

PATRONAT
HONOROWY



PREZYDENT MIASTA LUBLIN
KRZYSZTOF ŻUK



Patronat Marszałka
Województwa Lubelskiego
Jarosława Stawiarzkiego



Dokonała
Nauka



Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego



Minister
Nauki



VIII OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK

Lublin, 17-18 czerwca 2024



**KATEDRA BIOLOGII
I BIOTECHNOLOGII
MIKROORGANIZMÓW**

Wydział Medyczny
Katolicki Uniwersytet
Lubelski Jana Pawła II



**ZAKŁAD MIKROBIOLOGII
ROLNICZEJ**

Instytut Uprawy
Nawożenia
i Gleboznawstwa
Państwowy Instytut
Badawczy



**ZAKŁAD BADAŃ
SYSTEMU
GLEBA-ROŚLIN**

Instytut Agrofizyki
im. B. Dobrzańskiego
Polskiej Akademii Nauk



**KATEDRA MIKROBIOLOGII
PRZEMYSŁOWEJ
I ŚRODOWISKOWEJ**

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



**KATEDRA BIOCHEMII
I MIKROBIOLOGII**

Instytut Biologii
Szkoła Główna
Gospodarstwa
Wiejskiego

Symposium otrzymało dofinansowanie ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Edukacji i Nauki pod nazwą „Dokonała Nauka II” – nr projektu KONF/SN/0287/2023/01, kwota dofinansowania 111 500,00 zł, całkowita wartość projektu 123 889,00 zł.



VIII OGÓLNOPOLSKIE
SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE

**METAGENOMY
RÓŻNYCH
ŚRODOWISK**

Lublin, 17-18 czerwca 2024

Redakcja:
Artur Banach
Weronika Goraj
Agnieszka Kuźniar
Anna Szafranek-Nakonieczna
Agnieszka Wolińska

ISBN 978-83-8288-165-3



Wydawnictwo KUL
ul. Konstantynów 1H, 20-708 Lublin, tel. 81 454 56 78
e-mail: wydawnictwo@kul.pl, <https://wydawnictwo.kul.pl>

Referaty plenarne i zaproszone wygłoszą:

PROF. DR HAB. ADAM JAWORSKI (UNIWERSYTET ŁÓDZKI, SPOŁECZNA AKADEMIA NAUK W ŁODZI)
PROF. DR HAB. WIESŁAW BARABASZ (PAŃSTWOWA SZKOŁA WSCHODNIOEUROPEJSKA W PRZEMYŚLU)
PROF. DR HAB. ŁUKASZ DZIEWIT (UNIWERSYTET WARSZAWSKI)
DR HAB. SYLWIA RÓŻALSKA, PROF. UŁ (UNIWERSYTET ŁÓDZKI)
DR HAB. URSZULA ZIELENKIEWICZ (INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI PAN W WARSZAWIE)
PROF. DR HAB. EMILIA FORNAL (UNIWERSYTET MEDYCZNY W LUBLINIE)

Komitet Organizacyjny:

Przewodnicząca:

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

Członkowie:

dr hab. Anna Gałązka, prof. Instytutu (IUNG-PIB, Puławy)
prof. dr hab. Magdalena Frąc (IA PAN, Lublin)
dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ściseł, prof. UMCS (UMCS, Lublin)
dr Agata Goryluk-Salmonowicz (SGGW, Warszawa)

Komitet Naukowy:

dr hab. Mieczysław Błaszczuk, prof. SGGW (SGGW Warszawa)
prof. dr hab. Wiesław Barabasz (PWSW, Przemyśl)
dr hab. Maria Chmiel, prof. UR (UR, Kraków)
prof. dr hab. inż. Krystyna Cybulska (ZUT, Szczecin)
dr Katarzyna Czarnek (KUL, Lublin)
prof. dr hab. Łukasz Dziewit (UW, Warszawa)
dr Karolina Furtak (IUNG, Puławy)
dr hab. Patrycja Golińska, prof. UMK (UMK, Toruń)
dr Monika Jach (KUL, Lublin)
prof. dr hab. Monika Janczarek (UMCS, Lublin)
prof. dr hab. Adam Jaworski (SAN, Łódź)
prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka (IGR PAN, Poznań)
dr Beata Kowalska (IO, Skierniewice)
prof. dr hab. Jan Kucharski (UWM, Olsztyn)
dr Ewa Sajnaga (KUL, Lublin)
dr hab. Magdalena Szczech, prof. IO (IO, Skierniewice)
prof. dr hab. n. med. Ryszard Maciejewski (KUL, Lublin)
prof. dr hab. Andrzej Mazur (UMCS, Lublin)
dr hab. Alicja Niewiadomska, prof. UP (UP, Poznań)
dr hab. Aleksandra Obrępańska-Stęplowska, prof. IOR-PIB (IOR-PIB, Poznań)
prof. dr hab. Zofia Piotrowska-Seget (UŚ, Katowice)
prof. dr hab. Izabela Świącicka (UB, Białystok)
dr hab. Sylwia Różalska, prof. UŁ (UŁ, Łódź)
dr hab. Agnieszka Wolna-Maruwka, prof. UP (UP, Poznań)
prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska (UWM, Olsztyn)
dr hab. Urszula Zielenkiewicz (IBB PAN, Warszawa)

Patronat Honorowy:

Dariusz Wieczorek (Minister Nauki)
dr Krzysztof Żuk (Prezydent Miasta Lublin)
Jarosław Stawiarski (Marszałek Województwa Lubelskiego)
ks. prof. dr hab. Mirosław Kalinowski (Rektor KUL, Lublin)
prof. dr hab. n. med. Ryszard Maciejewski (Dziekan Wydziału Medycznego KUL, Lublin)
prof. dr hab. Mariusz Matyka (Dyrektor IUNG-PIB, Puławy)
prof. dr hab. Cezary Sławiński, czł. koresp. PAN (Dyrektor IA PAN, Lublin)
prof. dr hab. Artur Zdunek, czł. koresp. PAN (Z-ca Dyrektora ds. Naukowych IA PAN, Lublin)
prof. dr hab. Agnieszka Gniazdowska-Piekarska (Dyrektor Instytutu Biologii, SGGW, Warszawa)
prof. dr hab. Radosław Dobrowolski (Rektor UMCS, Lublin)
dr hab. Joanna Czarnecka, prof. UMCS