soil samples were taken on four times during 2024 - 2025. Bacterial and fungal counts were determined on general agar media for isolation of these microorganisms. The abundance of bacteria *Pseudomonas*, *Azotobacter* and cellulolytic microorganisms were also estimated. A positive effect of RCP and RCP combined with woodchips was found on the counts of the soil functional microorganism groups.

*Project co-funded by EU LIFE Programme and NFEPWM
Project 101113635 – LIFE22-ENV-PL-SoilLifeBoats*

Struktura i dynamika zmienności wirusów w uprawach cukinii oraz ich wektorach owadziach

Martyna Szkatulska, Julia Minicka, Daria Budzyńska, Aleksandra Zarzyńska-Nowak, Przemysław Strażyński, Beata Hasiów-Jaroszewska

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, 60-318 Poznań,
ul. Władysława Węgorka 20

Powierzchnia upraw cukinii (*Cucurbita pepo* L.) w Polsce systematycznie rośnie; roślina ta jest jednak szczególnie wrażliwa na infekcje wirusowe, które powodują znaczący spadek plonów. Celem naszych badań było przeprowadzenie kompleksowych analiz występowania i struktury populacji wirusów porażających uprawy cukinii oraz ich owadziach wektorów. Monitoring upraw cukinii prowadzono od 2022 roku, w województwie wielkopolskim i kujawsko-pomorskim. Zebrane próbki roślin i mszyc, będących głównym wektorem wirusów, łączono odpowiednio po 10 sztuk w próbki zbiorcze, rozcierano w ciekłym azocie i izolowano RNA. Ponad 250 wybranych prób zbiorczych poddano sekwencjonowaniu wysokoprzepustowemu na platformie Illumina. W badanych latach i regionach stwierdzono przewagę wirusa mozaiki arbuza (watermelon mosaic virus, *Potyvirus citrulli*), głównie w infekcjach mieszanych z wirusem żółtej mozaiki cukinii (zucchini yellow mosaic virus, *Potyvirus cucurbitaflaviteselati*). Obecność wirusów w mieszanych infekcjach może skutkować synergistycznymi oddziaływaniami i nasileniem symptomów chorobowych. Analiza danych wykazała również obecność nowych, dotąd niewystępujących na terenie Polski wirusów.

Badania wykonano w ramach projektu OPUS 2021/41/B/NZ9/03574 finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki.

Structure and Dynamics of Virus Variability in Zucchini Crops and Their Insect Vectors

The area of zucchini (*Cucurbita pepo* L.) cultivation in Poland has been systematically increasing, however, the crop is particularly susceptible to viral infections, which can cause significant yield losses. Our study aimed to conduct comprehensive analyses of the occurrence and population structure of viruses infecting zucchini crops, as well as their insect vectors. Monitoring of zucchini cultivation has been carried out since 2022 in Wielkopolskie and Kujawsko-Pomorskie regions of Poland. Collected plant and aphid samples, which are the main vectors of viruses, were pooled from 10 individuals, respectively, and subjected to RNA isolation and high-throughput sequencing on the Illumina platform. Overall, more than 250 pooled samples were sequenced. In the years and regions studied, the watermelon mosaic virus (*Potyvirus citrulli*) was found to be predominant, mainly in mixed infections with zucchini yellow mosaic virus (*Potyvirus cucurbitaflaviteselati*). The presence of viruses in mixed infections can result in synergistic interactions and increased severity of disease symptoms. Data analysis also revealed the presence of new viruses previously unreported in Poland.

The study was carried out as part of the 2021/41/B/NZ9/03574 project funded by the National Science Centre.

Analiza porównawcza występowania grzybów entomopatogenicznych w glebach z pasów kwietnych i trawników w przestrzeni miejskiej

Cezary Tkaczuk, Anna Majchrowska-Safaryan

Uniwersytet w Siedlcach, Wydział Nauk Rolniczych, Instytut Rolnictwa i Ogrodnictwa

Celem badań była analiza porównawcza składu rodzajowego grzybów entomopatogenicznych i określenie ich potencjału infekcyjnego w glebach z pasów kwietnych i trawników znajdujących się wzdłuż głównych ciągów komunikacyjnych miasta Siedlce. Próby gleby pobrano wiosną i jesienią z dwóch stanowisk i siedlisk w latach 2021/2022 oraz 2024 r. Izolację grzybów przeprowadzono za pomocą podłoża selektywnego [Strasser i wsp. 1996]. Posiewy roztworów glebowych wykonano w czterech powtórzeniach i po 10-12 dniach inkubacji obliczono liczbę rozwijających kolonii (CFU – colony forming unit). W końcowym etapie doświadczenia dokonano przeliczenia jednostek tworzących kolonie grzybów (jtk) w 1 gramie suchej gleby. W próbach glebowych stwierdzono występowanie czterech rodzajów grzybów entomopatogenicznych: *Beauveria*, *Metarhizium*, *Cordyceps* oraz *Akanthomyces*. Stanowisko, typ siedliska oraz pora roku miały istotny wpływ na zróżnicowanie poszczególnych rodzajów grzybów oraz zagęszczenie jednostek tworzących kolonie (jtk) w badanych glebach. Dominującymi rodzajami grzybów owadobójczych, tworzącymi najwięcej jtk w glebach z badanych pasów kwietnych i sąsiadujących z nimi trawników były *Metarhizium* spp. i *Beauveria* spp. Stwierdzono, że łącznie grzyby entomopatogeniczne występowały w większym zagęszczeniu w glebie z badanych siedlisk (pas kwietny i trawnik) w terminie jesiennym niż wiosennym.

Comparative Analysis of the Occurrence of Entomopathogenic Fungi in Soils from Flower Strips and Lawns in Urban Spaces

The aim of the study was to conduct a comparative analysis of the generic composition of entomopathogenic fungi and determine their infectious potential in soils from flower strips and lawns located along the main communication routes of the city of Siedlce. Soil samples were collected in the spring and autumn from two sites and habitats in 2021/2022 and 2024. Isolation of fungi was carried out using a selective medium [Strasser et al. 1996]. Soil solutions were inoculated in four replicates and after 10-12 days of incubation, the number of colony forming units (CFU) developing on the culture medium was calculated. In the final stage of the experiment, the number of colony forming units (CFU) of fungi in 1 gram of dry soil was counted. Four genera of entomopathogenic fungi were found in the soil samples: *Beauveria*, *Metarhizium*, *Cordyceps* and *Akanthomyces*. The location, habitat type and season had a significant effect on the diversity of individual types of fungi and the density of colony-forming units (CFU) in the studied soils. The dominant types of entomopathogenic fungi, forming the most (CFU) in the soils from the studied flower strips and the adjacent lawns, were *Metarhizium* spp. and *Beauveria* spp. It was found, that entomopathogenic fungi occurred in higher densities in the soil from the studied habitats (flower strips and lawn) in autumn than in spring.

Charakterystyka molekularna polskich izolatów wirusa smugowatej mozaiki pszenicy (wheat streak mosaic virus, WSMV)

Katarzyna Trzmiel, Aleksandra Zarzyńska-Nowak, Emily Pusch, Beata Hasiów-Jaroszewska

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Poznaniu

Wirus smugowatej mozaiki pszenicy (wheat streak mosaic virus, WSMV) należy do rodzaju *Tritimovirus* w rodzinie Potyviridae. Jest on jednym z głównych i szeroko rozpowszechnionym patogenem wirusowym pszenicy. W ramach prowadzonych prac zidentyfikowano 6 nowych izolatów WSMV z różnych regionów Polski. Celem niniejszych badań była molekularna charakterystyka w/w izolatów na podstawie kompletnych sekwencji genomów, otrzymanych w wyniku sekwencjonowania Sangera oraz wysokoprzepustowego. Uzyskane sekwencje zdeponowano w Banku Genów NCBI pod numerami PV075073-PV075078. W celu oceny zróżnicowania genetycznego, występowania rekombinacji, relacji filogenetycznych oraz presji selekcyjnej wykonano analizy bioinformatyczne. Uzyskane wyniki wskazują na wysokie wzajemne podobieństwo europejskich izolatów WSMV wynoszące od 97,6 % do 99,3% dla sekwencji nukleotydów i od 98,6% do 99,8% dla sekwencji aminokwasów. Analiza zjawiska rekombinacji wykazała tylko jeden zrekombinowany wariant pochodzący z Polski (WSMV-Sosn). Wszystkie nowo zidentyfikowane izolaty wirusa należały do jednej grupy filogenetycznej, a dominujący wpływ na populację WSMV ma oczyszczająca presja selekcyjna.

Praca powstała w wyniku realizacji projektu badawczego o nr 2024/53/B/NZ9/02897 finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki.

Molecular Characterization of Wheat Streak Mosaic Virus Isolates from Poland

Wheat streak mosaic virus (WSMV) belongs to the genus *Tritimovirus* within the family Potyviridae. It is one of the major and widespread viral pathogens of wheat. In this study six new WSMV isolates were collected. The aim of this study was the molecular characterization of above mentioned isolates based on their complete genome sequences. The sequences were obtained using Sanger and high-throughput sequencing and deposited in the NCBI GenBank database under accession numbers PV075073–PV075078. Bioinformatic analyses of genetic diversity, recombination events, phylogenetic relationships, and selective pressure were conducted. The analysis revealed high level of genetic similarity among European WSMV isolates, ranging from 97.6% to 99.3% and from 98.6% to 99.8% for nucleotide and amino acids, respectively. The analysis of potential recombination events indicated only one recombinant variant originated from Poland (WSMV-Sosn). All newly collected virus isolates belonged to one phylogenetic group. The WSMV population is shaped by purifying selection.

This study was supported by research project no. 2024/53/B/NZ9/02897 financed by National Science Centre.

Profil mikrobiomu tkanek okołowierzchołkowych zęba mądrości przeleczonego endodontycznie z widoczną zmianą torbielową

Anna Turska-Szewczuk, Dorota Samborska, Gabriela Omiotek

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

Zęby prawidłowo leczone endodontycznie, nawet bez widocznych zmian w obrazie rentgenowskim, stanowią źródło infekcji groźnych dla zdrowia człowieka. Jest to miejsce bytowania oportunistycznej mikrobioty, głównie ściśle beztlenowej, której namnażanie się prowadzi do zmian w obrębie tkanek wierzchołka korzenia, a w miarę rozwoju tego procesu do transmisji drobnoustrojów do innych narządów. Celem pracy było określenie zmian w składzie mikrobiomu tkanek okołowierzchołkowych zęba 28 (wg systemu Violla) przeleczonego endodontycznie z torbielą okołowierzchołkową widoczną w obrazie rentgenowskim, w zależności od czasu hodowli preparatu w warunkach beztlenowych. Badanie struktury metagenomicznej populacji bakterii przeprowadzono techniką sekwencjonowania NGS hiperzmiennego regionu V3-V4 genu 16S rDNA. Analizę bioinformatyczną ampikonów wykonano w oparciu o sekwencje referencyjne zdeponowane w bazie Silva 138. Wyjściową mikrobiotę stanowili przedstawiciele rządów: Lactobacillales (33%), Bacteroidales (29,3%), Coriobacteriales (9,5%), Eubacteriales (8,4%), Peptostreptococcales-Tissierellales (6,4%), Lachnospirales (6%) i Veillonellales-Selenomonadales (5,2%). Pasaż utrzymywał zróżnicowaną strukturę mikrobiomu promując istotnie wzrost Fusobacteriales (15,6%).

Profile of the Microbiome of Periapical Tissues of an Endodontically Treated Wisdom Tooth with a Visible Cystic Lesion

Teeth that have apparently been properly endodontically treated, even without observable changes in the X-ray image, are a source of infections that are dangerous to human health. This is a niche of opportunistic microbiota, mainly strictly anaerobic, the multiplication of which leads to changes in periapical tissues. As the process progresses, it leads to the transmission of microorganisms to other organs. The aim of the study was to determine changes in the composition of the microbiome of the periapical tissues of tooth 28 treated endodontically with a periapical cyst visible in the X-ray image, depending on the time of culture of the specimens in anaerobic conditions. The study of the metagenomic structure of the bacterial population was performed using NGS sequencing of the hypervariable region V3-V4 of 16S rDNA. Bioinformatics analysis of amplicons was performed based on reference sequences deposited in the Silva 138 database. The initial microbiota consisted of representatives of the orders: Lactobacillales (33%), Bacteroidales (29.3%), Coriobacteriales (9.5%), Eubacteriales (8.4%), Peptostreptococcales-Tissierellales (6.4%), Lachnospirales (6%), and Veillonellales-Selenomonadales (5.2%). The passage maintained the diverse microbiome structure, significantly promoting the growth of Fusobacteriales (15.6%).

Modyfikacja mykobioty ziarna pszenicy zwyczajnej po aplikacji *Aureobasidium pullulans*

Urszula Wachowska¹, Bożena Cwalina-Ambroziak¹, Wioletta E. Pluskota²,
Marta Damszel¹, Weronika Giedroń¹, Sebastian Przemieniecki¹

Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, ¹ Katedra Entomologii, Fitopatologii
i Diagnostyki Molekularnej, ² Katedra Fizjologii Roślin, Genetyki i Biotechnologii

Gatunek *Aureobasidium pullulans* posiada istotne znaczenie biotechnologiczne, a w ostatnich latach testowana jest jego przydatność w ochronie roślin rolniczych. Celem badań prowadzonych w 2021-2023 w warunkach polowych była analiza struktury mykobioty ziarna pszenicy zwyczajnej oraz ocena wpływu aplikacji fungicydów i szczepów *A. pullulans* Apcc i Ap11 na zdrowotność kłosów oraz grupy funkcjonalne grzybów: patogenów, drożdży i toksynotwórczych gatunków przechowalniczych. In total, 495 078 high-quality ITS2 sequences were obtained from all of the grain samples. Ogółem patogeny stanowiły 69,22%, drożdże 3,03% a grzyby przechowalnicze 0,01% ogółu jednostek taksonomicznych (OTUs). Wyłącznie trzykrotne wykonanie zabiegów fungicydami i ochrona integrowana z użyciem szczepu *A. pullulans* Ap11 ograniczały liczbę OTU grzybów rodzaju *Fusarium* (*Gibberella avenacea*, *F. culmorum*, *F. langsethiae*), kolejno o 33 i 34 % w porównaniu z kombinacją kontrolną. Integracja metod biologicznych i fungicydowych może stać się skuteczną, proekologiczną metodą ograniczenia patogenów.

Modification of the Common Wheat Grain Mycobiome After the Application of *Aureobasidium pullulans*

The yeast-like fungus *Aureobasidium pullulans* plays an important role in biotechnology, and its applicability in agricultural crop protection has been tested in recent years. exhibits specific antifungal activity. The aim of this field experiment, conducted in 2021-2023, was to analyze the structure of the common wheat grain mycobiome and to evaluate the effect of fungicides and *A. pullulans* strains Apcc and Ap11 on spike health and the functional groups of fungi, including pathogens, yeasts, and toxin-producing storage fungi. In total, 495 078 high-quality ITS2 sequences were obtained from all grain samples. Pathogens accounted for 69.22%, yeasts – for 3.03%, and storage fungi – for 0.01% of total operational taxonomic units (OTUs). Only three fungicide treatments and integrated fungicide and biological protection treatment with the use of *A. pullulans* strain Ap11 reduced the number of OTUs of *Fusarium* fungi (*Gibberella avenacea*, *F. culmorum*, *F. langsethiae*) by 33% and 34%, respectively. An integrated approach combining biocontrol agents with fungicides can be an effective and environmentally-friendly method of controlling cereal pathogens.

Odowiedź endofitów nasion na metale ciężkie

Rafał Ważny¹, Ayesha Aziz^{1,2}, Agnieszka Domka³, Roman J. Jędrzejczyk¹,
Kinga Jarosz⁴, Oleksandra Kutinova^{1,2}, Piotr Rozpądek¹

¹ Małopolska Centre of Biotechnology, Jagiellonian University in Kraków, Poland

² Doctoral School of Exact and Natural Sciences, Jagiellonian University in Kraków, Poland

³ W. Szafer Institute of Botany Polish Academy of Sciences, Kraków, Poland

⁴ Institute of Geology, Jagiellonian University in Kraków, Poland

Mikrobiota nasion odgrywa kluczową rolę w adaptacji rośliny do zmian zachodzących w środowisku. W przypadku *Arabidopsis arenosa* zanieczyszczenie gleby metalami ciężkimi spowodowało zmiany w strukturze zbiorowisk bakterii zasiedlających nasiona; bioróżnorodność grzybów endofitycznych pozostała niezmienną. Wskaźnik tolerancji grzybów i bakterii na metale toksyczne był porównywalny. Bakterie endofityczne nie wspomagały wzrostu rośliny w obecności metali, natomiast oddziaływanie grzybów było zróżnicowane i zależało od tego, z jakiej populacji roślin pochodziły. Szczepy grzybów pochodzące z nasion populacji referencyjnych zwiększały biomasę roślin w większym stopniu niż izolaty pochodzące z populacji hałdowych. Wyniki wskazują, że zmiany w strukturze mikrobioty, jako odpowiedź na zmiany środowiskowe, nie zawsze będą tłumaczyć zwiększoną tolerancję roślin na zanieczyszczenie środowiska. Może ona być regulowana przez mechanizmy zależne od szczepu mikroorganizmu.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki (OPUS22 nr 2021/43/B/NZ9/03034)

Response of Seed Endophytes to Heavy Metals

The seed microbiota plays a crucial role in the plant's adaptation to environmental changes. In the case of *Arabidopsis arenosa*, soil pollution with heavy metals caused changes in the structure of bacterial communities inhabiting the seeds; the biodiversity of endophytic fungi remained unchanged. The tolerance index of fungi and bacteria to toxic metals was comparable. Endophytic bacteria did not promote plant growth in the presence of metals, while the interaction of fungi was varied and depended on the origin. Fungal strains originating from the seeds of non-metalliferous populations increased plant biomass to a greater extent than isolates originating from metalliferous populations. The results indicate that changes in the structure of the microbiota, as a response to environmental changes, will not always explain the increased tolerance of plants to environmental pollution. It may be regulated by mechanisms dependent on the microorganism strain.

This work was supported by National Science Center in Poland (OPUS22 grant no 2021/43/B/NZ9/03034)

Wpływ wybranych szczepów bakterii promujących wzrost roślin na poziom akumulacji wirusa mozaiki pomidora (ToMV) w *Solanum lycopersicum*

Przemysław Wieczorek, Arnika Przybylska,
Aleksandra Obrępańska-Stęplowska

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, ul. W. Węgorzka 20, 60-318 Poznań

Wirus mozaiki pomidora (ToMV) stanowi istotne zagrożenie dla upraw *Solanum lycopersicum*. Bakterie promujące wzrost roślin (PGPB) mogą stanowić alternatywną metodę hamowania infekcji ToMV. Celem pracy była ocena wpływu *Bacillus velezensis* i *Lactobacillus plantarum* na poziom akumulacji ToMV w pomidorze.

Rośliny pomidora traktowano zawiesiną *B. velezensis* lub *L. plantarum*, a 10 dni po aplikacji, rośliny inokulowano ToMV. Następnie, 11 oraz 15 dni po inokulacji, z roślin izolowano całkowity RNA i oznaczano poziom akumulacji RNA ToMV metodą ilościowego PCR w czasie rzeczywistym.

Wyniki przeprowadzonych analiz pokazują na istotny spadek poziomu akumulacji RNA ToMV w roślinach traktowanych *L. plantarum* (pomidor odmiany Maliniak). Natomiast w odmianie San Marzano oba gatunki bakterii hamowały akumulację ToMV. Uzyskane wyniki, zwłaszcza dla szczepu *L. plantarum*, wskazują na potencjalną możliwość zastosowania bakterii promujących wzrost roślin do ograniczania infekcji wirusowych.

Badania finansowane z projektu MNiSW w ramach działalności statutowej IOR–PIB w ramach podzadania: BMB/AP.

Effect of Selected Plant Growth-Promoting Bacteria on the Accumulation of Tomato Mosaic Virus in *Solanum lycopersicum*

Tomato mosaic virus (ToMV) represents a significant threat to *Solanum lycopersicum*. However, plant growth-promoting bacteria (PGPB) may offer an alternative strategy for limiting ToMV infection in tomatoes. This study aimed to evaluate the effect of *Bacillus velezensis* and *Lactobacillus plantarum* on ToMV RNA accumulation in tomato plants.

Tomato plants were treated with a suspension of *B. velezensis* or *L. plantarum*, and ten days after bacterial application, the plants were inoculated with ToMV. Next, at 11 and 15 dpi, plants were harvested, total RNA isolated and virus RNA accumulation in plants was assessed using real-time quantitative polymerase chain reaction (RT-qPCR).

The results demonstrated a significant reduction in ToMV RNA accumulation in *L. plantarum*-treated plants, particularly of the Maliniak cultivar. In the San Marzano cultivar, both bacterial species suppressed ToMV accumulation. These findings, particularly those related to the *L. plantarum* strain, indicate the potential use of plant growth-promoting bacteria to mitigate viral infections in crops.

The research was funded by the Polish Ministry of Science and Higher Education support for the Institute of Plant Protection–NRI, under the BMB/AP Programme.

Monitorowanie i wykrywanie zanieczyszczeń biotycznych i abiotycznych przez elektroniczne, roślinne i oparte na mikroorganizmach wskaźniki (Mobiles)

Katarzyna Wiejak, Anna Marzec-Grządziel

Zakład Mikrobiologii

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

W projekcie Mobiles zostaną opracowane zaawansowane biosensory do monitorowania zanieczyszczeń organicznych, takich jak pestycydy i hormony, oraz mikroorganizmów opornych na antybiotyki w wodzie, glebie i powietrzu. Dodatkowo zostaną rozwinięte biosensory oparte na organizmach, takich jak genetycznie modyfikowane bakterie chemiluminescencyjne, zdolne do detekcji antybiotyków, metali ciężkich i pestycydów w wodzie, oraz rośliny zmieniające barwę w obecności arsenu w glebie. Zakład Mikrobiologii IUNG – PIB bierze udział w ocenie różnorodności genetycznej oraz identyfikacji mikroorganizmów w glebach skażonych różnymi zanieczyszczeniami. Uczestniczy w analizie metagenomicznej oraz metatranskryptomicznej mikroorganizmów zanieczyszczonych obszarów, wspierając sekwencjonowanie i analizę bioinformatyczną danych genetycznych. Zakład Mikrobiologii IUNG – PIB będzie odpowiedzialny za właściwy dobór i pobór próbek gleby, a także za ekstrakcję DNA/RNA i współpracę przy sekwencjonowaniu materiału genetycznego.

Badania finansowane przez 101135402 – Mobiles – HORIZON-CL6-2023-ZEROPOLLUTION-01

Monitoring and Detection of Biotic and Abiotic Contaminants Using Electronic, Plant-Based, and Microorganism-Based Indicators (Mobiles)

As part of the Mobiles project, advanced biosensors will be developed to monitor organic contaminants such as pesticides and hormones, as well as antibiotic-resistant microorganisms in water, soil, and air. In addition, organism-based biosensors will be designed, including genetically modified chemiluminescent bacteria capable of detecting antibiotics, heavy metals, and pesticides in water, and plants that change color in the presence of arsenic in soil. The Department of Microbiology at IUNG-PIB participates in the assessment of genetic diversity and identification of microorganisms in soils contaminated with various pollutants. It is involved in metagenomic and metatranscriptomic analyses of microorganisms from polluted areas, supporting sequencing and bioinformatic analysis of genetic data. The Department will be responsible for the proper selection and collection of soil samples, DNA/RNA extraction, and cooperation in the sequencing of genetic material.

This research was funded by 101135402 – Mobiles – HORIZON-CL6-2023-ZEROPOLLUTION-01

Zmiany w składzie ryzobiomu kukurydzy zachodzące w cyklu wegetacyjnym

Oskar Wiśniewski¹, Aleksandra Burkowska-But^{1,2}, Adriana Osińska¹, Maciej Walczak^{1,2}

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

² Bacto-Tech sp. z o.o., Polna 148, 87-100 Toruń

Interakcje roślina–mikrobiom mają istotny wpływ na wzrost, kondycję i produktywność roślin. Zrozumienie różnorodności strukturalnej i funkcjonalnej mikrobiomu może przyczynić się do rozwoju zrównoważonych praktyk rolniczych. W badaniu oceniono zmiany składu ryzobiomu kukurydzy (*Zea mays* L.) w trakcie cyklu wegetacyjnego. Próbkę gleby z rizosfery pobrano z 4 pól uprawnych w Polsce w trzech etapach: przed kwitnieniem, po kwitnieniu i po zbiorach. Analiza mikrobiologiczna oparta była na sekwencjonowaniu regionów V3-V4 genu 16S rRNA i analizie bioinformatycznej w programach Metagenomics, R Studio i MicrobiomeAnalyst. W próbkach zidentyfikowano cztery gatunki bakterii obecne we wszystkich etapach: *Gaiella occulta*, *Gemmatimonas aurantiaca*, *Nitrosomonas* sp. i *Sphingomonas* sp. Największą bioróżnorodność (indeks Shannona 2,2) stwierdzono po kwitnieniu, a najmniejszą (1,95) po zbiorach. Dominującymi rodzajami były *Sphingomonas* (17-29%) i *Bradyrhizobium* (13-18%).

The Changes in Maize Rhizobiome Composition Occurring in the Vegetation Cycle

Plant–microbiome interactions significantly influence plant growth, health, and productivity. Understanding the structural and functional diversity of the plant microbiome can support the development of sustainable agricultural practices. This study assessed rhizobiome composition changes in maize (*Zea mays* L.) throughout its vegetation cycle. Rhizosphere soil samples were collected from four maize fields in Poland at three stages: before flowering, after flowering, and post-harvest. Microbial analysis was based on 16S rRNA V3-V4 sequencing and bioinformatic processing using Metagenomics, R Studio, and MicrobiomeAnalyst. Four bacterial species were consistently found: *Gaiella occulta*, *Gemmatimonas aurantiaca*, *Nitrosomonas* sp., and *Sphingomonas* sp. The highest Shannon diversity index (2.2) occurred after flowering, while the lowest (1.95) followed harvest. *Sphingomonas* (17-29%) and *Bradyrhizobium* (13-18%) were dominant genera across all samples.

Grzyby wyższe w eliminacji mikrozanieczyszczeń farmaceutykami

Kamila Wlizło, Magdalena Uniłowska, Oleksandr Fursa, Katarzyna Próchniak

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

W dobie rosnącego zanieczyszczenia środowiska wodnego farmaceutykami, istnieje potrzeba ciągłego rozwoju nowych, skutecznych metod ich eliminacji. Wśród proponowanych rozwiązań, adsorpcja jest co raz częściej wymieniana jako szybka, tania i prosta technika wiązania mikrozanieczyszczeń między innymi ze ścieków. Wśród sorbentów na popularności zyskują z kolei materiały pochodzenia naturalnego, do których zaliczyć można także biomasę owocników grzybów wyższych. W przedstawionych badaniach homogenat biomasy 50 owocników grzybów wielkoowocnikowych, obejmujących gatunki dzikie i uprawne, zastosowano jako sorbent w eliminacji diklofenaku (40 mg/L) i karbamazepiny (40 mg/L) ze środowiska wodnego. Wyniki wskazały, że homogenaty uzyskane z owocników wszystkich badanych gatunków są zdolne do wiązania badanych farmaceutyków z różną wydajnością, przy czym najwydajniejsze okazały się homogenaty pieczarki dwuzarodnikowej (*Agaricus bisporus*) i żółciaka siarkowego (*Letiporus sulphureus*), odpowiednio dla karbamazepiny i diklofenaku z wydajnością sięgającą 90%. Dalsze badania optymalizacyjne procesu wykazały, iż jest on możliwy do przeprowadzenia w szerokim zakresie wartości pH (2-10) i temperatury (6°C-28°C). Ponadto proces ten zachodzi szybko osiągając maximum wydajności po 30 minutach i jest powtarzalny co wykazały badania stabilności operacyjnej homogenatów, wskazujący na możliwość ich wielokrotnego zastosowania w adsorpcji badanych farmaceutyków.

Higher Fungi in the Elimination of Pharmaceutical Micropollutants

In an era of increasing pollution of the aquatic environment by pharmaceuticals, there is a need for the continuous development of new, effective methods for their elimination. Among the solutions proposed, adsorption is increasingly cited as a fast, cheap and simple technique for binding micropollutants from wastewater, among others. Among sorbents, on the other hand, materials of natural origin, which also include the biomass of higher fungal fruiting bodies, are gaining in popularity. In the presented study, the biomass homogenates of 50 fruiting bodies of macrofungi, including wild and cultivated species, were used as sorbents in the elimination of diclofenac (40 mg/L) and carbamazepine (40 mg/L) from the aquatic environment. The results indicated that the homogenates obtained from the fruiting bodies of all the species tested were capable of binding the tested pharmaceuticals with varying efficiency, with the homogenates of the white button (*Agaricus bisporus*) and the chicken of the woods mushroom (*Letiporus sulphureus*) for carbamazepine and diclofenac, respectively, with efficiencies up to 90%. Further process optimisation studies showed that the process is feasible over a wide range of pH values (2-10) and temperature (6°C-28°C). In addition, the process occurs rapidly reaching a maximum yield after 30 minutes and is reproducible as demonstrated by operational stability studies of the homogenates, indicating that they can be used repeatedly in the adsorption of the pharmaceuticals studied.

Wpływ wanadu na proces metanotrofii oraz skład mikrobiomu glebowego

Ewa Wnuk¹, Anna Szafranek-Nakonieczna², Weronika Goraj², Dariusz Wiącek³, Agnieszka Wolińska², Rafał Łopucki¹

¹ Katedra Biomedycyny i Badań Środowiskowych, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1 J, 20-708 Lublin

² Katedra Mikrobiologii i Medycyny Translacyjnej, Instytut Nauk Medycznych, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1 H, 20-708 Lublin

³ Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

Procesy przemian węgla w środowisku mają istotne znaczenie w kontekście postępujących zmian klimatycznych. Ich przebieg może być zakłócany przez obecność zanieczyszczeń pochodzących, np. z działalności człowieka. Do tej grupy należy m.in. wanad (V) – pierwiastek, którego ilość w środowisku systematycznie wzrasta.

W niniejszym badaniu podjęto próbę oceny wpływu pięciowartościowej formy V(+V), uznawanej za najbardziej toksyczną, na tempo utleniania metanu w glebie typu *Leptosol*. W tym celu zastosowano cztery stężenia V: odpowiadające średnim wartościom dla gleb Polski ($P = 18,39 \text{ mg kg}^{-1}$) i Europy ($E = 62,8 \text{ mg kg}^{-1}$), trzykrotności dawki europejskiej ($3E = 188 \text{ mg kg}^{-1}$), a także najwyższej dawce 500 mg kg^{-1} .

W glebie wykryto obecność metanotroficznych bakterii z rodzajów *Methylobacter* i *Methylomicrobium*, których liczebność zmniejszała się wraz ze wzrostem stężenia V. Szczególnie wyraźny spadek *Methylobacter* odnotowano przy dawkach 188 i 500 mg kg^{-1} , natomiast *Methylomicrobium* reagował już na najniższe zastosowane stężenia V ($18,39 \text{ mg kg}^{-1}$). Zaobserwowano dodatnią zależność między obecnością obu rodzajów bakterii a aktywnością metanotroficzną, co sugeruje ich istotny udział w procesie utleniania metanu.

Równocześnie wykazano, że dodatek V sprzyjał obecności niektórych mikroorganizmów, takich jak *Nocardioides*, *Rubrobacter*, *Bacillus*, *Paenibacillus* i *Streptomyces*, co może świadczyć o ich zdolności do tolerowania lub neutralizacji V. Z kolei obecność takich *Acidobacter*, *Pseudomonas*, *Hassallia*, *Gemmatimonas* oraz *Methylotenera* uległa wyraźnemu ograniczeniu.

Uzyskane wyniki rzucają nowe światło na zależności między skażeniem V a funkcjonowaniem mikroorganizmów uczestniczących w cyklu węglowym w środowisku glebowym.

Effect of Vanadium on Methanotrophy and Soil Microbiome Composition

Carbon transformation processes in the environment are of considerable importance in the context of ongoing climate change. Their course can be disrupted by the presence of pollutants originating, for example, from human activity. One such pollutant is vanadium (V) – an element whose concentration in the environment is steadily increasing.

The aim of the study was to assess the impact of the pentavalent form of vanadium, V(+V), which is considered the most toxic, on the rate of methane oxidation in *Leptosol* soil. Four concentrations of vanadium were applied: corresponding to average levels in Polish soils (P = 18.39 mg kg⁻¹) and European soils (E = 62.8 mg kg⁻¹), three times the European dose (3E = 188 mg kg⁻¹), and the highest dose of 500 mg kg⁻¹.

The soil was found to contain methanotrophic bacteria from the genera *Methylobacter* and *Methylomicrobium*, whose abundance decreased with increasing V concentration. A particularly marked decrease in *Methylobacter* was observed at doses of 188 and 500 mg kg⁻¹, whereas *Methylomicrobium* responded already to the lowest concentration applied (18.39 mg kg⁻¹). A positive correlation was observed between the presence of both genera and methanotrophic activity, suggesting their significant role in the methane oxidation process.

At the same time, the addition of V promoted the presence of certain microorganisms such as *Nocardioides*, *Rubrobacter*, *Bacillus*, *Paenibacillus*, and *Streptomyces*, which may indicate their ability to tolerate or neutralize vanadium. In contrast, the presence of *Acidobacter*, *Pseudomonas*, *Hassallia*, *Gemmatimonas*, and *Methylothera* was significantly reduced.

The results obtained shed new light on the relationships between vanadium contamination and the functioning of microorganisms involved in the carbon cycle in the soil environment.

Sezonowa odpowiedź mykobioty środowiska glebowego na strategię zredukowanego nawożenia

Agnieszka Wolińska¹, Anna Kruczyńska¹, Agnieszka Lengą¹, Sara Jurczyk²,
Anna Sochaczewska¹, Jacek Podlewski³, Agnieszka Kuźniar⁴

¹ Katedra Mikrobiologii i Medycyny Translacyjnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II,
ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin

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

³ CGFP Sp. z o.o. Grupa Fundacja Potulicka, Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

⁴ Pracownia Genomiki i Genetyki Laboratoryjnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II
ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin

Nawożenie azotem może znacząco wpływać na różnorodność i bogactwo mykobioty środowiska glebowego, prowadząc do zmian sezonowych oraz efektów tłumienia lub stymulacji wybranych rodzajów grzybów. Celem badań było rozpoznanie struktury mykobioty glebowej w obliczu zmniejszonego (o 20 i 40%) nawożenia N w dwóch systemach uprawy kukurydzy: orkowym i bezorkowym. Zakres badań idealnie wpisuje się w unijną strategię "Od pola do stołu", która zaleca 20% redukcję nawożenia N gleb rolniczych do 2030 roku. Badania obejmują dwa sezony wegetacyjne (2023, 2024). Strukturę mykobioty określono na podstawie techniki NGS (Illumina Miseq).

Wykazano, że system uprawy ma znaczenie w kształtowaniu się struktury mykobioty i jego względnej obfitości. Po aplikacji N w dwóch sezonach zaobserwowano spadek bogactwa grzybów glebowych.

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

Seasonal Response of Soil Environment Mycobiome to Reduced Fertilization Strategy

Nitrogen fertilization can significantly affect the diversity and richness of the soil environment's mycobiomes, leading to seasonal changes and suppression or stimulation effects on selected types of fungi. The aim of the study was to identify the structure of the soil mycobiome in the face of reduced (by 20 and 40%) N fertilisation under two maize cropping systems: ploughing and no-till. The scope of the study fits perfectly with the EU's 'Field to Table' strategy, which recommends a 20% reduction in N fertilisation of agricultural soils by 2030. The survey covers two growing seasons (2023, 2024). The structure of the mycobiomes was determined using the NGS technique (Illumina Miseq).

The cropping system was shown to be important in shaping the structure of the mycobiome and its relative abundance. A decrease in soil fungal richness was observed after N application in two seasons.

Zmiany w strukturze społeczności bakterii ryzosferowych wybranych warzyw korzeniowych w odpowiedzi na aplikację bionawozu z dodatkiem *Trichoderma asperellum*

Agnieszka Wolna-Maruwka¹, Alicja Niewiadomska¹, Dariusz Kayzer²,
Adrianna Kubiak¹, Agnieszka A. Pilarska³, Katarzyna Panasiewicz⁴, Marek
Selwet¹, Dorota Swędrzyńska¹

¹ Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu,
ul. Szydlowska 50, 60-656 Poznań

² Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, UP w Poznaniu,
ul. Wojska Polskiego 28, 60 -637 Poznań

³ Katedry Inżynierii Wodnej i Sanitarnej, UP w Poznaniu, ul. Piątkowska 94 A, 60-649 Poznań

⁴ Katedra Agronomii, UP w Poznaniu, ul. Dojazd 11, 60-631 Poznań

Celem badań było wykazanie różnic w strukturze bakterii ryzosferowych marchwi (*Daucus carota* L.) oraz rzodkwi (*Raphanus* L.) po aplikacji innowacyjnego bionawozu organicznego z dodatkiem melasy oraz szczepu *Trichoderma asperellum*, przy zastosowaniu analizy metagenomicznej genu kodującego 16S rRNA. Stwierdzono, że rodzaj rośliny modyfikował zmiany ilościowe i jakościowe mikrobiomu bakteryjnego gleby. Uprawa marchwi sprzyjała obfitszemu rozwojowi typów *Chloroflexi*, *Acidobacteriota* i *Gemmatimonadota*, natomiast rzodkwi *Verrucomicrobiota*, *Planctomycetota*, *Firmicutes* oraz *Myxococcota*. Również dodatek bionawozu wpływał zarówno na strukturę mikrobiomu glebowego, jak i liczebność operacyjnych jednostek taksonomicznych (OTU). Przyczynił się bowiem do stymulacji ważnego z punktu widzenia rolnictwa regeneratywnego rodzaju *Nocardioides* oraz obniżenia liczebności niektórych gatunków oligotrofów, należących do rzędu *Vicinamibacterales* i *Gaiellales* oraz charakterystycznego dla gleb kwaśnych gatunku KD4-96 (*Chloroflexi*).

Changes in the Structure of the Rhizosphere Bacterial Community of Selected Root Vegetables in Response to the Application of Biofertilizer with the Addition of *Trichoderma asperellum*

The aim of the study was to assess the differences in the structure of rhizosphere bacteria of carrot (*Daucus carota* L.) and radish (*Raphanus* L.) after the application of an innovative organic biofertilizer with the addition of molasses and the *Trichoderma asperellum* strain, using metagenomic analysis of the gene encoding 16S rRNA. It was observed that the type of plant modified the quantitative and qualitative changes in the soil bacterial microbiome. The carrot cultivation promoted a more abundant development of the *Chloroflexi*, *Acidobacteriota* and *Gemmatimonadota* types, while radish cultivation promoted *Verrucomicrobiota*, *Planctomycetota*, *Firmicutes* and *Myxococcota*. The addition of biofertilizer also affected both the structure of the soil microbiome and the number of operational taxonomic units (OTU). It contributed to the stimulation of the *Nocardioides* genus, important from the point of view of regenerative agriculture, and to the reduction of the numbers of some species of oligotrophs belonging to the orders *Vicinamibacterales* and *Gaiellales*, as well as the KD4-96 (*Chloroflexi*) species typical of acidic soils.

Niewidoczni sprzymierzeńcy symbiozy: potencjał metaboliczny i funkcjonalny endofitów nierizobiotycznych (NRE) izolowanych z brodawek korzeniowych koniczyny

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

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

Biologiczne wiązanie azotu (BNF) jest kluczowym procesem obiegu azotu w przyrodzie. Bakterie zwane rizobiami wchodzą w symbiozę z roślinami bobowatymi tworząc na ich korzeniach brodawki, w których wiążą azot atmosferyczny i uniezależniają rośliny od nawożenia azotowego oraz wprowadzają do gleby ogromne ilości tego pierwiastka. Obecnie wiadomo, że w brodawkach występują także inne mikroorganizmy, tzw. NRE (*Non-Rhizobial Endophytes*), które mogą wspomagać ogólny „fitness” roślin. Rola NRE w symbiozie wciąż nie została w pełni poznana.

Celem pracy było profilowanie metaboliczne i charakterystyka fenotypowa NRE wyizolowanych z brodawek koniczyny białej i czerwonej.

Wykazano, że NRE stanowią zróżnicowaną grupę bakterii, które mogą pełnić istotne funkcje w ekosystemie brodawek korzeniowych. Zidentyfikowano izolaty zdolne do produkcji substancji promujących wzrost roślin, syntezy enzymów, fitohormonów oraz do solubilizacji fosforanów, co może zwiększać dostępność niezbędnych składników odżywczych. Zdolność do produkcji sideroforów i metaloforów wskazuje na rolę NRE w mobilizacji i transporcie metali, co jest istotne dla prawidłowego rozwoju roślin.

Sfinansowano ze środków NCN MINIATURA 6, nr 2022/06/X/NZ9/01323

Invisible Allies of Symbiosis: Metabolic and Functional Potential of Non-Rhizobial Endophytes (NREs) Isolated from Clover Root Nodules

Biological nitrogen fixation (BNF) is a key process in the nitrogen cycle in nature. Bacteria called rhizobia form symbiosis with legumes inducing nodule on their roots where they fix atmospheric nitrogen, making the plants independent of nitrogen fertilisers and introducing large amounts of this compound into the soil. It is known that other microorganisms, called NREs (Non-Rhizobial Endophytes), are also present in the nodules and can support the overall "fitness" of the plants. The role of NREs in the symbiosis is still not fully understood.

The aim of this study was metabolic profiling and phenotypic characterisation of NREs isolated from white and red clover nodules.

NREs constituted a diverse group of bacteria potentially playing important role in the root nodule ecosystem. Isolates capable of producing plant growth promoting substances, synthesising enzymes, phytohormones and solubilising phosphates, increasing the availability of essential nutrients, have been identified. The ability to produce siderophores and metallophores suggests a role for NREs in the mobilisation and transport of metals, which may be important for plant development.

Funded by NCN MINIATURA 6, grant no. 2022/06/X/NZ9/01323

Wpływ sorbentów organicznych na interakcję mikrobiomu glebowego z bisfenolem A

Magdalena Zaborowska, Agata Borowik, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski

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

Tworzywa sztuczne, w tym bisfenol A (BPA), są obecnie uznawane za jedno z głównych zagrożeń dla środowiska. Związek ten trafia do gleby m.in. w wyniku niewłaściwej utylizacji odpadów. Jedną z obiecujących strategii eliminowania BPA z gleby jest wykorzystanie adsorbentów pochodzenia rolniczego, które nie zakłócają równowagi biologicznej gleb, chroniąc różnorodność biologiczną. Wpisując się w aktualne trendy badawcze, celem niniejszej pracy było określenie skuteczności skrobi, kompostu z traw oraz przefermentowanej kory w łagodzeniu toksycznego oddziaływania BPA na różnorodność mikrobiomu gleby. W glebie zanieczyszczonej związkiem fenolowym stwierdzono dominację przedstawicieli phylum bakterii Proteobacteria, reprezentowanych przez unikalny rodzaj *Achromobacter*. Pod presją BPA w kompilacji ze skrobią najwyższą opornością i liczebnością wykazywały się bakterie z rodzajów *Escherichia-Shigella*, *Arenimonas*, *Stenotrophomonas*, *Sediminibacterium*, *Stella* oraz *Flavobacterium*. Spośród grzybów pleśniowych przypisanych do phylum Ascomycota, reprezentowanych przez rodzaje *Penicillium*, *Chaetomium*, *Talaromyces*, *Humicola*, *Fusidium*, *Fusarium* i *Trichoderma* wyłoniono wspólne dla wszystkich obiektów rodzaje *Penicillium* i *Fusarium*.

Badania zostały sfinansowane z projektu badawczego „Naukowy Grant Rektora” – edycja II

The Effect of Organic Sorbents on the Interaction of the Soil Microbiome with Bisphenol A

Plastics, including bisphenol A (BPA), are now recognised as a major environmental threat. The compound enters the soil as a result of, among other things, improper waste disposal. A promising strategy for eliminating BPA from soils is the use of agriculturally derived adsorbents that do not disturb the biological balance of soils and thus protect biodiversity. In line with current research trends aimed at reducing the pressure of organic pollutants in the soil environment, the aim of this study was to determine the effectiveness of starch, grass compost and digested bark in mitigating the toxic effects of BPA on the diversity of the soil microbiome. In soil contaminated with the phenolic compound, representatives of the phylum Proteobacteria, represented by the unique genus *Achromobacter*, were found to be dominant. Under the pressure of BPA in a compilation with starch, bacteria from the genera *Escherichia-Shigella*, *Arenimonas*, *Stenotrophomonas*, *Sediminibacterium*, *Stella* and *Flavobacterium* demonstrated the highest resistance and abundance. BPA exposure in combination with starch. Among the mold fungi assigned to the phylum Ascomycota, represented by the genera *Penicillium*, *Chaetomium*, *Thalaromyces*, *Humicola*, *Fusidium*, *Fusarium* and *Trichoderma*, the genera *Penicillium* and *Fusarium*, common to all objects, were identified.

The research was funded by the research project “Scientific Grant of the Rector” – 2nd edition

Występowanie i charakterystyka genomowa *Klebsiella pneumoniae* izolowanych od dzikich ptaków w Polsce

Magdalena Zając, Aleksandra Śmiałowska-Węglińska, Inga Bona,
Magdalena Skarżyńska, Sylwia Hudzik-Pałosz, Ewelina Skrzypiec,
Emilia Mikos-Wojewoda, Weronika Koza, Dariusz Wasyl

Dział Bakteriologii i Chorób Bakteryjnych Zwierząt, Państwowy Instytut Weterynaryjny –
Państwowy Instytut Badawczy, Al. Partyzantów 57, 24-100 Puławy

Klebsiella (K.) pneumoniae jest jedną z najczęstszych przyczyn zakażeń szpitalnych ludzi. Światowa Organizacja Zdrowia zalicza ją do najniebezpieczniejszych patogenów opornych na substancje przeciwdrobnoustrojowe. Celem prowadzonych badań była ocena częstości występowania *K. pneumoniae* u dzikich ptaków oraz charakterystyka genotypowa uzyskanych izolatów. Badania przeprowadzono na 342 próbkach kału, wymazów z wola i wypluwek pochodzących od 41 gatunków ptaków. *Klebsiella* izolowano z wykorzystaniem podłoża MacConkey'a oraz *Klebsiella* Chromagar. Do identyfikacji zastosowano technikę MALDI-TOF MS. Sekwencjonowanie genomowe szczepów wykonano z wykorzystaniem platformy Illumina, a analizy przeprowadzono z użyciem Kleborate. Uzyskano 41 izolatów *K. pneumoniae* wykrytych w 40 próbkach (11,7%) pochodzących od bocianów białych (n = 32), żurawi (n = 7) oraz wróbla (n = 1). Analizowane sekwencje charakteryzowały się dużą różnorodnością i należały do 32 typów sekwencyjnych. W trzech izolatach zidentyfikowano geny kodujące oporność m.in. na tetracykliny, sulfonamidy, chinolony, a w jednym dodatkowo na cefalosporyny. Obecność *K. pneumoniae* u dzikich ptaków, podkreśla potrzebę monitorowania tych zwierząt jako potencjalnego rezerwuaru patogenów.

Occurrence and Genome Characteristics of *Klebsiella pneumoniae* Isolated from Wild Birds in Poland

Klebsiella (K.) pneumoniae is one of the most common agents responsible for hospital infections in humans. The World Health Organization classifies it as one of the most dangerous antimicrobial-resistant pathogens. The aim of the study was to assess the occurrence of *K. pneumoniae* in wild birds and to characterize the genotypic isolates obtained. The study was conducted on 342 samples of feces, crop swabs, and pellets from 41 bird species. *Klebsiella* was isolated using MacConkey and *Klebsiella* Chromagar medium. The MALDI-TOF MS technique was used for identification. Genomic sequencing of the strains was performed using the Illumina platform, analyses were performed using the Kleborate. Forty-one *K. pneumoniae* isolates were obtained, detected in 40 samples (11.7%) from white storks (n = 32), cranes (n = 7), and a sparrow (n = 1). The analyzed sequences were highly diverse and belonged to 32 sequence types. In three isolates, genes encoding resistance to tetracyclines, sulphonamides, quinolones, and additionally to cephalosporins in one case, were identified. The presence of *K. pneumoniae* in wild birds emphasizes the need to monitor these animals as potential reservoirs of pathogens.

Poprawa wzrostu upraw poprzez wykorzystanie szczepów bakterii rozpuszczających fosforany, pochodzących od owadów

Weronika Zenelt¹, Krzysztof Krawczyk²

¹ Klinika Chorób Roślin i Bank Patogenów Roślin, Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań, Polska

² Zakład Wirusologii i Bakteriologii, Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań, Polska

Celem pracy było zbadanie potencjału bakterii izolowanych z owadów jako promotorów wzrostu roślin uprawnych, dzięki zdolności do rozpuszczania fosforu z nierozpuszczalnych form glebowych. Izolaty uzyskano z czterech gatunków owadów: *Diabrotica virgifera*, *Oulema melanopus*, *Ostrinia nubilalis* i *Hermetia illucens*. Zdolność bakterii do rozpuszczania fosforu oceniono *in vitro* na podłożu Pikovskaya, wyliczając współczynnik rozpuszczalności (PSI). Najbardziej obiecujące izolaty przetestowano w doświadczeniu szklarniowym z wykorzystaniem pszenicy, jęczmienia, żyta, owsa i soi. Wpływ inokulacji oceniano na podstawie długości pędów oraz masy nadziemnych części roślin. Stwierdzono istotne statystycznie zwiększenie biomasy roślin po inokulacji wybranymi szczepami, m.in. wzrost masy części nadziemnych owsa o 88,98% po zastosowaniu szczepu *Lactococcus lactis* Om046. Zidentyfikowano szczepy z rodzajów *Lactococcus*, *Acinetobacter* i *Rothia*. Badania potwierdziły także wzrost aktywności fosfataz w ryzosferze roślin traktowanych wybranymi szczepami. Wyniki sugerują, że bakterie pochodzące z owadów mogą stanowić nową, skuteczną alternatywę dla nawozów fosforowych w rolnictwie, sprzyjając rozwojowi zrównoważonej produkcji roślinnej.

Enhancing Crop Growth Through the Use of Phosphate-Solubilizing Bacterial Strains Sourced from Insects

This study aimed to assess the potential of insect-derived bacteria to promote crop growth by solubilizing insoluble soil phosphates and releasing bioavailable phosphorus. Bacterial isolates were obtained from *Diabrotica virgifera*, *Oulema melanopus*, *Ostrinia nubilalis*, and *Hermetia illucens*. Their phosphate-solubilizing capacity was evaluated *in vitro* using Pikovskaya's medium, and a solubilization index (PSI) was calculated. The most promising isolates were tested in greenhouse experiments using wheat, barley, triticale, oats, and soybean. Plant performance was assessed by measuring shoot length and biomass. Significant increases in above-ground biomass were observed, e.g., an 88.98% increase in oat biomass after inoculation with *Lactococcus lactis* strain Om046. Identified strains belonged to *Lactococcus*, *Acinetobacter*, and *Rothia*. Inoculation also enhanced phosphatase activity in the rhizosphere. Results demonstrate that insect-derived bacteria can serve as an effective and sustainable alternative to mineral phosphorus fertilizers in agriculture, supporting plant development and crop productivity.

This research was done within the WIR-18 status project of the Plant Protection Institute – National Research Institute, Poznań, Poland.



***Postery
Młodych
Naukowców***



Identyfikacja i charakterystyka fenotypowa bakterii endofitycznych komonicy zwyczajnej

Paulina Adamczyk¹, Małgorzata Jędrzycka², Monika Janczarek¹

¹ Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie; ² Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin, Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu
paulina.adamczyk@mail.umcs.pl

Komonica zwyczajna (*Lotus corniculatus*) to roślina z rodziny bobowatych (*Fabaceae*), zdolna do nawiązywania interakcji symbiotycznych z bakteriami brodawkowymi. W celu poszukiwania szczepów endofitycznych, wykazujących cechy promujące wzrost roślin, przeprowadzono izolację oraz charakterystykę fenotypową bakterii zasiedlających brodawki korzeniowe *L. corniculatus*. Materiał do badań pozyskano w ramach projektu „Łazdoje Zero Tillage” (PROW 2023-2024 „Współpraca” nr: 00006. DDD.6509.00321.2022.14, realizowana przez ARiMR). Z posiewów wykonanych na bogatym podłożu 79CA wyizolowano 10 szczepów. Analiza porównawcza sekwencji 16S rRNA wybranych izolatów z sekwencjami dostępnymi w bazach danych pozwoliła na zaklasyfikowanie szczepów do rodzaju *Pseudomonas*, (m.in. *P. helmanticensis*). Następnie przeprowadzono analizę cech fenotypowych tych bakterii, tj. ocenę zdolności produkcji sideroforów i laktonów N-acylo-L-homoseryny (AHL), będących cząsteczkami sygnałnymi w komunikacji międzybakteryjnej (quorum sensing). Zdolność produkcji sideroforów określono z wykorzystaniem podłoża CAS, a zdolność syntezy laktonów z wykorzystaniem szczepu markerowego *Chromobacterium violaceum* CV026. Otrzymane wyniki wykazały, że badane szczepy produkują siderofory i AHL, chociaż procesy te przeprowadzają z różną efektywnością.

Identification and Phenotypic Characterization of Endophytic Bacteria of the Bird's-Foot Trefoil

Lotus corniculatus is a plant from the legume family (*Fabaceae*), that establishes symbiotic interactions with nodule bacteria. In search of endophytic strains exhibiting plant growth-promoting features, isolation and phenotypic characterization of bacteria inhabiting *L. corniculatus* root nodules were carried out. The material for the research was obtained as part of the “Łazdoje Zero Tillage” project (PROW 2023-2024 “Współpraca” no.: 00006. DDD.6509.00321.2022.14, ARiMR). From cultures grown on rich 79CA medium, 10 strains were isolated. Comparative analysis of the 16S rRNA sequences of selected isolates with sequences available in databases allowed to classify them to the *Pseudomonas* genus (e.g. *P. helmanticensis*). Then, the analysis of phenotypic traits of the strains, i.e., ability to produce siderophores and N-acyl-L-homoserine lactones (AHLs), which are signal molecules in interbacterial communication (quorum sensing), was determined. The ability to produce siderophores was determined using CAS medium, whereas the ability to synthesize AHLs was tested using biosensor strain *Chromobacterium violaceum* CV026. The obtained results showed that the tested strains produce both siderophores and AHLs, although they conducted these processes with different efficiency.

Analiza transkryptomu szczepów bakterii z rodzaju *Bacillus* w celu wyboru efektywnych inokulantów poprawiających trwałość i jakość mikrolistków (*microgreens*)

Daria Barańska, Jacek Panek, Agata Gryta, Magdalena Frąć

Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl

Microgreens to młode sadzonki jadalnych gatunków roślin, znane z licznych korzyści zdrowotnych, posiadających wyjątkowy wygląd oraz charakteryzujących się aromatycznym smakiem. Pomimo licznych zalet, *microgreens* są wysoce podatne na stresy abiotyczne, zwłaszcza stres suszy, co prowadzi do szybkiej utraty świeżości, gnicia oraz wędnięcia młodych roślin. Obecny stan wiedzy nie oferuje rozwiązania wyżej wspomnianego problemu. Jednak badania nad wybranymi gatunkami bakterii, ujawniają obiecujące zmiany w adaptacji roślin do warunków suszy pod wpływem inokulacji. Niektóre szczepy bakterii z rodzaju *Bacillus* znane są z tego, że mają pozytywny wpływ na rośliny w warunkach stresu suszy. W związku z powyższym przeprowadzone badania miały analizę transkryptomu szczepów należących do rodzaju *Bacillus*, reprezentujących gatunki *B. subtilis*, *B. coagulans* oraz *B. megaterium*, wyizolowanych z produktów mlecznych i kiszonek, w celu poprawy jakości, trwałości oraz odporności na suszę młodych listków *microgreens*. Prezentowane wyniki sekwencjonowania następnej generacji całych transkryptomów badanych szczepów przedstawiają poziom ekspresji genów związanych z adaptacją do warunków suszy, oporności względem stresów abiotycznych oraz mechanizmów potencjalnie wydłużających świeżość i jakość *microgreens* po inokulacji wybranym szczepem bakteryjnym.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach programu OPUS-23, numer umowy 2022/45/B/NZ9/04254

Transcriptome Analysis of *Bacillus* Strains to Select Effective Inoculants Improving the Shelf-Life and Quality of Microgreens

Microgreens are young seedlings of edible plant species, known for their numerous health benefits, unique appearance and aromatic taste. Despite their multiple advantages, microgreens are highly susceptible to abiotic stresses, especially drought stress, which leads to rapid loss of freshness, rotting and wilting of young plants. The current state of knowledge does not solve the problem as mentioned above. However, studies on selected bacterial species reveal promising changes in plant adaptation to drought conditions under the influence of inoculation. Some strains of bacteria from the genus *Bacillus* are known to affect plants under drought stress positively. In connection with the above, the conducted studies were to analyze the transcriptome of strains belonging to the genus *Bacillus*, representing the species *B. subtilis*, *B. coagulans* and *B. megaterium*, isolated from dairy products and silage, to improve the quality, durability and drought resistance of young microgreen leaves. The results of next-generation sequencing of the entire transcriptomes of the studied strains show the expression level of genes associated with adaptation to drought conditions, resistance to abiotic stresses and mechanisms potentially extending the freshness and quality of microgreens after inoculation with the selected bacterial strain.

Wpływ zmiany gospodarza na dynamikę zmienności defektywnych genomów wirusa czarnej pierścieniowej plamistości pomidora

Daria Budzyńska¹, Julia Minicka¹, María J. Olmo-Uceda², Santiago F. Elena^{2,3},
Beata Hasiów-Jaroszewska¹

¹ Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań, Polska, ² Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio), CSIC-Universitat de València, Walencja, Hiszpania
³ Santa Fe Institute, Santa Fe, New Mexico, USA

Defektywne genomy wirusa (ang. defective viral genomes, DVGs) mogą powstawać *de novo* w trakcie wielokrotnego pasażowania wirusa w jednym gospodarzu w wyniku delecji, insercji czy hipermutacji. Replikacja DVG jest zależna od wirusa, z którego genomu powstały. Celem badań była analiza wpływu zmiany gospodarza na powstawanie i zróżnicowanie DVG wirusa czarnej pierścieniowej plamistości pomidora (tomato black ring virus, TBRV). Izolat wirusa pasażowano 20 razy przez cztery różne zestawy roślin testowych różniące się układem następujących po sobie gatunków roślin: komosy ryżowej, tytoniu, szpinaku i sałaty. Następnie przygotowano oczyszczone preparaty wirusa, wyizolowano RNA i poddano RNA-Seq. Zróżnicowanie i dynamikę zmienności DVG TBRV analizowano na podstawie otrzymanych danych RNA-Seq.

Analizy wykazały, że DVG TBRV mogą powstawać w trakcie pasażowania wirusa przez różnych gospodarzy, a ich ilość jest zależna od układu następujących po sobie gatunków roślin. Populacja zidentyfikowanych DVG była zróżnicowana. Najpowszechniejszą klasą DVG stanowiły cząsteczki powstałe na drodze delecji w RNA1 TBRV, wśród których dominowały dłuższe cząsteczki (> 1000 nt).

Population Dynamics of Defective Viral Genomes of Tomato Black Ring Virus During Host-to-Host Transmission

Defective viral genomes (DVGs) emerge during error-prone replication (deletions, insertions or hypermutations) of viral genomes. DVGs are incapable of independent replication, they usually accumulate in viral populations when a virus is serially passaged in a single host at a high MOI. The aim of this study was to investigate the effect of host switching on the development and differentiation of DVGs arising from tomato black ring virus (TBRV) genome. TBRV isolate was sequentially passaged through a combination of four distinct host species: quinoa, tobacco, lettuce, and spinach. After 20 passages, purified virus preparations were obtained, the RNA was isolated, and subjected to RNA-Seq. The diversity and population dynamics of DVGs were analysed based on the RNA-Seq data.

The analysis revealed the possibility of TBRV DVGs generation when the virus was passaged through different host species. The level of DVG abundance varied across host plant combinations. The predominant class of DVGs was deletions from TBRV RNA1, with the prevalence of longer DVGs.

This work was supported by project 2018/31/N/NZ9/02985 from the National Science Centre, Poland, and project PID2022-136912NB-I00 funded by Spain's MCIU/AEI/10.13039/501100011033 and by "ERDF a way of making Europe".

Wpływ zastosowania plazmidów antybakteryjnych o ukierunkowanym działaniu na charakterystykę metaboliczną gleby

Jarosław Ciepiel, Anna Marzec-Grządziel, Anna Gałązka

Zakład Mikrobiologii

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

jciepiel@iung.pulawy.pl

W obliczu narastającego problemu oporności bakterii na antybiotyki rośnie zainteresowanie precyzyjnymi metodami eliminacji niepożądanych mikroorganizmów przy jednoczesnym zachowaniu równowagi ekologicznej środowiska. Jednym z obiecujących rozwiązań jest zastosowanie plazmidów antybakteryjnych o ukierunkowanym działaniu, umożliwiających selektywną eliminację wybranych grup bakterii. Celem niniejszego badania była ocena wpływu takich konstrukcji genetycznych na aktywność metaboliczną mikrobiomu glebowego. Analizy przeprowadzono z wykorzystaniem testów Biolog EcoPlate™, które umożliwiają ocenę zdolności mikroorganizmów do wykorzystywania różnych źródeł węgla. Wyniki wskazują, że wprowadzenie plazmidów skutkowało zachowaniem ogólnej funkcjonalnej stabilności środowiska. Zastosowanie tego typu narzędzi może stanowić nowy kierunek w biologicznej regulacji składu mikrobiomu glebowego i zarządzaniu jego zdrowiem w sposób zrównoważony.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki [2021/03/Y/NZ7/00123] oraz JPIAMR-ACTION GA no 963864

The Impact of Targeted Antibacterial Plasmid Application on the Metabolic Profile of Soil

In response to the growing problem of bacterial resistance to antibiotics, there is increasing interest in precise methods for eliminating undesirable microorganisms while preserving ecological balance. One promising approach involves the use of targeted antibacterial plasmids designed to selectively eliminate specific bacterial groups. The aim of this study was to evaluate the impact of such genetic constructs on the metabolic activity of the soil microbiome. Analyses were carried out using Biolog EcoPlate™ assays, which assess the ability of microbial communities to utilize a variety of carbon sources. The results showed that the introduction of plasmids led to overall functional stability of the environment. The use of such tools may offer a novel strategy for biologically regulating the composition of soil microbiomes and managing soil health in a sustainable manner.

This research was co-funded in whole or in part by National Science Centre [2021/03/Y/NZ7/00123] and JPIAMR-ACTION GA no 963864

Zestawienie różnych metod charakterystyki bakterii glebowych

Karolina Furtak¹, Karolina Gawryjołek¹, Agata Młodzińska², Weronika Goraj³,
⁴Aleksandra Goszcz, ⁴Klaudia Dębiec-Andrzejewska

¹Zakład Mikrobiologii, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy; ²Bioidea; ³Katedra Mikrobiologii i Medycyny Translacyjnej, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II; ⁴Geomikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

W badaniach mikrobiologicznych stosuje się wiele metod zarówno klasycznych opartych na hodowlach bakterii, jak i opartych na sekwencjonowaniu. Celem niniejszej pracy było porównanie wyników uzyskanych z analizy biochemicznej i genetycznej szczepu bakterii wyizolowanego ze środowiska glebowego.

Wykonano następujące testy: ocena zdolności do produkcji sideroforów, solubilizacji fosforu i potasu, produkcji związków podobnych do kwasu indolilo-3-octowego, osmoprotektantów i egzopolimerów, aktywność ureazy i esterazy. Określono potencjał metaboliczny metodą płytek GENIII Biolog® oraz aktywność enzymatyczną z wykorzystaniem testów API® (BIOMÉRIEUX). Wykonano sekwencjonowanie genu 16S metodą Sanger oraz pełnego genomu bakterii.

Uzyskane z analizy GENIII oraz sekwencjonowania typu Sanger wyniki okazały się zgodne i zdefiniowały badany szczep jako *Staphylococcus epidermidis*. Natomiast sekwencjonowanie pełnego genomu wskazuje na *Staphylococcus haemolyticus*. Testy biochemiczne wskazują na obecność cech promujących wzrost roślin, ale ich wyniki nie są spójne pomiędzy zastosowanymi metodami.

Opracowanie powstało w ramach realizacji projektu nr LIDER14/0250/2023, OSMO-PROTECT, finansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju (NCBR).

Overview of Different Methods for Characterizing Soil Bacteria

A number of methods are used in microbiological research, both classical methods based on bacterial cultures and those based on sequencing. The aim of this study was to compare the results obtained from the biochemical and genetic analysis of a bacterial strain isolated from the soil environment.

The following tests were performed: evaluation of the ability to produce siderophores, solubilisation of phosphorus and potassium, production of indolyl-3-acetic acid-like compounds, osmoprotectants and exopolymers, urease and esterase activity. Metabolic potential was determined using the GENIII Biolog® plate method and enzymatic activity using API® (BIOMÉRIEUX) assays. Sanger sequencing of the 16S gene and the complete bacterial genome was also performed.

The results obtained from GENIII analysis and Sanger sequencing were consistent and defined the test strain as *Staphylococcus epidermidis*. In contrast, full genome sequencing indicated *Staphylococcus haemolyticus*. Biochemical tests indicate the presence of plant growth promoting properties, but the results are not consistent between the methods used.

The research was developed as part of project No. LIDER14/0250/2023, OSMO-PROTECT, funded by the National Centre for Research and Development (NCBR).

Wpływ dodatku egzogennej betainy na potencjał metaboliczny mikroorganizmów glebowych w różnych warunkach wilgotności

Karolina Furtak¹, Karolina Gawryjołek¹, Emilia Grzęda¹, Marta Wyzńska²

¹Zakład Mikrobiologii; ²Zakład Uprawy i Jakości Plonu; Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Betaina to powszechnie występujący w przyrodzie organiczny związek chemiczny będący pochodną aminokwasu glicyny, który po raz pierwszy wyizolowano z buraka cukrowego. Jest syntetyzowana w komórkach mikroorganizmów oraz roślin w celu ochrony komórek przed stresem osmotycznym i temperaturowym. Celem niniejszej pracy było określenie wpływu dodatku egzogennej betainy na potencjał metaboliczny bakterii glebowych w różnych warunkach wilgotności środowiska.

Doświadczenie przeprowadzono w wazonach w hali wegetacyjnej IUNG-PIB. Rośliną testową była pszenica jara. Glebę utrzymywano na 3 poziomach połowej pojemności wodnej (PPW): 30% (stres suszy), 60% (optymalne), 90% (nadmierna wilgotność). Betaina została dodana 7 dni po wprowadzeniu warunków stresowych. Kontrolę stanowiły rośliny bez dodatku betainy. Próbkę glebowe pobrano po zbiorach pszenicy. Potencjał metaboliczny społeczności mikroorganizmów glebowych określono w oparciu o metodę GENIII Biolog®.

Wyniki wykazały, że dodatek betainy wiązał się z wyższą aktywnością oraz różnorodnością metaboliczną mikroorganizmów w każdym wariancie wilgotności. Znaczące różnice były widoczne w wariancie z 90% PPW.

Opracowanie powstało w ramach realizacji tematu 1.14 finansowanego ze środków subwencji Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (2023-2025).

Effect of Exogenous Betaine Addition on the Metabolic Potential of Soil Microorganisms Under Different Moisture Conditions

Betaine is a common naturally occurring organic chemical compound that is a derivative of the amino acid glycine, which was first isolated from sugar beets. It is synthesised in the cells of microorganisms and plants to protect the cells from osmotic and temperature stress. The aim of this study was to determine the effect of the addition of exogenous betaine on the metabolic potential of soil bacteria under different environmental moisture conditions.

The experiment was carried out in vases in the vegetation hall of the IUNG-PIB. The test crop was spring wheat. The soil was maintained at 3 levels of soil water potential (SWP): 30% (drought stress), 60% (optimum) and 90% (excess moisture). Betaine was added 7 days after the stress conditions were introduced. The control was plants without betaine. Soil samples were taken after wheat harvest. The metabolic potential of the soil microbial community was determined using the GENIII Biolog® method.

The results showed that the addition of betaine was associated with higher activity and metabolic diversity of microorganisms in each moisture variant. Significant differences were observed in the 90% PPW variant.

The research was conducted within the framework of topic no. 1.14 funded by the Ministry of Science and Higher Education subvention (2023-2025).

Powódź a bezpieczeństwo mikrobiologiczne gleb rolniczych

Karolina Gawryjołek, Karolina Furtak

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

Występowanie wysokiej wilgotności gleb spowodowanej powodzią oraz podtopieniami sprzyja rozwojowi mikroorganizmów patogennych zarówno wobec roślin, jak i ludzi. Monitoring tych zanieczyszczeń jest niezwykle istotny w kontekście bezpieczeństwa ludzi, zwierząt hodowlanych i upraw.

We wrześniu 2024 roku do wstępnych badań mikrobiologicznych pobrano próbki środowiskowe z trzech gospodarstw w województwie dolnośląskim i opolskim dotkniętych powodzią. Pobrano zarówno glebę, jak i stagnującą jeszcze na polach wodę. Przeprowadzono wstępne badania mikrobiologiczne mające na celu identyfikację potencjalnego zagrożenia patogenami oraz ocenę liczebności mikroorganizmów w analizowanych próbkach.

Wstępne badania przesiewowe wykazały namnożenie bakterii beztlenowych w glebach zalanych wodą oraz przewyższenie ich udziału w mikrobiomie w stosunku do bakterii tlenowych w glebach z woj. dolnośląskiego i opolskiego. Wykazano obecność bakterii z grupy *Enterobacter* oraz prawdopodobnie *Salmonella* sp. w glebie z pól położonych w województwie dolnośląskim.

Opracowanie powstało w ramach realizacji zadania 1.9 pt. „Monitoring mikrobiologiczny gleb uprawnych z terenów popowodziowych – bezpieczeństwo, żywność, bioróżnorodność” finansowanego z dotacji celowej Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi w 2025.

Floods and the Microbiological Safety of Agricultural Soils

The occurrence of high soil moisture due to flooding and waterlogging favours the growth of micro-organisms that are pathogenic to both plants and humans. Monitoring of these contaminants is crucial for the safety of people, livestock and crops.

In September 2024, environmental samples were taken from three farms in the flood-affected Lower Silesian Voivodeship and Opole Voivodeship for preliminary microbiological testing. Samples were taken from both soil and standing water in the fields. Preliminary microbiological tests were carried out to identify the potential threat of pathogens and to assess the abundance of microorganisms in the samples analysed.

Preliminary screening studies showed the proliferation of anaerobic bacteria in waterlogged soils and their superiority in the microbiome compared to aerobic bacteria in soils from Lower Silesian and Opole Voivodeships. Bacteria of the *Enterobacter* group and probably *Salmonella* sp. were found in soils from fields in Lower Silesia.

The study was conducted in the framework of Task 1.9 entitled “Microbiological monitoring of arable soils from post-flood areas – safety, fertility, biodiversity” financed by a targeted grant from the Polish Ministry of Agriculture and Rural Development for 2025.

Wpływ dodatku betainy i inozytolu na aktywność enzymatyczną gleby oraz wzrost pszenicy jarej w warunkach suszy

Karolina Gawryjołek¹, Karolina Furtak¹, Marta Wyzińska²

¹Zakład Mikrobiologii; ²Zakład Uprawy i Jakości Plonu; Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Osmoprotektanty mogą ograniczać efekty stresu osmotycznego i ułatwiać przetrwanie mikroorganizmom glebowym oraz roślinom. Celem badań było porównanie aktywności enzymatycznej gleby oraz wzrostu i plonowania pszenicy jarej po zastosowaniu wybranych osmoprotektantów w warunkach stresu suszy.

Modelowe doświadczenie przeprowadzono na hali vegetacyjnej z dodatkiem betainy oraz inozytolu. Utrzymywano nawodnienie na poziomie 30% połowej pojemności wodnej gleby. Analizie poddano próbki glebowe pobrane po zbiorach roślin. Oznaczono aktywność dehydrogenaz oraz fosfatazy kwaśnej i zasadowej. Określono plon ziarna, rozkrzewienie produkcyjne oraz masę tysiąca ziaren pszenicy.

Aktywność dehydrogenaz i fosfatazy zasadowej była wyższa w glebie bez żadnych dodatków w porównaniu z glebą, gdzie zastosowano inozytol lub betainę. Aktywność fosfatazy kwaśnej była wyższa w wariancie z dodatkiem inozytolu. Zastosowanie inozytolu skutkowało wyższym plonem ziarna i rozkrzewieniem produkcyjnym pszenicy. Natomiast masa tysiąca ziaren była wyższa w wariancie bez dodatków. Wyniki wskazują, że dodatek osmoprotektantów w zróżnicowany sposób wpływa na aktywność enzymatyczną gleby i plon pszenicy jarej.

Opracowanie powstało w ramach realizacji tematu 1.14 finansowanego ze środków subwencji Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (2023-2025).

Effect of Betaine and Inositol Addition on Soil Enzymatic Activity and Growth of Spring Wheat Under Drought Conditions

Osmoprotectants can reduce the effects of osmotic stress and facilitate the survival of soil microorganisms and plants. The aim of this study was to compare soil enzymatic activity and growth and yield of spring wheat after application of selected osmoprotectants under drought stress conditions.

The model experiment was carried out in a vegetation hall with betaine and inositol. Irrigation was maintained at 30% of the soil water capacity of the field. Soil samples taken after harvest were analysed. Dehydrogenase activity and acid and alkaline phosphatase were determined. Grain yield, productive tillering and thousand kernel weight of wheat were determined.

Dehydrogenase and alkaline phosphatase activities were higher in soils without any additives than in soils where inositol or betaine were applied. Acid phosphatase activity was higher in the inositol treatment. The application of inositol resulted in higher grain yield and productive tillering of wheat. On the other hand, thousand kernel weight was higher in the variant without additives. The results indicate that the addition of osmoprotectants differentially affects soil enzyme activity and yield in spring wheat.

The research was conducted within the framework of topic no. 1.14 funded by the Ministry of Science and Higher Education subvention (2023-2025).

Wpływ fungicydów i drożdży *Debaryomyces hansenii* na mykobiom ziarna pszenicy durum

Weronika Giedrojć¹, Wioletta E. Pluskota², Urszula Wachowska¹

¹ Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, ul. Prawocheńskiego 17, 10-722 Olsztyn

² Katedra Fizjologii, Genetyki i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, ul. Michała Oczapowskiego 1A, 10-719 Olsztyn
weronika.giedrojtc@uwm.edu.pl

Fuzarioza kłosów (FHB), wywoływana głównie przez gatunek *Fusarium graminearum*, oraz septorioza paskowana liści (STB, *Zymoseptoria tritici*), są powszechnymi, wyniszczającymi chorobami pszenicy twardej. Celem badań była analiza wpływu fungicydów oraz biologicznej metody ochrony pszenicy twardej z wykorzystaniem szczepu drożdży *Debaryomyces hansenii* (BCA), testowanych w warunkach naturalnych infekcji, na patogeny i mykobiom ziarna pszenicy twardej. Liczbę operacyjnych jednostek taksonomicznych grzybów (OTUs) w ziarnie oceniono techniką sekwencjonowania nowej generacji (NGS). W obu latach badań trzy zabiegi BCA spowodowały zmniejszenie częstości występowania STB i ziarniaków z objawami infekcji. W ziarnie opryskiwanym BCA stwierdzono olbrzymią dominację OTUs *D. hansenii*, które redukowało liczebność OTUs patogenów biotroficznych (m.in. *Blumeria graminis*) i nekrotroficznych (m.in. *F. avenaceum*). Zintegrowane podejścia oparte na uzupełnieniu ochrony fungicydowej aplikacją drożdży w fazie kwitnienia ma duży potencjał do zastosowania w rolnictwie ekologicznym w celu ograniczenia chorób pszenicy twardej.

Effect of Fungicides and *Debaryomyces hansenii* Yeasts on Mycobiome of Durum Wheat Grain

Fusarium head blight (FHB), caused mainly by *Fusarium graminearum*, and *Septoria tritici* blotch (STB, *Zymoseptoria tritici*) are common and devastating diseases of durum wheat. The aim of this study was to analyze the effect of fungicides and the *Debaryomyces hansenii* yeast strain applied as a biological control agent (BCA), tested on naturally infected plants, on pathogens and the mycobiome of durum wheat grain. In both years of the experiment three BCA treatments reduced the prevalence of STB and the percentage of kernels with symptoms of infection. The number of fungal operational taxonomic units (OTUs) were evaluated by next-generation sequencing (NGS). Grain treated with BCA was colonized predominantly by *D. hansenii*, which reduced the number of OTUs of biotrophic (including *Blumeria graminis*) and necrotrophic pathogens (including *F. avenaceum*). The study demonstrated that the integration of fungicides with biological yeast treatments applied in the flowering stage is a promising approach to controlling diseases in organically grown durum wheat.

Wpływ biopreparatu opartego o bakterie z klasy *Bacilli* na strukturę glebowej mikrobioty bakteryjnej i grzybowej

Tomasz Grzyb, Justyna Szulc

Katedra Biotechnologii Środowiskowej, Politechnika Łódzka

Celem pracy było zbadanie wpływu biopreparatu, zawierającego pięć szczepów bakterii z klasy *Bacilli*, na strukturę mikrobioty glebowej. Cztery rodzaje gleby zaszczerpiono biopreparatem, próbki pobierano w czasie $t = 0$ i po 6 oraz 12 miesiącach inkubacji. Zbadano zmiany struktury mikrobioty z wykorzystaniem metataksonomiki opartej o regiony 16S rDNA (bakterie) oraz ITS (grzyby). Analizy bioinformatyczne oparto o warianty sekwencji amplikonu (ASVs), wykorzystano pipeline QIIME2. Do identyfikacji taksonomicznej wykorzystano bazy danych GTDB oraz UNITE.

Zaobserwowano charakterystyczne wzorce różnic zarówno w mikrobiocie bakteryjnej, jak i grzybowej zależne od czasu i typu gleby. Biopreparat zmienił strukturę mikrobioty w niewielkim stopniu. Wyniki te wskazują na bezpieczeństwo środowiskowe i potencjał badanego biopreparatu jako alternatywy dla konwencjonalnych praktyk rolniczych.

Badania realizowane w ramach projektu: „Innowacyjna technologia i organizacja uprawy kukurydzy wsparta biologicznie” nadzorowanego przez Agencję Restrukturyzacji i Modernizacji Rolnictwa współfinansowanego ze środków Unii Europejskiej w ramach działania „Współpraca” Programu Rozwoju Obszarów Wiejskich (PROW) na lata 2014-2020 zgodnie z umową nr 00077.DDD.6509.000167. 2022.05 z 14.04.2023.

The Impact of a *Bacilli*-Based Biopreparation on the Structure of Soil Bacterial and Fungal Microbiota

This study aimed to investigate the effect of a biopreparation containing five bacterial strains from the class *Bacilli* on the structure of soil microbiota. Four soil types were inoculated with the biopreparation, and samples were collected at time points $t = 0$, 6 months, and 12 months of incubation. Changes in microbial community structure were assessed using a metataxonomic approach targeting the 16S rDNA region for bacteria and the ITS region for fungi. Bioinformatic analyses were based on amplicon sequence variants (ASVs) using the QIIME2 pipeline. Taxonomic classification was performed using the GTDB and UNITE databases.

Distinct patterns of variation were observed in both bacterial and fungal microbiota, depending on incubation time and soil type. The biopreparation induced only minor changes in microbiota structure. These results indicate the environmental safety and potential of the studied biopreparation as an alternative to conventional agricultural practices.

Research carried out as part of the project: "Innovative technology and organisation of biologically supported maize cultivation" supervised by the Agency for Restructuring and Modernisation of Agriculture, co-financed by the European Union under the "Cooperation" measure of the Rural Development Program for 2014-2020 under agreement no. 00077.DDD.6509.000167. 2022.05 dated 14.04.2023.

Zróżnicowanie mikrobiomu Bacteria i Archaea ryzosfery sorgo (*Sorghum bicolor* L.) uprawianego w glebie zanieczyszczonej metalami i traktowanych biostymulantami

Karolina Jaros-Tsoj^{1,4}, Jolanta Jaroszek-Ściś², Sofie Thijs⁴,
Piotr Sugier³, Dawid Świstak¹, Francois Rineau⁴, Jaco Vangronsveld^{1,4},
Małgorzata Wójcik¹

¹ Katedra Fizjologii Roślin i Biofizyki, ² Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej,

³ Katedra Botaniki, Mykologii i Ekologii, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie,

⁴ Centre for Environmental Sciences, Hasselt University, Belgium

W glebie ryzosferowej (R) sorgo, uprawianego w warunkach polowych na glebie o wysokiej zawartości metali (Cd, Pb, Zn), zarówno rzeczywista obfitość mikrobiomu Bacteria i Archeae jak i ich zróżnicowanie (alpha diversity index) określone na drodze sekwencjonowania (metabarcoding) były wyższe niż w glebie nieryzosferowej. Niezależnie od wariantu doświadczalnego: (1) kontrola (K), (2) dodatek subst. humusowych (H) czy (3) dodatek H i grzybów endomykoryzowych (M) – HM, średnia obfitość i alpha diversity index w glebie ryzosferowej były bardzo zbliżone, a procentowy skład poszczególnych grup był podobny z wyraźną przewagą Acidobacteria (33%), Proteobacteria (22%), Actinobacteria (15%) oraz Chloroflexi (7%) i Gammatimonadota (7%). Znaczący był także udział w mikrobiomie Bacteroidota (5%), Planctomycetota (4%) i Verrucomicrobiota (2%). Udział w mikrobiomie ryzosfery sorgo Methylomirabilota, Myxococcota, Nitrospirota i Crenarchaeota oszacowany został na poziomie 1%.

Bacteria and Archaea Microbiome Diversity of the Rhizosphere of *Sorghum bicolor* Grown in Metal-Contaminated Soil and Treated with Biostimulants

In the rhizosphere soil of sorghum, grown under field conditions on metal-polluted soil (Cd, Pb, Zn excess), both the actual abundance of Bacteria and Archeae microbiome and their diversity (alpha diversity index), determined by sequencing (metabarcoding), were higher than in the non-rhizosphere soil. Regardless of the experimental variant: (1) control (K), (2) addition of humic substances (H), or (3) addition of H and arbuscular mycorrhizal fungi (M) – HM, the average abundance and alpha diversity index in the rhizosphere soil were very similar, and the percentage composition of the different groups was comparable, with a clear predominance of Acidobacteria (33%), Proteobacteria (22%), Actinobacteria (15%), as well as Chloroflexi (7%) and Gammatimonadota (7%). The proportion of Bacteroidota (5%), Planctomycetota (4%) and Verrucomicrobiota (2%) in the microbiome was also significant. The contribution of Methylomirabilota, Myxococcota, Nitrospirota and Crenarchaeota in the sorghum rhizosphere microbiome was estimated at appr. 1%.

This research was supported by the Horizon 2020 EU programme (GOLD project – www.gold-h2020.eu, contract no. 101006873) and by the Special Research Fund (BOF) of Hasselt University, Belgium (project no. BOF24BL06).

Wpływ 20% redukcji nawożenia azotowego na strukturę mikrobiomu spod uprawy pszenicy

Katarzyna Kagan¹, Anna Kruczyńska¹, Weronika Goraj¹, Sara Jurczyk², Anna Sochaczewska¹, Jacek Podlewski³, Agnieszka Wolińska¹, Agnieszka Kuźniar¹

¹ Katedra Mikrobiologii i Medycyny Translacyjnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin

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

³ CGFP Sp. z o.o. Grupa Fundacja Potulicka, Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

Badania środowiska glebowego odgrywa kluczową rolę w ocenie wpływu praktyk rolniczych na bioróżnorodność mikrobiologiczną. W niniejszej pracy analizowano wpływ redukcji nawożenia azotowego o 20% na strukturę mikrobiomu glebowego spod upraw pszenicy. Próbkę gleby zostały pobrane dwukrotnie (przed siewem i po zbiorze) z pól uprawianych w systemie pasowym typu *strip-till* w sezonach 2023 i 2024. Zastosowano nawożenie azotowe z trzema poziomami: 100%, 80%, 60% – zgodnie z zaleceniami producenta. Za próbę kontrolną przyjęto glebę z pola nienawożonego.

Zastosowanie technologii NGS pozwoliło na dokładną identyfikację dominujących typów bakterii, do których należały: Proteobacteria (10,516-38,712%), Actinobacteriota (2,215-28,590%), Bacteroidota (1,544-16,064%), Gemmatimonadota (1,330-3,330%), Acidobacteriota (4,476-17,460%) i Verrucomicrobiota (3,410-11,530%). Wyniki badań wykazały, że redukcja nawożenia nie doprowadziła do utraty bioróżnorodności glebowej, a analiza funkcjonalna wykazała szerokie spektrum unikalnych cech mikroorganizmów glebowych.

Realizacja projektu w ramach Europejskiego Funduszu Rolnego na rzecz Rozwoju Obszarów Wiejskich PROW 2014-2020 Działanie 16 „Współpraca” (nr 00019.DDD.6512.00016.2022.02 z dnia 20.03.2023)

Effect of a 20% Reduction in Nitrogen Fertilisation on the Structure of the Micro- and Mycobiomes Under Wheat Crops

Soil environment research plays a crucial role in assessing the impact of agricultural practices on microbiological biodiversity. This study analyzed the effect of a 20% reduction in nitrogen (N) fertilization on the structure of the soil microbiome under wheat cultivation. Soil samples were collected twice (before sowing and after harvest) from agricultural fields managed under a strip-till system during the 2023 and 2024 seasons. N fertilization was applied at three levels: 100%, 80%, and 60%, in accordance with the manufacturer's recommendations. Soil from an unfertilized field was used as the control.

The use of NGS technology enabled precise identification of the dominant bacterial phylum, included: Proteobacteria (10.516–38.712%), Actinobacteriota (2.215–28.590%), Bacteroidota (1.544–16.064%), Gemmatimonadota (1.330–3.330%), Acidobacteriota (4.476–17.460%), and Verrucomicrobiota (3.410–11.530%). The results demonstrated that the reduction in fertilization did not lead to a loss of soil biodiversity. Moreover, functional analysis revealed a wide spectrum of unique traits among soil microorganisms.

Genomiczna charakterystyka dwóch arktycznych, psychrofilnych szczepów bakterii – przedstawicieli nowego rodzaju taksonomicznego (*Gelidimonas*) w rodzinie *Oxalobacteraceae*

Alina Kiedrzyńska¹, Jakub Grzesiak², Julia Brzykcy¹, Peter Young³, Kamil Krakowski⁴, Elvira Krakowska¹, Robert Stasiuk¹, Przemysław Decewicz¹, Renata Matlakowska¹, Dariusz Bartosik¹

¹ Institute of Microbiology, Faculty of Biology University of Warsaw

² Department of Antarctic Biology, Institute of Biochemistry and Biophysics, PAS

³ Department of Biology, University of York, England

⁴ Institute of Evolutionary Biology, Faculty of Biology, University of Warsaw

Mikrobiota obszarów polarnych odgrywa istotną rolę w globalnym bilansie gazów cieplarnianych. Szczególne znaczenie ma podtlenek azotu (N₂O), którego głównym naturalnym źródłem są mikrobiologiczne procesy denitryfikacji. Poddaliśmy badaniom dwa psychrofilne szczepy bakterii denitryfikacyjnych (D2 i D11), wyizolowane z gleby ornitogenicznej na wyspie Spitsbergen (Norwegia), które zaklasyfikowano do rodziny *Oxalobacteraceae* (*Betaproteobacteria*). W oparciu o dogłębne analizy genomowe i filogenetyczne przedstawicieli tej rodziny, ustaliliśmy, że D2 i D11 reprezentują dwa odrębne, choć blisko spokrewnione gatunki. Proponujemy zaliczenie ich do nowego rodzaju taksonomicznego – *Gelidimonas*, wraz z kilkoma innymi szczepami pochodzącymi ze środowisk zimnych, które zostały wcześniej błędnie sklasyfikowane. Proponowane nazwy nowych gatunków to: *Gelidimonas diazotrophica* (D2), charakteryzujący się zdolnością do wiązania azotu atmosferycznego, oraz *Gelidimonas denitrificans* (D11), proponowany jako gatunek typowy nowego rodzaju. Nasze badania dostarczają pierwszych danych genomowych dotyczących przedstawicieli rodzaju *Gelidimonas*.

Genomic Characterization of Two Arctic, Psychrophilic Bacterial Strains – Representatives of a New Taxonomic Genus (*Gelidimonas*) Within the Family *Oxalobacteraceae*

Polar microbiota influence the global climate by contributing to greenhouse gas emissions, particularly nitrous oxide (N₂O), which originates primarily from microbial denitrification processes. In this study, we investigated two psychrophilic denitrifying bacterial strains, D2 and D11, isolated from ornithogenic soil samples collected on Spitsbergen Island (Norway) and classified within the family *Oxalobacteraceae* (*Betaproteobacteria*). Comparative genome-based analyses with other members of *Oxalobacteraceae* revealed that these strains represent two distinct yet closely related species. We propose classifying them (along with several previously misidentified strains from cold environments) into a novel genus, *Gelidimonas*. The proposed species are *Gelidimonas diazotrophica* (strain D2), reflecting its nitrogen-fixing capability, and *Gelidimonas denitrificans* (strain D11), designated as the type species of the genus. This study provides the first genomic insight into representatives of the genus *Gelidimonas*.

Niekanoniczna struktura modułu *repABC* zidentyfikowanego w chromidzie *Allorhizobium ampelinum* S4

Elvira Krakowska¹, Jakub Czarnecki², Agnieszka Wyszyńska¹, Théophile Niaux², Paweł Wawrzyniak¹, Noa Guzzi², Marie-Eve Val², Didier Mazel², Dariusz Bartosik¹

¹Institute of Microbiology, Faculty of Biology, University of Warsaw, Poland

²Institut Pasteur, Département Génomes et Génétique, Université de Paris, France

Replikacja i segregacja DNA chromidu *Allorhizobium ampelinum* S4 (czynnik etiologiczny guzewatości korzeni winorośli) są determinowane przez system replikacyjno-partycyjny *repABC* o nietypowej strukturze. W przeciwieństwie do klasycznych systemów *repABC*: (a) zawiera on wyjątkowo długi region międzygenowy *repB–repC*, w którym występują potencjalne miejsca wiązania chromosomowego białka DnaA, oraz (b) nie zawiera sekwencji centromeropodobnej *parS*, niezbędnej do segregacji kopii chromidu do komórek potomnych. Nie mniej jednak trzy sekwencje pokrewne *parS* zidentyfikowano w odległości ok. 18 kb i 35 kb poniżej modułu *repABC*. Wykorzystując metody ChIP-seq oraz EMSA zidentyfikowano miejsca interakcji białek RepB, RepC (kodowanych w module *repABC*) oraz DnaA z genomowym DNA *A. ampelinum*. Analizy te, przeprowadzone po raz pierwszy dla replikonu typu *repABC*, przyniosły interesujące wyniki wskazujące m.in na występowanie nieopisanych wcześniej interakcji analizowanych białek, które mogą wpływać na efektywność procesu segregacji DNA i inicjacji replikacji DNA, a także koordynować replikację chromosomu i chromidu w cyklu komórkowym.

Non-Canonical Structure of the *repABC* Module Identified in the Chromid of *Allorhizobium ampelinum* S4

DNA replication and segregation of the chromid of *Allorhizobium ampelinum* S4 (etiological agent of grapevine crown gall) are governed by a *repABC* replication-partitioning system with a non-canonical structure. In contrast to classical *repABC* systems: (a) it contains an unusually long intergenic region between *repB* and *repC* genes (with potential binding sites for the chromosomal DnaA protein), and (b) it lacks centromere-like *parS* sequences, which play an essential role in the proper segregation of chromid copies into daughter cells. Nevertheless, three *parS*-like sequences were identified approximately 18 kb and 35 kb downstream of the *repABC* module. Using ChIP-seq and EMSA methods, we identified the interaction sites of RepB and RepC proteins (encoded in the *repABC* module) and the chromosomal DnaA protein with *A. ampelinum* genomic DNA. These analyses, conducted for the first time for the *repABC*-type replicon, yielded interesting results, indicating, among other things, the presence of previously undescribed interactions of the analyzed proteins. These interactions may affect the efficiency of DNA segregation and replication initiation, and may also be involved in the coordination of chromosome and chromid replication during the cell cycle.

This research was funded in part by National Science Centre, Poland [2023/49/N/NZ2/01061] and by French National Research Agency, ANR JCJC [ANR-19CE12-0001]

Sezonowa odpowiedź bakteriobiomu środowiska glebowego na strategię zredukowanego nawożenia

Anna Kruczyńska¹, Agnieszka Kuźniar², Agnieszka Lenga¹, Sara Jurczyk³,
Anna Sochaczewska¹, Jacek Podlewski⁴, Agnieszka Wolińska¹

¹ Katedra Mikrobiologii i Medycyny Translacyjnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II,
ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin

² Pracownia Genomiki i Genetyki Laboratoryjnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II
ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin

³ Katedra Sztucznej Inteligencji, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II
ul. Konstantynów 1H, 20-708 Lublin

⁴ CGFP Sp. z o.o. Grupa Fundacja Potulicka, Wojnowo 5, 86-014 Sicienka

Zrównoważone zarządzanie nawożeniem azotowym stanowi kluczowy element w kontekście utrzymania jakości biologicznej środowiska glebowego, wpływając na różnorodność i stabilność mikroorganizmów.

Celem badań była ocena wpływu gradientu nawożenia azotowego na kształtowanie się struktury i bogactwa bakteriobiomu glebowego w dwóch systemach uprawy (orkowym i bezorkowym) kukurydzy (*Zea mays* L.) na przestrzeni dwóch sezonów wegetacyjnych. Zakres badań idealnie wpisuje się w unijną strategię "Od pola do stołu", która zaleca 20% redukcję nawożenia N gleb rolniczych do 2030 roku. Różnorodność bakterii określono techniką NGS (Illumina Miseq), przeprowadzając analizę regionu V3–V4 genu 16S rRNA.

Zaobserwowano zróżnicowaną sezonowo reakcję bakterii glebowych na nawożenie azotowe w dwóch badanych systemach uprawy. Wykazano, że *Sphingomonas* sp. pozytywnie reagował na nawożenie mineralne, zwiększając swoje bogactwo po aplikacji N.

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

Seasonal Response of the Soil Environmental Bacteriome to a Reduced Fertilisation Strategy

Sustainable nitrogen fertilisation management is a key element in the context of maintaining the biological quality of the soil environment, influencing microbial diversity and stability.

The aim of this study was to assess the influence of a nitrogen fertilisation gradient on the structure and richness of the soil bacteriome in two cropping systems (plowing and no-till) of maize (*Zea mays* L.) over two growing seasons. The scope of the study fits perfectly with the EU's 'Field to Table' strategy, which recommends a 20% reduction in N fertilisation of agricultural soils by 2030. Bacterial diversity was determined using the NGS technique (Illumina Miseq) by analysing the V3–V4 region of the 16S rRNA gene.

A seasonally differentiated response of soil bacteria to nitrogen fertilisation was observed in the two cropping systems studied. *Sphingomonas* sp. was shown to respond positively to mineral fertilisation, increasing in richness after N application.

Mutacja w genie biosyntezy ABA u pomidora powoduje zmiany w akumulacji wirusowego RNA i zachowaniu wektora wirusowego podczas infekcji PVY

Diksha Kumari, Patryk Frąckowiak, Przemysław Wieczorek,
Aleksandra Obrępańska-Stęplowska

Zakład Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy

Kwas abscysynowy (ABA) odgrywa kluczową rolę w modulacji odpowiedzi obronnych roślin na stres biotyczny i abiotyczny. Celem naszych badań było zbadanie wpływu mutacji *flacca*, która zaburza biosyntezę ABA w roślinie, na akumulację wirusa i interakcje wektorów mszyc w roślinach pomidora zakażonych wirusem ziemniaka Y (PVY).

Wykorzystując analizę RT-qPCR wykazano, że niedobór ABA wpłynął istotnie na akumulację wirusa. Np. wcześniej po infekcji (5 dpi), akumulacja RNA PVY była wyższa w miejscowo zainfekowanych tkankach roślin mutantów *flacca* w porównaniu z typem dzikim (WT). Dodatkowo, oceniono, w jaki sposób infekcja PVY i niedobór ABA wpłynęły na zachowania wektorów wirusowych – mszyc. Na przykład oceniono rozmnażanie owadów na roślinach zakażonych wirusem. Zaobserwowano, że populacje mszyc, które żerowały na zdrowych i pozornie inokulowanych roślinach WT i mutantach *flacca*, wykazały znacznie wyższe wskaźniki reprodukcji owadów niż te żerujące na roślinach zainfekowanych PVY. Zaobserwowano również, że wzrost populacji mszyc był wyższy na roślinach z niedoborem ABA niż na roślinach WT, co sugeruje, że niedobór ABA może bardziej promować reprodukcję mszyc.

Badania są finansowane z grantu NCN. UMO-2021/43/B/NZ9/02626(OPUS-22)

A Mutation in the ABA Biosynthesis Gene in Tomato Causes Changes in Viral RNA Accumulation and Viral Vector Behaviour During PVY Infection

Abscisic acid (ABA) plays a critical role in modulating plant defense responses against both biotic and abiotic stress. In this study, we investigated the effects of the *flacca* mutation, which impairs ABA biosynthesis, on viral accumulation and aphid vector interactions in tomato plants infected with potato virus Y (PVY). Using real-time qPCR approach we revealed that viral accumulation was significantly influenced by the ABA-deficient background. For instance, early after virus inoculation, the RNA accumulation of PVY was higher in the locally infected tissues of the *flacca* mutant plants compared to wild type (WT). Additionally, we assessed how PVY infection and ABA deficiency affected aphid vector behaviour. For instance, insect reproduction on virus-infected plants was assessed. We observed that populations that were feeding on healthy and mock-inoculated WT and *flacca* mutant plants showed significantly higher reproduction rates than those feeding on PVY-infected plants. Moreover, increase in aphid populations was higher on the ABA mutant than on the WT plants.

This study is funded by the National Science Centre (NCN) Grant No. UMO-2021/43/B/NZ9/02626(OPUS-22)

Interpretacja klastrow sieci mikrobiomów jako grup funkcjonalnych

Jakub Kuncewicz¹, Maksymilian Chmielewski²

¹ Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu Wydział Nauk Geograficznych i Geologicznych Zakład Teledetekcji Środowiskowej i Gleboznawstwa, ² Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu Wydział Biologii Zakład Fizjologii Roślin

Modelowanie mikrobiomu sieciami współwystępowania składa się z etapu wyznaczania korelacji w zestawie próbek oraz przeszukiwania topologii i przypisywania wierzchołków (gatunków) do grup. Użytecznym jest połączenie estymatora asocjacji SPIEC-EASI z transformacją asocjacji w niepodobieństwo zachowującą znak i przypisywanie klastrow metodą maksymalizacji modularności. Dwa pierwsze elementy tworzą sieci z dodatnimi korelacjami występowania o większej wadze niż te ujemne. Maksymalizacja modularności grupuje węzły (gatunki), preferując tworzenie klastrow węzłów, które są bezpośrednio i silnie dodatnio połączone, a krawędzie między klastrami są słabe dodatnie lub ujemne. Klastry te mogą reprezentować kooperację między analizowanymi grupami w badanym miejscu. Analiza topologii klastrow umożliwia formułowanie hipotez biologicznych, zwłaszcza gdy dostępne są informacje o rolach troficznych.

Interpretation of Microbiome Network Clusters as Functional Groups

Microbiome modeling with co-occurrence networks consists of determining correlations in a set of samples, searching the topology, and assigning vertices (species) to groups. For this purpose, we suggest combining SPIEC-EASI association estimator with signed transformation into dissimilarity and modularity maximalisation cluster assignment. This combination is a tried and tested method to analyse microbial ecosystems. SPIEC-EASI combined with signed transformation produces networks with positive occurrence correlations with stronger weight than negative ones. Modularity maximalisation groups nodes (species) preferring creation of clusters of nodes that are directly and strongly positively connected, with edges between clusters being weakly positive or negative. Those clusters can represent cooperation between analyzed groups within the studied site. Analysis of cluster topology makes it possible to form biological hypotheses, especially when information about trophic roles is available.

Sekwencjonowanie genomu psychrotrofowego grzyba *Cladosporium* sp. 01

Mateusz Kutyla¹, Anna Marzec-Grządziel²

¹ Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Instytut Nauk Biologicznych,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Akademicka 19, 20-033 Lublin, Polska

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

Cladosporium cladosporioides 01 to psychrotroficzny grzyb strzępkowy wyizolowany z gleby pochodzącej ze Spitspergen. Szczep ten charakteryzuje się wysoką aktywnością oksydacyjną monoterpenu, np. α - i β -pinenu. Hydrolazy związane z hydrofobowymi strukturami grzybni *C. cladosporioides* 01 charakteryzują się wysoką aktywnością perhydrolityczną w octanie etylu, w obecności kwasu octowego i wysokiego stężenia H₂O₂ w temperaturze 55°C. Enzymy te wykazują również wysoką aktywność estryfikacji alkoholi terpenowych i kwasów karboksylowych w heksanie. Ponadto charakteryzują się wysoką stabilnością w powyższych warunkach.

Celem pracy było sekwencjonowanie genomu *C. cladosporioides* 01. Poznanie całej sekwencji genomu pozwala na uzyskanie informacji na temat przynależności taksonomicznej, pochodzenia szczepu oraz wytypowanie sekwencji hydrolaz o wysokiej aktywności katalitycznej.

Badania zostały sfinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach projektu Miniatura 8: 2024/08/X/NZ1/00362.

Genome Sequencing of the Psychrotrophic Fungus *Cladosporium* sp. 01

Cladosporium cladosporioides 01 is a psychrotrophic filamentous fungus isolated from soil from Spitspergen. This strain is characterized by high oxidative activity of monoterpenes, such as α - and β -pinene. Hydrolases associated with hydrophobic structures of *C. cladosporioides* 01 mycelium exhibit high perhydrolytic activity in ethyl acetate, in the presence of acetic acid and high concentrations of H₂O₂ at 55°C. These enzymes also show high esterification activity of terpenic alcohols and carboxylic acids in hexane. In addition, they have high stability under the above conditions.

The aim of this study was to sequence the genome of *C. cladosporioides* 01. Knowing the whole genome sequence allows us to obtain information on the taxonomic affiliation, the origin of the strain and to select hydrolase sequences with high catalytic activity.

The research was funded by the National Science Center under the project Miniatura 8: 2024/08/X/NZ1/00362.

W kierunku zrównoważonego zarządzania glebą: jak współrzędne systemy uprawy kształtują funkcjonalność mikrobiomu?

Mateusz Mączik¹, Dominika Siegieda¹, Agata Gryta¹, Jacek Panek¹, Beata Feledyn-Szewczyk², Giacomo Pietramellara³, Shamina Imran Pathan³, Magdalena Frąc¹

¹ Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk; ² Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy; ³ Uniwersytet we Florencji
e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl; m.macik@ipan.lublin.pl

Uprawy współrzędne zbóż i roślin bobowatych umożliwiają efektywne wykorzystanie zasobów glebowych oraz ograniczenie potrzeby stosowania nawozów mineralnych, dzięki czemu wpisują się w zrównoważone strategie zarządzania glebą.

Celem badań była ocena funkcjonalnych cech zbiorowisk bakterii zasiedlających glebę pod uprawą pszenicy i roślin bobowatych w różnych systemach: konwencjonalnym, ekologicznym i integrowanym, w doświadczeniu polowym zlokalizowanym w Stacji Doświadczalnej Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa w Osinach. Próbki gleby pobrano z trzech głębokości: 15-30 cm, 30-60 cm i 60-90 cm, a analizy profilu funkcjonalnego przeprowadzono z wykorzystaniem sekwencjonowania następnej generacji (NGS), narzędzia PICRUSt2 oraz bazy danych KEGG. W zbiorowiskach bakterii dominowały sekwencje związane z metabolizmem (72-83%) oraz przetwarzaniem informacji genetycznej (12-14%). Wprowadzenie uprawy współrzędnej w systemie ekologicznym spowodowało wzrost liczby sekwencji przypisanych do procesów translacji i transkrypcji we wszystkich podpowierzchniowych poziomach profilu glebowego.

*Badania finansowane w ramach Programu Horyzont Europa, numer umowy:
Project 101082289 — LEGUMINOSE*

Towards Sustainable Soil Management: How Intercropping Systems Shape Microbiome Functionality?

Cereals-legumes Intercropping enables more efficient use of soil resources and reduces the need for mineral fertilizers, thus aligning with sustainable soil management strategies. This study aimed to assess the functional characteristics of bacterial communities inhabiting soil under wheat and legume cultivation within different farming systems: conventional, organic, and integrated. The field experiment was conducted at the Experimental Station of the Institute of Soil Science and Plant Cultivation in Osiny. Soil samples were collected from three depths: 15-30 cm, 30-60 cm, and 60-90 cm. Functional profiling was performed using Next Generation Sequencing (NGS), the PICRUSt2 tool, and the KEGG database. The bacterial communities were dominated by sequences related to metabolism (72-83%) and genetic information processing (12-14%). The introduction of intercropping in the organic system led to an increased abundance of sequences associated with translation and transcription processes across all subsurface soil layers.

Plazmidy wirulencji (pVirCro) i ich długa koewolucja z bakteriami z rodzaju *Cronobacter*

Zofia Owczarzak¹, Rafał Jabłuszewski¹, Kamil Krakowski², Anastazja Tasinkiewicz¹, Agnieszka Wyszyńska¹, Anna Łasica¹, Renata Godlewska¹, Dorota Korsak¹, Anna Grudniak¹, Magdalena Szuplewska¹, Paweł Wawrzyniak¹, Dariusz Bartosik¹

¹ Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

² Instytut Biologii Ewolucyjnej, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

Rodzaj *Cronobacter* (rodzina *Enterobacteriaceae*) obejmuje siedem gatunków bakterii – oportunistycznych patogenów człowieka, mogących powodować ciężkie, często śmiertelne infekcje u niemowląt. Odczytaliśmy kompletne sekwencje genomowe 35 szczepów *Cronobacter* spp. wyizolowanych z żywności oraz materiału klinicznego. Wspólną cechą tych bakterii jest obecność plazmidów IncFIB, które odgrywają istotną rolę w procesie patogenyzy. Plazmidy te (nazwane pVirCro) wykazują unikalne cechy. Analizy filogenetyczne wskazują na ich długotrwałą koewolucję z chromosomami *Cronobacter* spp., sięgającą początków wyodrębnienia się tej grupy taksonomicznej, co miało miejsce około 45-68 milionów lat temu. Zrozumienie roli pVirCro w biologii komórek *Cronobacter* spp. oraz przyczyn ich koewolucji z tymi bakteriami wymaga analizy ładunku genetycznego tych replikonów. Wyniki tych analiz doprowadziły m.in. do identyfikacji około 40 genów rdzeniowych plazmidów, w tym komponentów systemów CDI (*contact-dependent growth inhibition systems*), determinujących zależną od kontaktu inhibicję wzrostu konkurencyjnych mikroorganizmów.

Finansowanie: Narodowe Centrum Nauki (grant nr: DEC-2022/47/B/NZ8/03264)

Virulence Plasmids (pVirCro) and Their Long Coevolution with *Cronobacter* spp.

The genus *Cronobacter* (family *Enterobacteriaceae*) encompasses seven species of opportunistic human pathogens capable of causing severe, often fatal infections in neonates. In this study, we obtained complete genome sequences of 35 strains of *Cronobacter* spp. isolated from food products and clinical specimens. A conserved feature among these strains is the presence of IncFIB plasmids, which contribute to bacterial pathogenicity. These plasmids, designated *pVirCro*, exhibit distinctive structural and functional characteristics. Phylogenetic analyses indicate that *pVirCro* have undergone long-term co-evolution with the host chromosomes, tracing back to the early divergence of the *Cronobacter* lineage approximately 45-68 million years ago. To elucidate the biological role of *pVirCro* and the evolutionary pressures that favor their maintenance despite the metabolic cost, we performed a comprehensive analysis of their genetic content. Our findings include the identification of approximately 40 conserved core genes, including those encoding components of contact-dependent growth inhibition (CDI) systems involved in inter-bacterial competition.

Founding: National Science Centre, Poland (grant no: DEC-2022/47/B/NZ8/03264)

Wpływ wybranych gatunków grzybów entomopatogennych na wzrost siewek pszenicy (*Triticum aestivum* L.)

Marta Pietrzak^{1,4}, Katarzyna Prochoń^{1,4}, Wiktoria Zygmunt², Magdalena Frąc³,
Monika Nowak⁴, Sylwia Różalska⁴

¹ Szkoła Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów PAN w Łodzi, ² Uniwersytet Łódzki, Studenckie Koło Naukowe Biotechnologiczno-Mikrobiologiczne, ³ Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk ⁴ Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii

Grzyby entomopatogenne (EPF) są powszechnie znane jako biopestycydy, ale coraz częściej docenia się ich rolę we wspieraniu wzrostu roślin. Celem niniejszego badania była ocena wpływu wybranych szczepów EPF z rodzajów *Samsoniella alpina*, *Akanthomyces lecanii*, *Penicillium* sp. i *Metarhizium* sp. na wzrost siewek pszenicy (*Triticum aestivum* L.). Po powierzchniowej sterylizacji nasiona pszenicy inkubowano w zawieszinach zarodników badanych grzybów lub w wodzie (kontrola). Następnie, nasiona uprawiano w kontrolowanych warunkach przez 7 dni w mikroszklarni. Codziennie rejestrowano kiełkowanie pszenicy, a po 7 dniach dokonano pomiaru długości łodyg i korzeni. Spośród badanych szczepów, trzy wykazały pozytywny wpływ na wzrost siewek pszenicy, szczególnie *S. alpina* (zwiększenie długości pędów o 87,8% i korzeni o 35,4%, w porównaniu z kontrolą). *Penicillium* sp. zwiększał długość łodyg i korzeni odpowiednio o 4,7% i 28,0%, natomiast *Metarhizium* sp. o 14,5% i 10,4%. W przypadku *A. lecanii* nie stwierdzono istotnych różnic w porównaniu z kontrolą. Uzyskane wyniki wskazują na możliwość wykorzystania EPF do wspomaganie wzrostu roślin.

Badania zostały sfinansowane przez NCN, Numer projektu 2024/53/B/NZ9/01058.

The Effect of Selected Entomopathogenic Fungal Species on the Growth of Wheat Seedlings (*Triticum aestivum* L.)

Entomopathogenic fungi (EPF) are widely known as biopesticides, but their role in promoting plant growth is increasingly recognized. This study aimed to evaluate the impact of selected EPF strains from the genera *Samsoniella alpina*, *Akanthomyces lecanii*, *Penicillium* sp., and *Metarhizium* sp. on the growth of wheat seedlings (*Triticum aestivum* L.). After surface sterilization, wheat seeds were incubated in spore suspensions of the tested fungi or water (control). The seeds were then grown under controlled conditions in a microgreenhouse for 7 days. Germination was recorded daily, and after 7 days, stem and root lengths were measured. Three of the tested strains positively affected seedling growth, particularly *S. alpina*, which increased stem length by 87.8% and root length by 35.4% compared to the control. *Penicillium* sp. increased stem and root lengths by 4.7% and 28.0%, respectively, and *Metarhizium* sp. by 14.5% and 10.4%. No significant differences were observed for *A. lecanii* compared to the control. The obtained results indicate the potential use of EPF to promote plant growth.

This research was funded by NCN, Grant number 2024/53/B/NZ9/01058.

Wpływ *Bacillus megaterium* i piomelaniny na wzrost mikrolistków

Katarzyna Prochoń^{1,2}, Marta Pietrzak^{1,2}, Monika Nowak², Mateusz M. Urbaniak³, Karolina Rudnicka⁴, Katarzyna Turnau⁵, Magdalena Frąć⁶, Sylwia Różalska²

¹Szkoła Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów Polskiej Akademii Nauk w Łodzi, ²Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, ³Uniwersytet Łódzki, Katedra Chemii Nieorganicznej i Analitycznej, ⁴Uniwersytet Łódzki, Katedra Immunologii i Biologii Infekcyjnej, ⁵Uniwersytet Jagielloński, Instytut Nauk o Środowisku, ⁶Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk

Mikrolistki to formy roślin jadalnych, zbierane na wczesnym etapie rozwoju (zazwyczaj po pojawieniu się pierwszych liści właściwych), które wyróżniają się wysoką zawartością składników odżywczych i bioaktywnych. Celem pracy była ocena wpływu bakterii *Bacillus megaterium* oraz piomelaniny (PyoM) pochodzenia mikrobiologicznego na wzrost mikrolistków buraka i rzodkiewki. Nasiona inkubowano przez 1 h w zawiesinie bakteryjnej lub roztworze PyoM (1 mg mL⁻¹), suszono próżniowo i wysiewano do gleby. Analiza statystyczna ($p \leq 0,05$) nie wykazała istotnego wpływu PyoM na długość korzeni i pędów ani na zawartość chlorofilu. Natomiast w przypadku *B. megaterium* odnotowano istotną poprawę wzrostu rzodkiewki, zarówno długości pędów, jak i korzeni, wynoszącą do 18%. Nie zaobserwowano istotnego wpływu na wzrost buraka oraz na zawartość chlorofilu w obu badanych gatunkach. Wyniki wskazują na potencjał *B. megaterium* jako biostymulatora wzrostu mikrolistków.

Niniejsza praca została zrealizowana przy wsparciu finansowym Narodowego Centrum Nauki w ramach umowy OPUS-23 o numerze 2022/45/B/NZ9/04254 oraz częściowo sfinansowana z projektu Interdyscyplinarne Granty Badawcze Uniwersytetu Łódzkiego 2023 - 13/IGB/2024.

Impact of *Bacillus megaterium* and Pyomelanin on Microgreens Growth

Microgreens are edible plant forms harvested at an early stage of development (usually after the appearance of the first true leaves), distinguished by their high content of nutritional and bioactive compounds. This study aimed to evaluate the effect of *Bacillus megaterium* and microbiologically derived pyomelanin (PyoM) on the growth of beetroot and radish microgreens. Seeds were incubated for 1 hour in a bacterial suspension or a PyoM solution (1 mg mL⁻¹), vacuum-dried, and then sown into soil. Statistical analysis ($p \leq 0.05$) showed no significant effect of PyoM on root or shoot length or chlorophyll content. In contrast, *B. megaterium* treatment significantly improved radish growth, with increases in both shoot and root length of up to 18%. No significant effects were observed on beetroot growth or chlorophyll content in either species. The results indicate the potential of *B. megaterium* as a growth biostimulant for microgreens.

This work was supported by The National Science Centre of Poland within the OPUS-23 contract number 2022/45/B/NZ9/04254 and partially financed by the Interdisciplinary Research Grants University of Lodz 2023 edition no. 13/IGB/2024.

Badanie wpływu wybranych szczepów bakterii promujących wzrost roślin na ekspresję genów markerowych szlaku kwasu salicylowego i jasmonowego w trakcie infekcji roślin pomidora wirusem mozaiki pomidora (ToMV)

Arnika Przybylska, Przemysław Wieczorek, Aleksandra Obrepalska-Stęplowska

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, ul. W. Węgorka 20, 60-318 Poznań

Bakterie promujące wzrost roślin (PGPB) znajdują coraz szersze zastosowanie w ochronie roślin. Celem niniejszej pracy była ocena wpływu *Bacillus velezensis* oraz *Lactobacillus plantarum* na ekspresję genów markerowych szlaku kwasu salicylowego (SA) i jasmonowego (JA) w *Solanum lycopersicum* w trakcie infekcji rośliny wirusem mozaiki pomidora (ToMV).

Rośliny pomidora traktowano bakteriami *B. velezensis* oraz *L. plantarum*. Po 10 dniach inokulowano je preparatem oczyszczonych cząstek ToMV. Liście traktowanych roślin pobierano 5, 11 oraz 15 dni po inokulacji ToMV, izolowano z nich całkowity RNA, a następnie oznaczano w nich poziom ekspresji genów markerowych szlaków syntezy SA i JA. Wyniki wykazały szereg istotnych zmian w poziomie ekspresji genów markerowych zarówno szlaku JA, jak i SA. Zmiany te obserwowane były zarówno pod wpływem działania bakterii, jak i w efekcie infekcji ToMV. Uzyskane wyniki sugerują, że badane bakterie indukują mechanizmy obronne pomidora.

Badania finansowane przez MNiSW w ramach działalności statutowej IOR – PIB w ramach podzadania: BMB/AP.

Investigation of the Impact of Selected Plant Growth-Promoting Bacterial Strains on the Expression of Marker Genes in the Salicylic Acid and Jasmonic Acid Pathways During ToMV Infection in Tomato Plants

Plant growth-promoting bacteria (PGPB) are increasingly being applied in practice, particularly in protecting plants against pathogens. The present study aimed to evaluate the effect of *Bacillus velezensis* and *Lactobacillus plantarum* on the expression of marker genes associated with the salicylic acid (SA) and jasmonic acid (JA) in *Solanum lycopersicum* during infection with tomato mosaic virus (ToMV).

The tested tomato cultivars were treated with a *B. velezensis* or *L. plantarum* strain. Ten days later, the plants were inoculated with purified ToMV particles. From leaf samples collected at 5, 11, and 15 dpi, total RNA was isolated, and expression of SA and JA biosynthetic pathways' marker genes was assessed.

The analyses revealed several significant changes in the expression levels of marker genes related to both the SA and JA signalling pathways. These changes were observed in response to bacterial treatment as well as under viral infection. The results suggest that the tested bacterial strains activate defence mechanisms in tomato plants.

The research was funded by the Polish Ministry of Science and Higher Education support for the Institute of Plant Protection-NRI, under the BMB/AP Programme.

Wpływ uprawy współrzędnej pszenicy jarej z mieszanką trawy i koniczyny czerwonej na skład taksonomiczny mikroorganizmów glebowych w uprawie ekologicznej

M. Pylak¹, D. Siegieda¹, A. Gryta¹, J. Panek¹, B. Feledyn-Szewczyk², S. Pathan³, G. Piertamellara³, M. Frąc¹

¹ Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk; ² Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy; ³ Uniwersytet we Florencji
e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl; m.pylak@ipan.lublin.pl

Uprawa współrzędna zbóż to metoda znana i stosowana od wielu lat, jednak wciąż nie zdobyła szerokiego uznania w praktyce rolniczej. Rolnictwo odgrywa kluczową rolę w kształtowaniu mikrobiomu glebowego, lecz wpływ konkretnych kombinacji roślin uprawianych w systemie współrzędnym na różnorodność mikroorganizmów glebowych pozostaje w dużej mierze niepoznany. Wstępne analizy wskazują na stymulację zbiorowisk bakterii glebowych w warunkach uprawy współrzędnej roślin w porównaniu do tradycyjnej uprawy w siewie czystym. Dogłębne poznanie tych różnic może stanowić podstawę do opracowania efektywnych strategii zarządzania glebą, które sprzyjałyby zachowaniu lub zwiększeniu bioróżnorodności mikroorganizmów, a tym samym przyczyniały się do zrównoważonego rozwoju rolnictwa i poprawy plonowania roślin, dając też szansę na wyłonienie nowych produktów dla podmiotów sektora rolno-spożywczego.

Badania finansowane w ramach Programu Horyzont Europa, numer umowy: Project 101082289 — LEGUMINOSE

The Impact of Intercropping Spring Wheat with a Mixture of Grass and Red Clover on the Taxonomic Composition of Soil Microorganisms in Organic farming

Intercropping of cereals is a well-known and long-established agricultural practice, yet it has not gained widespread popularity among farmers. Agriculture plays a crucial role in shaping the soil microbiome; however, the impact of specific plant combinations grown in intercropping systems on soil microbial diversity remains largely unexplored. Preliminary analyses indicate stimulation in the structure and composition of bacterial communities in fields managed with intercropping compared to those in traditional pure sowing. A deeper understanding of these differences could provide a foundation for developing effective soil management strategies to preserve or enhance microbial biodiversity, thereby contributing to sustainable agriculture and improved crop yields.

Research funded under the Horizon Europe Program, contract number: Project 101082289 — LEGUMINOSE

Kompleksowa charakterystyka szczepów bakteryjnych wyizolowanych z ryzosfery roślin rosnących na składowisku odpadów pohutniczych

Sylwia Siebielec¹, Małgorzata Woźniak¹, Artur Nowak², Grzegorz Siebielec¹,
Piotr Sugier², Jolanta Jaroszuk-Ścisiel²

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

² Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

Celem badań była kompleksowa charakterystyka szczepów bakteryjnych wyizolowanych z ryzosfery roślin rosnących na zrehabilitowanych, silnie zanieczyszczonych składowiskach odpadów pohutniczych. Szczepy zostały przebadane pod kątem szeregu mechanizmów potencjalnie promujących wzrost roślin. Aktywność szczepów oceniano na podstawie zdolności do syntezy związków podobnych do IAA (0-60,1 µg/ml); solubilizacji fosforanów (indeks SI 2,23-4,02); zdolności do wiązania azotu atmosferycznego (8,85-341,9 mg/ml po 72 h), produkcji deaminazy ACC (0,81-5,61 µmol α-KB/mg białka h), polisacharydów (0,07-0,45 g EPS/L po 5 dniach) i rozwoju biofilmu (słaba do silnej produkcja biofilmu w zależności od dnia obserwacji). Dodatkowo przeprowadzono testy aktywności metabolicznej poszczególnych szczepów w oparciu o test GEN III MicroPlate. Przeprowadzone badania pozwoliły na pogrupowanie szczepów bakteryjnych pod względem zdolności do przeprowadzania określonych grup procesów. Badanie pokazuje, że odpady hutnicze mogą być źródłem szczepów należących do PGPR, które mogą być potencjalnie przydatne w opracowywaniu biopreparatów zwiększających wzrost roślin i odporność na stresy środowiskowe lub klimatyczne w rolnictwie i rekultywacji.

Projekt finansowany w ramach konkursu Lider XII Narodowego Centrum Badań i Rozwoju; Nr LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021

Comprehensive Characterization of Bacterial Strains Isolated from the Rhizosphere of Plants Growing on a Smelter Wasteland

The aim of the research was to comprehensively characterize bacterial strains, isolated from the rhizosphere of plants in reclaimed extremely polluted smelter wasteland. The strains were tested for a range of mechanism potentially promoting plant growth. The activity of the strains was assessed based on the ability to synthesize IAA-like compounds (0-60.1 µg/mL); solubilization of phosphates (SI index 2.23-4.02); ability to fix atmospheric nitrogen (8.85-341.9 mg/ml after 72h), ACC deaminase production (0.81-5.61 µmol α-KB/mg protein h), polysaccharides (0.07-0.45 g EPS/L after 5 days) and biofilm development (weak to strong biofilm production depending on the day of observation). Additionally, tests of the metabolic activity of individual strains were performed based on test GEN III MicroPlate. Our study enabled clustering bacterial strains with capability to perform certain groups of processes. The study shows that smelter wastelands can be a source of strains belonging to PGPR, to be potentially useful in development of biopreparation enhancing plant growth and resistance to environmental or climatic stresses in agriculture and remediation.

Określenie efektywności bionawozów w doświadczeniach szklarniowych i polowych – Projekt INNO-MIK

Sylwia Siebielec¹, Małgorzata Woźniak¹, Aleksandra Ukalska-Jaruga¹,
Grzegorz Siebielec¹, Jakub Pulka², Andrzej Lewicki², Szymon Szufa³, Piotr
Piersa³, Łukasz Adrian³

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

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

³ Politechnika Łódzka

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

Projekt finansowany w ramach konkursu Lider XII Narodowego Centrum Badań i Rozwoju; Nr LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021

Determining the Effectiveness of Biofertilisers in Greenhouse and Field Experiments – INNO-MIK Project

The main objective of the project is to develop technology of biofertilizer production based on biodegradable waste and microorganisms, supporting development of sustainable crop production, especially to counteract drought conditions, as support for waste circular management and adaptation and mitigation to climate change. The technologies for producing three types of biofertilizers based on liquid digestate, compost and biochar and containing high level of phytohormones will be developed. Biofertilizers will be carriers of microorganisms supporting plant growth in drought conditions. The reactors faithfully reflecting the conditions of fermentation, composting and torification on an industrial scale will be used to produce substrates maximally rich in phytohormones and serving as carriers of consortia of dedicated microorganisms. In the final phase, the effectiveness of developed innovative bio-fertilizers in supporting drought resistance of plants will be tested in greenhouse and plot experiments simulating real conditions.

Zasada Anny Kareniny w mikrobiomie: jak *Pilidium lythri* destabilizuje społeczności bakteryjne w glebie

Dominika Siegieda¹, Jacek Panek¹, S. Emilia Hannula², Magdalena Frąć¹

¹ Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN, Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, Polska

² Leiden University, Institute of Environmental Sciences, Department of Environmental Biology, Leiden, The Netherlands

Rozprzestrzeniające się fitopatogeny grzybowe stanowią poważne zagrożenie dla światowego rolnictwa w dobie zmian klimatycznych. W niniejszych badaniach zbadaliśmy wpływ zakażenia uprawy truskawki przez *Pilidium lythri* na społeczności mikroorganizmów bakteryjnych w glebie. Używając sekwencjonowania metataksonomicznego, wskaźnika β NRI oraz narzędzia SourceTracker wykazano, że infekcja patogenem indukuje przejście od deterministycznych do losowych procesów kształtujących skład społeczności bakteryjnych w glebie. Zaobserwowano również wzrost migracji z gleby do ryzosfery oraz ryzosfery do korzeni w zainfekowanych próbkach. Badania podkreślają kluczową rolę rozprzestrzeniających się fitopatogenów grzybowych w destabilizacji bakteryjnych społeczności glebowych, co ma istotne znaczenie dla zrównoważonego rolnictwa w warunkach zmian klimatycznych.

Niniejsze badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w Polsce, umowa nr: 2022/45/N/NZ9/02089. Trzymiesięczny pobyt Dominiki Siegiedy w Institute of Environmental Sciences, Department of Environmental Biology, Leiden University został dofinansowany przez Narodową Agencję Wymiany Akademickiej, umowa nr: BPN/BEK/2023/1/00125/U/00001.

The Anna Karenina Principle in the Microbiome: How *Pilidium lythri* Destabilizes Bacterial Communities in Soil

Emerging fungal phytopathogens pose a serious threat to global agriculture under climate change conditions. In this study, we investigated the effects of strawberry crop infection by *Pilidium lythri* on bacterial communities in soil. Using metataxonomic sequencing, β NRI index analysis, and SourceTracker tool, we demonstrated that pathogen infection induces a shift from deterministic to stochastic processes governing bacterial community composition in soil. We also observed increased microbial migration from bulk soil to rhizosphere and from rhizosphere to roots in infected samples. These findings highlight the crucial role of spreading fungal phytopathogens in destabilizing soil bacterial communities, which has significant implications for sustainable agriculture under climate change conditions.

This research was funded in whole by National Science Centre, Poland, contract number: 2022/45/N/NZ9/02089. The DS's 3-month visit at the Institute of Environmental Sciences, Leiden University, Leiden, Netherlands was financed by the Polish National Agency for Academic Exchange, contract number: BPN/BEK/2023/1/00125/U/00001.

Analiza lipidomu mutantu *Agrobacterium fabrum* C58 defektywnego w syntezie fosfatydyloetanolaminy w warunkach indukujących ekspresję genów *vir*

Yevheniia Smirnova, Kamil Żebracki, Andrzej Mazur, Anita Swatek, Adam Choma, Iwona Komaniecka

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

Agrobacterium fabrum C58 to Gram-ujemne, tlenowe, mezofilne pałeczki glebowe należące do rodziny *Rhizobiaceae*. Jest to fitopatogen infekujący głównie rośliny dwuliścienne, odpowiedzialny za wywoływanie choroby zwanej guzowatością, powstającą w wyniku transformacji genetycznej tkanek rośliny-gospodarza. Geny *vir* zlokalizowane na plazmidzie pTi są odpowiedzialne za transformację nowotworową tkanek. Ekspresja tych genów podlega indukcji pod wpływem następujących czynników: niskie pH, obecność cukrów prostych oraz związków fenolowych (acetosyringonu). Kluczowe znaczenie w bezpośredniej interakcji bakterii z rośliną pełnią lipidy błonowe *Agrobacterium*. Przeprowadzono badania lipidomu mutantu *A. fabrum* C58, defektywnego w syntezie głównego lipidu błonowego – fosfatydyloetanolaminy, w warunkach standardowych oraz w warunkach stresu indukującego geny *vir*, na podłożu pozbawionym egzogennej choliny. Analiza lipidów komórkowych przeprowadzona technikami TLC oraz wysokorozdzielczej spektrometrii mas (MALDI-MS oraz MS-MS), pozwoliła na wykrycie zmian o charakterze ilościowym i jakościowym w analizowanych preparatach.

Badania sfinansowane ze środków projektu NCN Opus nr 2018/31/B/NZ9/01755

Lipidome Analysis of the *Agrobacterium fabrum* C58 Mutant Defective in Phosphatidylethanolamine Synthesis Under Conditions Inducing *vir* Genes Expression

Agrobacterium fabrum C58 are Gram-negative, aerobic, mesophilic rod-shaped soil bacteria belonging to the *Rhizobiaceae* family. It is a phytopathogen that primarily infects dicotyledonous plants and is responsible for causing crown gall disease, which results from the genetic transformation of host plant tissues. The *vir* genes, located on the pTi plasmid, are responsible for the tumor transformation of plant tissues. The expression of these genes is induced by factors such as low pH, the presence of simple sugars and phenolic compounds (acetosyringone). The membrane lipids of *Agrobacterium* play a crucial role in the direct interaction between the bacterium and the plant. Studies of the lipidome of the *A. fabrum* C58 mutant, defective in the synthesis of the main membrane lipid – phosphatidylethanolamine, were carried out under standard conditions as well as under stress conditions inducing *vir* genes, using a medium devoid of an exogenous choline. Cellular lipid analysis was performed using TLC and high-resolution mass spectrometry (MALDI-MS and MS-MS), which enabled the detection of both quantitative and qualitative changes in all analyzed samples.

Wpływ produkcji śniegu technicznego na różnorodność mikrobiologiczną – porównawcza analiza metataksonomiczna środowisk wodnych i śniegu

Klaudia Stankiewicz, Anna Lenart-Boroń

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

Przeanalizowano zmiany różnorodności i składu populacji bakterii w procesie produkcji śniegu technicznego z uwzględnieniem wpływu antybiotyków obecnych w wodach. Przeprowadzono analizę metataksonomiczną opartą o sekwencjonowanie NGS regionu V3–V4 16S rRNA próbek wody rzecznej, wody ze zbiorników technologicznych oraz śniegu technicznego z pięciu górskich ośrodków narciarskich. Analiza różnorodności alfa wykazała najwyższe wartości wskaźników Shannon i Simpson dla wody rzecznej, a najniższe dla śniegu technicznego. Jednocześnie zaobserwowano wzrost dominacji wybranych taksonów w śniegu, szczególnie bakterii tolerujących niskie temperatury (np. *Deinococcus*) i obecność antybiotyków (np. *Enterobacteriaceae*). Analiza beta-różnorodności ujawniła wyraźne różnice w składzie mikrobiomu między typami próbek, z wyraźnym oddzieleniem społeczności bakteryjnych śniegu technicznego. Dominujące filotypy (Proteobacteria, Bacteroidetes) wykazywały różne proporcje w zależności od typu próbki, co może wynikać z selektywnego wpływu antybiotyków i niskich temperatur.

Wyniki wskazują, że proces produkcji śniegu technicznego, w połączeniu z obecnością antybiotyków, prowadzi do istotnych zmian w strukturze mikrobiomu, zmniejszając ogólną różnorodność przy jednoczesnym wzroście dominacji specyficznych, odpornych taksonów bakteryjnych.

Effects of Artificial Snow Production on Microbial Diversity – A Metataxonomic Comparison of Water and Snow Environments

The study analyzed changes in the composition and diversity of bacterial communities in the process of technical snow production, taking into account the influence of the antibiotics present in water. A metataxonomic analysis based on next generation sequencing of the V3–V4 region of 16S rRNA was performed for samples of river water, water from technological reservoirs and technical snow from five mountain ski resorts. Alpha diversity analysis showed the highest Shannon and Simpson indices for river water and the lowest for technical snow. At the same time, an increase in the dominance of selected taxa in snow was observed, especially bacteria tolerant to low temperatures (e.g. *Deinococcus*) and the presence of antibiotics (e.g. *Enterobacteriaceae*). Beta diversity analysis revealed clear differences in the composition of microbiome between sample types, with a clear separation of bacterial communities of technical snow. Dominant phylotypes (Proteobacteria, Bacteroidetes) showed different proportions depending on the sample type, which may be due to the selective influence of antibiotics and low temperatures. The results indicate that the technical snow production process, combined with the presence of antibiotics, leads to significant changes in the microbiome structure, reducing overall diversity while increasing the dominance of specific, resistant bacterial taxa.

Skład mikrobioty jamy macicy u pacjentek ze zmianami nowotworowymi endometrium

Katarzyna Suśniak, Bartłomiej Barczyński, Karolina Frąszczak, Paula Klusek, Izabela Korona-Główniak

Uniwersytet Medyczny w Lublinie

W ostatnich latach opisano wpływ przemieszczania się drobnoustrojów z pochwy przez kanał szyjki do macicy na rozwój chorób w obrębie jamy macicy. Wykazano, że istnieje możliwość wywołania stanu zapalnego endometrium przez bakterie mikrobioty zasiedlające pochwę po translokacji. Celem pracy było wykrycie różnic w składzie mikrobioty jamy macicy u pacjentek z nowotworem trzonu macicy, rozrostem endometrium z atypią oraz łagodnymi zmianami nowotworowymi w postaci mięśniaków macicy. Do oceny jakościowej i ilościowej występowania wybranych drobnoustrojów w materiale klinicznym, który stanowiły wymazy z jamy macicy, wykorzystano technikę Real-Time PCR. U kobiet z rakiem trzonu macicy najczęściej izolowanym mikroorganizmem był *Fusobacterium nucleatum*, natomiast u pacjentek z rozrostem endometrium z atypią i mięśniakami macicy *Lactobacillus crispatus*. Wśród kobiet, u których zdiagnozowano mięśniaki macicy bakterie z rodzaju *Lactobacillus* i *Bifidobacterium* występowały istotnie częściej w porównaniu z pacjentkami cierpiącymi na nowotwór trzonu macicy i atypowy rozrost endometrium, co wskazuje najprawdopodobniej na zaburzenia w składzie mikrobioty jamy macicy w stanie rakowym oraz stanie przedrakowym trzonu macicy. Zaobserwowano także niższy stopień różnorodności mikrobiomu u pacjentek z rakiem endometrium względem kobiet z mięśniakami macicy.

Composition of the Uterine Cavity Microbiota in Patients with Endometrial Neoplastic Lesions

In recent years, the migration of microorganisms from the vagina through the cervical canal into the uterus has been described, along with the impact of this phenomenon on uterine diseases causing endometrial inflammation as a result of translocation. This study aimed to identify differences in the composition of the uterine cavity microbiota in patients with endometrial cancer, endometrial hyperplasia with atypia, and benign neoplastic lesions such as uterine fibroids. To qualitatively and quantitatively assess the presence of selected microorganisms in clinical material – specifically, uterine cavity swabs-real-time PCR technique was used. In women with endometrial cancer, the most frequently isolated microorganism was *Fusobacterium nucleatum*, whereas in patients with atypical endometrial hyperplasia and uterine fibroids, *Lactobacillus crispatus* was most common. Among women diagnosed with uterine fibroids, bacteria of the *Lactobacillus* and *Bifidobacterium* genera were significantly more prevalent compared to patients with endometrial cancer and atypical hyperplasia. This likely indicates a disturbance in the composition of the uterine cavity microbiota in malignant and premalignant conditions of the endometrium. Moreover, a lower degree of microbiome diversity was also observed in patients with endometrial cancer compared to those with uterine fibroids.

Funkcjonalne zróżnicowanie mikrobioty ryzosferowej miskanta olbrzymiego traktowanego biostymulantami w glebie zanieczyszczonej metalami

Dawid Świstak¹, Karolina Jaros-Tsoj¹, Aneta Gosztyła¹, Piotr Sugier¹, Jaco Vangronsveld², Małgorzata Wójcik¹, Jolanta Jaroszuk-Ścisel¹

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

² Environmental Biology Centre for Sciences, Hasselt University, Belgium

Analizowano glebę ryzosferową i nieryzosferową w trzecim sezonie wegetacyjnym (2024) uprawy *Miscanthus x giganteus* na polu w Piekarach Śląskich o wysokiej zawartości Zn, Pb i Cd w glebie. Uprawę prowadzono w 3 wariantach: (1) K – kontrola; (2) H – preparat kwasy humusowe/fulwowe [Lonite]; (3) HxM – preparat H i endomykoryzowy (M) [Symbivit]. Aktywność dehydrogenazy była 5-6 krotnie wyższa w ryzosferze miskanta niż w glebie nieryzosferowej, przy czym najwyższa w wariantach traktowanych Lonite (H). Wyznaczone w teście Biolog wartości wskaźnika AWCD i Substrate richness wskazują na znacznie wyższą aktywność metaboliczną po aplikacji biostymulantów, szczególnie H, w porównaniu do kontroli. Wartości wskaźników różnorodności Shannon, Simpson i McIntosh potwierdzają wyższe zróżnicowanie gatunkowe w społeczności mikroorganizmów ryzosfery miskanta oraz wyższą relatywną obfitość mikrobioty po zastosowaniu biostymulantów niż w ryzosferze nie traktowanej tymi preparatami. Zastosowane preparaty sprawdziły się w stymulacji aktywności mikrobiomu ryzosfery miskanta uprawianego na glebie skażonej metalami, ale nie wpływały na wzrost rośliny.

Projekt otrzymał dofinansowanie z Programu Badań i Innowacji Unii Europejskiej Horyzont 2020 w ramach Umowy o Grant nr 101006873 (projekt GOLD – www.gold-h2020.eu).

Functional Diversity of the Rhizosphere Microbiota of *Miscanthus x giganteus* Treated with Biostimulants in Metal-Contaminated Soil

Soil samples from the rhizosphere and bulk soil were analyzed in the third growing season (2024) of *Miscanthus x giganteus* cultivated on a metal-contaminated field in Piekary Śląskie (southern Poland), characterized by high levels of Zn, Pb, and Cd. The experiment included three treatment variants: (1) K – control (no treatment); (2) H – humic/fulvic acids [Lonite]; (3) HxM – H and endomycorrhizal inoculum (M) [Symbivit]. Dehydrogenase activity, used as a measure of biological activity, was 5-6 times higher in the rhizosphere soil than in the bulk soil, with the highest values in the Lonite-treated variant (H). Biolog EcoPlate indices (AWCD and substrate richness indices) showed significantly enhanced microbial metabolic activity following biostimulant application, especially H. Shannon, Simpson, and McIntosh diversity indices confirmed higher species diversity and relative abundance of the rhizosphere microbiota in biostimulant-treated plants than in untreated ones. The biostimulants enhanced rhizosphere microbiome activity in *Miscanthus* grown on metal-contaminated soil but they did not affect plant growth.

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

Ocena oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe w glebach cmentarnych przy użyciu podejścia metagenomicznego

Patrycja Tarnawska, Maciej Walczak

Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Cmentarze mogą stanowić źródło transmisji zanieczyszczeń do środowiska, w tym bakterii, również tych warunkujących oporność na środki przeciwdrobnoustrojowe (AMR). Jednak ich rola w tej kwestii pozostaje słabo poznana. Celem niniejszego badania była ocena czy gleba cmentarna może być źródłem AMR.

Próbki gleby pobrano z cmentarzy ulokowanych na wzniesieniach w północnej Polsce, w tym z warstw powierzchniowych, gleby spod trumien (podczas ekshumacji), spoza cmentarzy (w celach kontrolnych) oraz z piezometrów.

Wcześniej analizy oparte na ocenie liczebności bakterii antybiotykoopornych oraz występowania genów oporności z wykorzystaniem reakcji multipleks PCR, potwierdziły wstępne założenia. Udokumentowano obecność bakterii opornych na amoksyliny, cefuroksym, doksycylinę i tetracyklinę, a także wybrane geny oporności na antybiotyki (ARG). Z tego względu zdecydowano się rozszerzyć badania o sekwencjonowanie metagenomiczne typu shotgun dla wybranych próbek.

Analiza metagenomiczna ujawniła szereg ARG, mobilne elementy genetyczne a także różnorodność taksonomiczną. Chociaż wykryto pewne oznaki skażenia, cmentarze nie wydają się stwarzać dużego ryzyka AMR w obecnych warunkach. Zaleca się przeprowadzenie dalszych badań na nowszych pochówkach w celu określenia dynamiki czasowej AMR i regeneracji mikroorganizmów w glebach dotkniętych pochówkiem.

Assessment of Antimicrobial Resistance in Cemetery Soils Using Metagenomic Approaches

Cemeteries can be sources of environmental contamination, including bacteria, as well as those that determine antimicrobial resistance (AMR). However, their role in this matter remains poorly understood. This study assessed whether cemetery soil can be a source of AMR.

Soil samples were collected from cemeteries located on hills in northern Poland, including surface layers, soil from under coffins (during exhumation), from outside the cemeteries (for control purposes) and from piezometers.

Previous analyses based on assessing the number of antibiotic-resistant bacteria and multiplex PCR for resistance genes confirmed the initial assumptions. The presence of bacteria resistant to amoxicillin, cefuroxime, doxycycline, and tetracycline, as well as selected antibiotic resistance genes (ARGs), was documented. For this reason, it was decided to extend the study with shotgun metagenomic sequencing for selected samples. Metagenomic analysis revealed a range of ARGs, mobile genetic elements, and taxonomic diversity. Although some signs of contamination were detected, the cemeteries do not appear to pose a significant risk of AMR under current conditions. Further studies on more recent burials are recommended to determine the temporal dynamics of AMR and microbial recovery in burial-affected soils.

Bakterie solubilizujące fosforany – potencjał promowania wzrostu i rozwoju roślin

Małgorzata Woźniak^{1*}, Sylwia Siebielec¹, Artur Nowak²,
Jolanta Jaroszuk-Ścisiel²

¹ Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy, e-mail: *m.wozniak@iung.pulawy.pl;

² Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

Fosfor (P) jest jednym z najważniejszych składników odżywczych, które wpływają na wzrost i metabolizm roślin. Fosfor jest ograniczonym zasobem naturalnym o bardzo niskiej dostępności dla roślin. Zwiększenie przyswajalności fosforu jest uznawane za nowe wyzwanie dla globalnego zrównoważonego rozwoju. Poprawa mobilizacji i efektywności wykorzystania fosforu w uprawach ma ogromne znaczenie zarówno z perspektywy ekologicznej, jak i ekonomicznej. W tym badaniu bakterie solubilizujące fosforany (PSB – Phosphate Solubilizing Bacteria) zostały wyizolowane z ryzosfery *Lactuca sativa* L. i przebadane pod kątem właściwości promowania wzrostu roślin: zdolność produkcji kwasu indolo-3-octowego, siedroforów i egzopolisacharydów (EPS – exopolysaccharides). Wyniki tego badania dostarczą podstawowych danych i praktycznych wskazówek dotyczących rozwoju i zastosowań PSB jako biofertilizatorów w rolnictwie.

Projekt finansowany w ramach konkursu Lider XII Narodowego Centrum Badań i Rozwoju; Nr LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021

Phosphate Solubilizing Bacteria – Potential to Promote Plant Growth and Development

Phosphorus (P) is one of the most important nutrients affecting plant growth and metabolism. It is a limited natural resource that is only available to plants in very small quantities. Increasing its availability is a key challenge for achieving global sustainable development. Improving the mobilisation and use efficiency of phosphorus in crops is important from ecological and economic perspectives. This study isolated Phosphate Solubilising Bacteria (PSB) from the rhizosphere of *Lactuca sativa* L. and screened them for plant growth-promoting properties, such as the ability to produce indole-3-acetic acid, sedrophores, and exopolysaccharides (EPS). The results of this study will provide fundamental data and practical guidelines for developing and applying PSB as biofertilisers in agriculture.

This work was financially supported by grants from the competition Lider XII The National Centre for Research and Development; No. LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021p

Ryzosfera *Lactuca sativa* L. jako źródło bakterii promujących wzrost roślin z aktywnością deaminazy ACC

Małgorzata Woźniak^{1*}, Sylwia Siebielec¹, Artur Nowak²,
Jolanta Jaroszuk-Ścisiel²

¹ Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy, e-mail: *m.wozniak@iung.pulawy.pl;

² Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

Salata masłowa (*Lactuca sativa* L.) to warzywo liściaste o wysokiej wartości odżywczej. Ze względu na płytki system korzeniowy salata wymaga częstego nawadniania. Nawet krótkie okresy stresu suszy mogą skutkować niską produktywnością upraw. Dlatego też kluczowe jest opracowanie nowych strategii zwiększania produktywności salaty w odpowiedzi na coraz bardziej niekorzystne skutki stresu suszy spowodowanego zmieniającymi się warunkami klimatycznymi. Dlatego też celem niniejszych badań była izolacja bakterii ryzosferowych wykazujących aktywność deaminazy kwasu 1-aminocyklopropano-1-karboksyłowego ACC (ang. aminocyclopropane-1-carboxylate deaminase). Ilościową ocenę aktywności deaminazy ACC oznaczano spektrofotometrycznie zgodnie ze zmodyfikowaną metodą Penrose'a i Glicka. Szczepy, sklasyfikowane odpowiednio jako *Variovorax beijingsensis*, *Bacillus* sp., *Bacillus pseudomycooides* i *Paenarthrobacter aurescens*, wykazują bardzo wysoką aktywność syntezy ACCD. Dlatego uważa się, że mogą one być dobrymi kandydatami do inokulacji roślin narażonych na warunki stresowe, w tym niedobór wody.

Projekt finansowany w ramach konkursu Lider XII Narodowego Centrum Badań i Rozwoju; Nr LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021

The Rhizosphere of *Lactuca sativa* L. as a Source of Plant-Growth-Promoting Bacteria with ACC Deaminase Activity

Lactuca sativa L. is a leafy vegetable with a high nutritional value. Due to its shallow root system, it requires frequent irrigation. Even short periods of drought can result in low crop productivity. Therefore, it is crucial to develop new strategies to increase lettuce productivity in response to the increasingly adverse effects of drought caused by changing climatic conditions. The aim of this study was therefore to isolate rhizosphere bacteria exhibiting 1-aminocyclopropane-1-carboxylate (ACC) deaminase activity. ACC deaminase activity was quantitatively assessed spectrophotometrically according to the modified Penrose and Glick method. The strains, which were classified as *Variovorax beijingsensis*, *Bacillus* sp., *Bacillus pseudomycooides* and *Paenarthrobacter aurescens* respectively, exhibited very high ACCD synthesis activity. Consequently, they are considered good candidates for inoculating plants exposed to stressful conditions, including water deficiency.

This work was financially supported by grants from the competition Lider XII The National Centre for Research and Development; No. LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021p

Propolis a mikrobiota pszczół miodnych zakażonych *Nosema ceranae*

Anna Żebracka¹, Kamil Żebracki², Anna Chmielowiec-Korzeniowska¹,
Grzegorz Borsuk³

Katedra Higieny Zwierząt i Zagrożeń Środowiskowych, Wydział Nauk o Zwierzętach
i Biogospodarki, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 13,
20-950 Lublin, Polska

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

Zakład Pszczelnictwa, Instytut Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej, Wydział Nauk
o Zwierzętach i Biogospodarki, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 13,
20-950 Lublin, Polska

Celem badania było określenie wpływu etanolowego ekstraktu propolisu na skład mikrobioty jelitowej pszczół miodnych (*Apis mellifera*) zakażonych *Nosema ceranae*. W warunkach laboratoryjnych przeprowadzono testy klatkowe z udziałem pszczół zakażonych i niezakażonych, suplementowanych etanolem, propolisem lub pozostawionych bez leczenia. Mikrobiotę analizowano metodą sekwencjonowania regionów V3–V4 genu 16S rRNA. Infekcja prowadziła do wzrostu udziału taksonów oportunistycznych (np. *Pseudomonas*, *Blautia*) oraz zwiększała różnorodność alfa. Suplementacja propolisem częściowo przywracała równowagę mikrobiologiczną, zwiększając udział korzystnych bakterii (np. *Bifidobacterium*, *Commensalibacter*, *Bartonella*) i ograniczając zarówno intensywność zakażenia, jak i negatywny wpływ etanolu. Analizy NMDS i PERMANOVA potwierdziły istotny wpływ infekcji oraz interakcji z suplementacją. Wyniki wskazują na potencjał propolisu jako naturalnego środka wspierającego mikrobiotę i odporność pszczół w warunkach stresu wywołanego infekcją.

*Badanie finansowane przez MNiSW (SUBB.WZI.19.058.ZIR) oraz Uniwersytet
Przyrodniczy w Lublinie (ZKH/MN-2/ZIR/2023-25).*

Propolis and the Gut Microbiota of Honey Bees Infected with *Nosema ceranae*

This study examined the effect of ethanol propolis extract on gut microbiota of honey bees (*Apis mellifera*) infected with *Nosema ceranae*. Cage tests included infected/uninfected bees, treated with ethanol, propolis, or untreated. Microbiota was analyzed via 16S rRNA (V3–V4) sequencing. Infection increased opportunistic taxa (e.g., *Pseudomonas*, *Blautia*) and alpha diversity. Propolis partly restored microbial balance, boosted beneficial genera (*Bifidobacterium*, *Commensalibacter*, *Bartonella*), and reduced infection severity. It also mitigated ethanol's negative impact. NMDS and PERMANOVA showed significant infection and supplementation effects. Propolis shows potential as a natural support for bee microbiota and immunity under infection stress.

*The study was funded by MNiSW (SUBB.WZI.19.058.ZIR) and University of Life
Sciences in Lublin (ZKH/MN-2/ZIR/2023-25).*



***Materiały
Informacyjne
Sponsorów***





ANALITYK
GENETYKA



ANALITYK

Analitik Genetyka

Jesteśmy dynamiczną firmą dostarczającą innowacyjne rozwiązania dla laboratoriów zajmujących się biologią molekularną. Doświadczenie zdobywaliśmy przez lata zarówno w pracy naukowej, jak i w firmach sektora biomedycznego.

Wprowadzamy przyszłościowe technologie współpracując z wiodącymi producentami sprzętu laboratoryjnego. Specjalizujemy się w sekwencjonowaniu następnej generacji (NGS) oraz technologiach pokrewnych, generujących dużą liczbę danych.



Argenta

Argenta wyróżnia się długoletnim doświadczeniem na rynku oraz wysoką jakością oferowanych produktów. Od 30 lat zajmuje się wyposażaniem laboratoriów w produkty z zakresu mikrobiologii przemysłowej i klinicznej, badań naukowych diagnostyki laboratoryjnej i weterynaryjnej oraz biologii molekularnej.

Misją firmy jest dostarczanie nowatorskich produktów oraz zapewnienie wsparcia aplikacyjnego, serwisowego i logistycznego na specjalistycznym poziomie, tak by wspomóc rozwój diagnostyki laboratoryjnej.

- | | |
|---------------------|-----------------------------|
| - Thermo SCIENTIFIC | - Hygiena |
| - Interscience | - Gold Standard Diagnostics |
| - OXOID | - Alliance Bio Expertise |
| - AlfaAesar | - Eurofins |
| - Microbiologics | - Genomics |
| - Fisher Scientific | - Liofilchem® |
| - Acros Organics | - Indicia |
| - Autobio | - Syntesy |



EURx

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

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

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

Jesteśmy dumni, że mogliśmy przyczynić się do sukcesu wielu naszych Klientów.

3GENES

3GENES

Celem naszej działalności jest wprowadzanie innowacyjnych technologii w dziedzinie biologii molekularnej do regionu Europy Środkowej oraz wspieranie laboratoriów badawczych oraz ośrodków diagnostycznych.

3GENES opiera się na doświadczeniu we wspieraniu produktów biologii molekularnej i zawsze działa zgodnie z wartościami firmy, dostarczając najlepsze możliwe usługi.

Wzajemność: Wierzymy we wspieranie wzajemnie korzystnych relacji. Zespół 3GENES tworzy środowisko, w którym wszystkie strony wnoszą swój wkład i uczestniczą we wspólnym sukcesie.

Przejrzystość: Otwarta komunikacja i zaufanie są podstawą wszystkiego, co robimy. Zespół 3GENES jest zaangażowany w promowanie przejrzystości wewnątrznie jak i z partnerami biznesowymi, kładąc podwaliny pod silne, uczciwe i trwałe relacje.

Jakość: Nasze zaangażowanie w doskonałość napędza wszystko, co robimy. W 3GENES jesteśmy dumni z dostarczania wysoce innowacyjnych produktów i najwyższej jakości usług, zapewniając naszym klientom wszystko, co najlepsze.

Wytrwałość: W obliczu wyzwań jesteśmy wytrwali. Zespół 3GENES wykazuje niezachwianą determinację, dzięki której pokonujemy przeszkody i nieustannie dążymy do doskonałości we wszystkich aspektach naszej pracy.

Technologia i rozwiązania technologiczne: 3Genes specjalizuje się w zaawansowanych rozwiązaniach z zakresu biologii molekularnej, ze szczególnym uwzględnieniem sekwencjonowania DNA. Wykorzystujemy technologię NGS (Next-Generation Sequencing), oferując kompleksowe wsparcie – od przygotowania próbek, przez analizę bioinformatyczną, po interpretację wyników.

Nasze zaplecze technologiczne pozwala na prowadzenie precyzyjnych analiz genomowych, transkryptomicznych i metagenomicznych, wspierając projekty badawcze, diagnostyczne i przemysłowe. Zapewniamy wysoką jakość danych i indywidualne podejście do każdego projektu.

Nasi wybrani partnerzy technologiczni:

- PacBio
- OncoDNA
- RealSeq Bioscience
- SeqWell
- ABclonal
- Hawk Biosystem
- Genoox -Scale Bioscience
- Sani Membranes
- Eilersen

- Twist Bioscience
- Arima Genomics
- Hedera Dx
- Twist Bioscience
- CentoGene
- Genetek Biopharm
- RotaChrom – Purified Solution
- Norgen Biotek
- Atlas Copco



Genomed S.A.

Genomed S.A. oferuje wszelkiego rodzaju analizy sekwencji DNA, w tym analizę polimorfizmu ("Gene Scan"), sekwencjonowanie materiału genetycznego w technologii Sangera i NGS, syntezę oligonukleotydów standardowych (wysalanych i oczyszczanych HPLC), oligonukleotydów modyfikowanych oraz znakowanych podwójnie sond.

Oferujemy dwa podejścia do analiz genetycznych o charakterze metagenomowym: metabarkoding oparty o amplikony 16S/18S/ITS oraz pełną analizę metagenomiczną typu shotgun. Poza tym w ofercie posiadamy:

- sekwencjonowanie de novo całych genomów prokariotycznych i eukariotycznych,
- resekwencjonowanie wybranych fragmentów genomów i amplikonów,
- sekwencjonowanie eksomów,
- sekwencjonowanie całego genomu po reakcji z wodorosiarczynem (WGBS),
- sekwencjonowanie transkryptomów (RNA-Seq),
- sekwencjonowanie małych RNA.

Genomed S.A. offers all types of DNA sequence analysis, including polymorphism analysis ("Gene Scan"), sequencing of genetic material using Sanger and NGS methods, synthesis of standard oligonucleotides (salted and HPLC purified), modified oligonucleotides and dual labelled probes.

We offer two approaches to metagenomic genetic analyses: metabarcoding based on 16S/18S/ITS amplicons and full shotgun metagenomic analysis. Additionally, we offer:

- de novo sequencing of entire prokaryotic and eukaryotic genomes,
- resequencing of selected genome fragments and amplicons,
- exome sequencing,
- whole genome bisulfite sequencing (WGBS),
- transcriptome sequencing (RNA-Seq),
- small RNA sequencing.

GenXone – usługi sekwencjonowania NGS

W genXone świadczymy usługi sekwencjonowania nowej generacji (NGS). Wykonujemy sekwencjonowanie kwasów nukleinowych w technologii nanoporowej opracowanej przez Oxford Nanopore Technologies (ONT) zaliczanej do tzw. technologii długich odczytów.

Oferujemy usługi sekwencjonowania zgodnie z indywidualnymi potrzebami naszych klientów:

Seqwencjonowanie 16s rRNA (V1-V9 lub V3-V8) i/lub ITS (ITS1-5.8S-ITS2)

Standardowa usługa obejmuje izolację DNA, amplifikację wybranego regionu, sekwencjonowanie uzyskanych fragmentów w technologii nanoporowej wraz z przypisaniem etykiety taksonomicznej do uzyskanych odczytów.

Wykonujemy także rozszerzone analizy bioinformatyczne i statystyczne, a ich zakres i formę wyniku ustalamy zawsze indywidualnie wychodząc naprzeciw potrzebom naszych klientów.

Seqwencjonowanie metagenomowe metodą shotgun

Całogenomowe sekwencjonowanie materiału genetycznego zawartego w próbce środowiskowej. Rozwiązanie umożliwia kompleksową analizę składu i potencjału biologicznego organizmów obecnych w badanym materiale. Zastosowanie sekwencjonowania nanoporowego pozwala na wierne odtworzenie profilu taksonomicznego, bez błędów wynikających z procesu amplifikacji. Zastosowanie technologii długich odczytów usprawnia dalsze etapy analizy związane z: składaniem *de novo* genomów obecnych w próbce, analizą szlaków metabolicznych czy identyfikacją genów związanych z antybiotykoopornością, wirulencją itp.

W zależności od zdefiniowanych oczekiwań i celu eksperymentu możemy wykonać płytkie sekwencjonowanie metagenomowe umożliwiające identyfikację taksonomiczną do poziomu gatunku lub głębokie sekwencjonowanie metagenomowe w celu identyfikacji mikroorganizmów, złożenia genomów *de novo* oraz wykonania adnotacji funkcjonalnej.

Seqwencjonowanie genomów bakteryjnych

Seqwencjonowanie genomów bakteryjnych w technologii nanoporowej pozwala uzyskać długie odczyty co w znacznym stopniu ułatwia składanie genomów *de novo* oraz pozwala na uzyskanie minimalnej liczby kontigów jaka występuje w próbce. Oferujemy usługę obejmującą izolację DNA, sekwencjonowanie oraz analizę bioinformatyczną.

Pełna oferta na stronie <https://genxone.eu/seqwencjonowanie-nanoporowe/>



INTERMAG

PROFIL FIRMY

INTERMAG to firma założona w Polsce w 1988r. Od początku swojej działalności specjalizuje się w rozwoju i produkcji nowoczesnych preparatów dla rolnictwa. Aktualnie firma zaliczana jest do największych producentów nawozów i biostymulatorów oraz aktywnie działa w branży produktów prozdrowotnych dla zwierząt.

Misją INTERMAG jest upowszechnianie rozwiązań umożliwiających zwiększenie efektywności produkcji rolnej, przy równoczesnej dużej dbałości o środowisko naturalne i bezpieczeństwo żywności. W tym celu współpracujemy z uznanymi instytucjami naukowo-badawczymi. Ponadto zbudowaliśmy własne zaplecze badawczo-doświadczalne, które pozwala na prowadzenie zaawansowanych badań i prac rozwojowych. Inspiracją dla nowych projektów są często rozwiązania i mechanizmy stworzone przez naturę. Wprowadzenie na rynek nowych produktów zawsze poprzedzone jest rzetelnymi badaniami biologicznymi, które potwierdzają ich efektywność w praktyce.



ROZWIĄZANIA MIKROBIOLOGICZNE

- ◇ produkty zawierające mikroorganizmy naturalnie występujące w środowisku, wpływające pozytywnie na zdrowotność roślin poprzez wspierania zdrowotności na częściach nadziemnych, jak i w ryzosferze.
- ◇ produkty doglebowe zwiększające zawartość próchnicy i składników pokarmowych w glebie oraz produkt stosowany dolistnie umożliwiający produkcję azotu bezpośrednio w roślinie.
- ◇ produkty do mikoryzacji systemu korzeniowego, zawierające grzyby ważne dla roślin i środowiska. Grzyby zawarte w biopreparatach tworzą symbiozę z korzeniami roślin i wpływają pozytywnie na ich wzrost, rozmiar oraz zasięg.





Wydawnictwo Naukowe PWN S.A.

ul. Gottlieba Daimlera 2, 02-460 Warszawa

W Grupie PWN łączymy tradycje kultowych wydawnictw naukowych – Wydawnictwa Naukowego PWN oraz PZWL Wydawnictwa Lekarskiego. Obok działalności wydawniczej i dystrybucyjnej zapewniamy wszechstronną ofertę edukacji online. Przy wykorzystaniu nowych technologii towarzyszymy w stałym podnoszeniu kwalifikacji i zdobywaniu wiedzy wszystkich, którzy chcą się rozwijać.

Jesteśmy dumni, że ramię w ramię z najlepszymi ekspertami współtworzymy przyjazny ekosystem edukacyjny na miarę potrzeb współczesnego świata. Wspólnie ze spółką e-commerce ePWN oraz największym dystrybutorem w branży wydawniczej OSDW Azymut, tworzymy organizację, która stawia na jakość i wiarygodność. Jesteśmy dumni z zaufania milionów czytelników, którzy wraz z nami zdobywają wiedzę.

PWN działa w obszarze akademickim, profesjonalnym i edukacyjnym. Posiadamy również bogatą ofertę popularnonaukową. Co roku nakładem PWN ukazuje się ponad 200 nowych tytułów, które poza książką drukowaną dostępne są również w formie e-booków i audiobooków. Nasze publikacje trafiają na listy lektur na najlepszych uniwersytetach w Polsce i zdobywają wiele prestiżowych nagród.

Wszystkie działania realizujemy z pasji do przekazywania wiedzy i dzielenia się nią z każdym, kto jej poszukuje. Tworzymy zespoły, którym nie jest obojętna rzetelność i najwyższa jakość oferowanych usług.

Jesteśmy zaufanym źródłem informacji i dostawcą nowoczesnych rozwiązań edukacyjnych, dzięki czemu mamy realny wpływ na rozwój intelektualny w naszym kraju. Sukcesy osiągamy dzięki wartościom, które przyświecają nam w codziennej praktyce wewnątrz i na zewnątrz naszej organizacji.

Wydawnictwo Naukowe PWN S.A.

At the **PWN Group**, we combine the traditions of iconic scientific publishers – Wydawnictwo Naukowe PWN and PZWL Wydawnictwo Lekarskie. In addition to our publishing and distribution activities, we offer a comprehensive range of online education services. By leveraging new technologies, we support everyone who wishes to grow by helping them continuously expand their qualifications and knowledge.

We are proud to co-create, side by side with top experts, a user-friendly educational ecosystem tailored to the needs of the modern world. Together with our e-commerce company ePWN and OSDW Azymut – the largest distributor in the publishing industry – we form an organization built on quality and trustworthiness. We are honored by the trust of millions of readers who acquire knowledge with us.

PWN operates in the academic, professional, and educational sectors. We also offer an extensive selection of popular science titles. Each year, PWN publishes over 200

new titles, which are available not only in print but also as e-books and audiobooks. Our publications appear on reading lists at leading Polish universities and receive numerous prestigious awards.

Everything we do stems from our passion for sharing knowledge with everyone who seeks it. We build teams that value integrity and the highest standards of service.

We are a trusted source of information and a provider of modern educational solutions, which enables us to make a real impact on the intellectual development of our country. We achieve success by staying true to the values that guide our everyday work, both within and outside our organization



***Indeks
Autorów***



Indeks Autorów

1.	Abramczyk Barbara	55, 56
2.	Adamczyk Paulina	75, 134
3.	Addesso Rosangela	28
4.	Adrian Łukasz	159
5.	Ambroziak Krzysztof	72
6.	Aziz Ayesha	120
7.	Babińska-Wensierska Weronika	42
8.	Baćmaga Małgorzata	57, 61
9.	Banach Artur	35, 58, 59, 87
10.	Banachewicz Piotr	18
11.	Barabasz Wiesław	2, 24
12.	Barańska Daria	98, 135
13.	Barczyński Bartłomiej	163
14.	Bartosik Dariusz	3, 17, 146, 147, 153
15.	Bielawska Izabela	70, 71
16.	Bilokinna Anna	67
17.	Błaszczyk Lidia	4, 18
18.	Bohacz Justyna	60
19.	Bona Inga	84, 85, 131
20.	Bondarczuk Kinga	37
21.	Boroń Piotr	86
22.	Boros-Lajszner Edyta	61
23.	Borowicz Marcin	34, 48
24.	Borowik Agata	62, 130
25.	Borsuk Grzegorz	89, 168
26.	Borymski Sławomir	32
27.	Brzykcy Julia	146
28.	Budziszewska Marta	63
29.	Budzyńska Daria	115, 136
30.	Burkowska-But Aleksandra	123

31.	Bylina Agnieszka	39
32.	Cembrowska-Lech Danuta	52
33.	Chlebda Damian	76
34.	Chmielewski Maksymilian	44, 150
35.	Chmielowiec-Korzeniowska Anna	168
36.	Chojnacka Aleksandra	18
37.	Choma Adam	161
38.	Ciepiel Jarosław	70, 71, 90, 137
39.	Coll Francesc	50
40.	Cwajna Alicja	37
41.	Cwalina-Ambroziak Bożena	119
42.	Czajkowski R.	34
43.	Czarnecki Jakub	147
44.	Czernecka Natalia	86
45.	Damszel Marta	119
46.	Decewicz Przemysław	146
47.	Dębiec-Andrzejewska Klaudia	138
48.	Domka Agnieszka	33, 76, 120
49.	Drzewiecka Dominika	100
50.	Fagorzi Camilla	23
51.	Feledyn-Szewczyk Beata	74, 96, 110, 152, 157
52.	Felföldi Tamás	112
53.	Fiołka Marta	48
54.	Flakiewicz Julia	64
55.	Fornal E.	97
56.	Frąc Magdalena	65, 74, 96, 98, 99, 110, 135, 152, 154, 155, 157, 160
57.	Frąckowiak Patryk	63, 149
58.	Frączek Krzysztof	66
59.	Frąszczak Karolina	163
60.	Fursa Oleksandr	124
61.	Furtak Adam	45, 67, 68

62.	Furtak Karolina	138, 139, 140, 141
63.	Gałązka Anna	36, 69, 70, 71, 82, 93, 137
64.	Gałęzowska Grażyna	38
65.	Gawryjolek Karolina	138, 139, 140, 141
66.	Giedrojć Weronika	119, 142
67.	Gierut-Kot Anna	72
68.	Godlewska Renata	153
69.	Goraj Weronika	35, 73, 87, 125, 138, 145
70.	Goryluk-Salmonowicz Agata	113
71.	Gorziewicz Katarzyna	83
72.	Goszcz Aleksandra	138
73.	Goszyła Aneta	164
74.	Górska Katarzyna	72
75.	Górski Andrzej	59, 68
76.	Grudniak Anna	153
77.	Gryta Agata	65, 74, 96, 110, 135, 152, 157
78.	Grzesiak Jakub	146
79.	Grzęda Emilia	139
80.	Grzyb Tomasz	143
81.	Gueguen Erwan	48
82.	Gustab Maciej	33
83.	Guzzi Noa	147
84.	Hannula Emilia S.	160
85.	Hasiów-Jaroszewska Beata	91, 115, 117, 136
86.	Havrysh Polina	18
87.	Hejda Natalia	105
88.	Horbowicz-Teresińska Aleksandra	46
89.	Hudzik-Pałosz Sylwia	84, 85, 131
90.	Insam Heribert	5, 19
91.	Jabłuszewski Rafał	153
92.	Jach Monika Elżbieta	107, 108

93.	Jafra Sylwia	48, 104
94.	Janczarek Monika	75, 134
95.	Janeczko Monika	58, 79
96.	Janusz Grzegorz	94, 102, 103
97.	Jaros-Tsoj Karolina	144, 164
98.	Jarosz Kinga	120
99.	Jaroszuk-Ściseł Jolanta	93, 94, 102, 103, 144, 158, 164, 166, 167
100.	Jaworski Adam	7, 21
101.	Jędryczka Małgorzata	9, 22, 134
102.	Jędrzejczyk Roman J.	33, 76, 120
103.	Jodłowski Przemysław	76
104.	Joniec Jolanta	77
105.	Jopek Magdalena	72
106.	Jurczyk Sara	35, 73, 127, 145, 148
107.	Kagan Katarzyna	73, 145
108.	Kaim Daria	47
109.	Kalwasińska Agnieszka	105, 112
110.	Karpińska Aleksandra	48
111.	Kayzer Dariusz	128
112.	Kiedryńska Alina	146
113.	Kiersztyn Adam	87
114.	Kjellander Petter	88
115.	Klich Daniel	88
116.	Kliszcz Angelika	35, 87
117.	Kloch Marta	88
118.	Klusek Paula	163
119.	Kobierska Sandra	42
120.	Komaniecka Iwona	161
121.	Komorowska Beata	91
122.	Koper Piotr	78, 129
123.	Korona-Głowniak Izabela	163

124.	Korsak Dorota	153
125.	Kosak Klaudia	79
126.	Kosowicz Weronika	33
127.	Kowalewicz-Kulbat Magdalena	100
128.	Kowalska Beata	80, 114
129.	Koza Weronika	84, 131
130.	Koziół Monika	81, 82
131.	Koziół Krystyna	40
132.	Krakowska Elvira	146, 147
133.	Krakowski Kamil	146, 153
134.	Krawczyk Krzysztof	132
135.	Krekora Magdalena	108
136.	Król Ewa	55, 56
137.	Kruczyńska Anna	35, 87, 97, 127, 145, 148
138.	Kruszewska Joanna	94, 102, 103
139.	Krzykawski Tomasz	39
140.	Krzyżanowska Dorota M.	34, 48
141.	Kubiak Adrianna	128
142.	Kucharski Jan	57, 61, 62, 130
143.	Kumari Diksha	149
144.	Kuncewicz Jakub	44, 150
145.	Kurpas Monika	38
146.	Kutinova Oleksandra	120
147.	Kutkowska Jolanta	83
148.	Kutyła Mateusz	151
149.	Kutyrieva-Nowak Nataliia	93
150.	Kuźniar Agnieszka	35, 58, 59, 73, 87, 97, 127, 145, 148
151.	Kwiatkowska Edyta	77
152.	Kwit Renata	84, 85
153.	Lalak Anna	84, 85
154.	Larose Catherine	40

155.	Lenard Tomasz	35, 87
156.	Lenart-Boroń Anna	86, 162
157.	Lenga Agnieszka	127, 148
158.	Lewicki Andrzej	159
159.	Locatelli Marcello	107
160.	Luks Bartłomiej	40
161.	Łasica Anna	153
162.	Łojkowska Ewa	42
163.	Łopucki Rafał	35, 87, 88, 125
164.	Magurno Franco	47, 49
165.	Majchrowska-Safaryan Anna	116
166.	Majewska Małgorzata	93
167.	Makuch Karol	50
168.	Malicka Monika	49
169.	Małek Wanda	36
170.	Mandrelli Laura	28
171.	Marczak Małgorzata	46, 106, 129
172.	Markowicz Anna	32, 40
173.	Marshall Ian	39
174.	Marynowski Leszek	39
175.	Marzec-Grządziel Anna	35, 55, 69, 70, 71, 89, 90, 93, 122, 137, 151
176.	Marzella Angelo	28
177.	Masłyk Maciej	58
178.	Matlakowska Renata	146
179.	Mazel Didier	147
180.	Mazur Andrzej	78, 129, 161
181.	Mącik Mateusz	110, 152
182.	Mengoni Alessio	10, 23
183.	Michalska Anna	80, 114
184.	Mielniczuk Elżbieta	55, 56

185.	Mięsiak-Wójcik Katarzyna	108
186.	Mikos-Wojewoda Emilia	84, 131
187.	Minicka Julia	91, 115, 136
188.	Młodzińska Agata	138
189.	Moreno-Druet Maria	26
190.	Moryl Martyna	46, 106
191.	Motyka-Pomagruk Agata	42
192.	Możejko Michał	60
193.	Nádudvari Ádám	39
194.	Nasiadka Paweł	88
195.	Nawrot Adam	40
196.	Niault Théophile	147
197.	Niedźwiedzka-Rystwej Paulina	52
198.	Niewiadomska Alicja	92, 109, 128
199.	Nikolaichuk H.	97
200.	Noszczyńska Magdalena	37
201.	Nowak Artur	93, 94, 102, 103, 158, 166, 167
202.	Nowak Monika	27, 95, 154, 155
203.	Obąpalska-Stęplowska Aleksandra	63, 121, 149, 156
204.	Oleńska Ewa	36
205.	Olmo-Uceda María J.	136
206.	Omiotek Gabriela	118
207.	Osińska Adriana	123
208.	Oszust Karolina	96, 110
209.	Owczarzak Zofia	153
210.	Ożga Kinga	88
211.	Pacan Marceli	97
212.	Paliga Wiktoria	32
213.	Palusińska-Szysz Marta	78
214.	Panasiewicz Katarzyna	128
215.	Panek Jacek	65, 74, 98, 99, 110, 135, 152, 157, 160

216.	Pasim Paulina	84, 85
217.	Passeri Iacopo	23
218.	Pastuszka Dominika	84, 85
219.	Pathan Shamina Imran	74, 96, 110, 152, 157
220.	Patkowska Elżbieta	56
221.	Pawcenis Dominika	76
222.	Pawlik Małgorzata	37
223.	Peczyk Klaudia	49
224.	Perlińska-Lenart Urszula	94, 102, 103
225.	Pertile Giorgia	98, 99
226.	Piersa Piotr	159
227.	Pietramellara Giacomo	74, 96, 110, 152, 157
228.	Pietrzak Marta	154, 155
229.	Pii Y.	19
230.	Pikulicka Anna	24
231.	Pilarska Agnieszka	128
232.	Piłyk Sebastian	94, 103
233.	Piotrowska-Seget Zofia	37, 39, 47, 49
234.	Plewa Sylwia	100
235.	Pluskota Wioletta E.	119, 142
236.	Podlewski Jacek	35, 58, 59, 73, 87, 127, 145, 148
237.	Popowska Magdalena	113
238.	Potocka Izabela	47
239.s	Potrykus Marta	38
240.	Prochoń Katarzyna	154, 155
241.	Próchniak Katarzyna	124
242.	Przemieniecki Sebastian Wojciech	101, 119
243.	Przybylska Arnika	121, 156
244.	Przybyś Marcin	93
245.	Pulka Jakub	159
246.	Puławska Aleksandra	100

247.	Pusch Emily	117
248.	Pustova Zoia	94, 102, 103
249.	Pylak Michał	110, 157
250.	Pytlak Anna	45, 67, 68
251.	Rabia Hakim	39
252.	Rajewska Magdalena	104
253.	Ratajewicz Anna	86
254.	Reyns Wouter	26
255.	Richert Agnieszka	105
256.	Rineau François	11, 26, 144
257.	Rinke C.	19
258.	Ropek Dariusz	66
259.	Rozpądek Piotr	33, 76, 120
260.	Rožen Paula	50
261.	Różalska Sylwia	12, 27, 95, 99, 154, 155
262.	Rudnicka Karolina	155
263.	Rusek Kamila	106
264.	Rybicki Nikodem	107
265.	Sadok Ilona	88
266.	Sajnaga Ewa	88, 107, 108
267.	Salamon Sylwia	18
268.	Samborska Dorota	118
269.	Santiago Elena F.	136
270.	Selwet Marek	92, 109, 128
271.	Siebielec Grzegorz	158, 159
272.	Siebielec Sylwia	158, 159, 166, 167
273.	Siedlecki Igor	30
274.	Siegieda Dominika	65, 74, 98, 110, 152, 157, 160
275.	Sisodia Priyal	110
276.	Sitko Krzysztof	32
277.	Siupka Piotr	39, 47, 49

278.	Skalmowska Patrycja	94, 103
279.	Skarżyńska, Magdalena	84, 85, 131
280.	Skowronek Marcin	35, 87,
281.	Skrzypiec Ewelina	84, 131
282.	Słomczewski Andrzej	35, 87
283.	Smirnova Yevheniia	161
284.	Sobolewska M.	34
285.	Sochaczewska Anna	35, 59, 97, 127, 145, 148
286.	Sofa Adriano	13, 28
287.	Soudzilovskaia Nadia	26
288.	Stankiewicz Klaudia	86, 162
289.	Stasiuk Robert	146
290.	Stępień-Pyśniak Dagmara	88
291.	Strażyński Przemysław	115
292.	Su Nier	26
293.	Sugier Piotr	144, 158, 164
294.	Sułowicz Sławomir	32, 40
295.	Sumara A.	97
296.	Suśniak Katarzyna	163
297.	Swatek Anita	161
298.	Swędrzyńska Dorota	92, 109, 128
299.	Swiontek Brzezinska Maria	105, 112
300.	Szabó Attila	112
301.	Szadziul, Mateusz	113
302.	Szafranek-Nakonieczna Anna	45, 67, 68, 125
303.	Szczzech Magdalena	80, 114
304.	Szkatulska Martyna	91, 115
305.	Szufa Szymon	159
306.	Szulc Justyna	143
307.	Szuplewska Magdalena	153
308.	Śmiałowska-Węglińska Aleksandra	131

309.	Świątczak Joanna	112
310.	Świątek Marcin	88
311.	Świstak Dawid	144, 164
312.	Tarnawska Patrycja	165
313.	Tasinkiewicz Anastazja	153
314.	Thijs Sofie	36, 144
315.	Tkaczuk Cezary	116
316.	Tomaszewski Krzesimir	40
317.	Treder Jadwiga	80, 114
318.	Trzmiel Katarzyna	117
319.	Turnau Katarzyna	99, 155
320.	Turska-Szewczuk Anna	118
321.	Tyśkiewicz Renata	64
322.	Ukalska-Jaruga Aleksandra	159
323.	Uniłowska Magdalena	124
324.	Urbaniak Mateusz M.	155
325.	Vaccaro Francesca	23
326.	Val Marie-Eve	147
327.	Vangronsveld Jaco	14, 29, 36, 144, 164
328.	Wachowska Urszula	119, 142
329.	Walczak Maciej	123, 165
330.	Walczak Weronika	72
331.	Wasył Dariusz	84, 85, 131
332.	Wawrzyniak Paweł	147, 153
333.	Ważny Rafał	33, 76, 120
334.	Wiącek Dariusz	125
335.	Wieczorek Przemysław	121, 149, 156
336.	Wiejak Katarzyna	70, 71, 122
337.	Winciorek Jolanta	80, 114
338.	Wiśniewski Oskar	123
339.	Wlizło Kamila	124

340.	Wnuk Ewa	125
341.	Wojdat Dominika	84, 85
342.	Wolińska Agnieszka	35, 58, 59, 73, 97, 125, 127, 145, 148
343.	Wolna-Maruwka Agnieszka	92, 109, 128
344.	Woźniak Małgorzata	36, 158, 159, 166, 167
345.	Wójcik Magdalena	129
346.	Wójcik Małgorzata	36, 144, 164
347.	Wrześniewska Karolina	83
348.	Wrzosek Marta	15, 30
349.	Wysokiński Jakub	78
350.	Wyszkowska, Jadwiga	57, 61, 62, 130
351.	Wyszyńska Agnieszka	147, 153
352.	Wyzińska Marta	139, 141
353.	Young Peter	146
354.	Zaborowska Magdalena	62, 130
355.	Zajac Magdalena	84, 131
356.	Zapotoczna Marta	50
357.	Zarzyńska-Nowak Aleksandra	115, 117
358.	Zawierucha Krzysztof	40
359.	Zdunek Anna	64
360.	Zenelt Weronika	132
361.	Zientak Wiktoria	40
362.	Ziętara-Wysocka Joanna	52
363.	Ziółek Marta	108
364.	Zubery Mwahija	26
365.	Zygmunt Wiktoria	154
366.	Żebracka Anna	168
367.	Żebracki Kamil	78, 129, 161, 168



IX. OGÓLNOPOLSKIE
SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE
**METAGENOMY
RÓŻNYCH
ŚRODOWISK**

LUBLIN, 23-24 CZERWCA 2025



Symposium otrzymało dofinansowanie ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego pod nazwą **„Doskonała Nauka II” – nr projektu KONF/SP/0388/2024/02** kwota dofinansowania **147 400 zł**, całkowita wartość projektu **169 850 zł**



Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego



Doskonała
Nauka II



Minister Nauki
i Szkolnictwa Wyższego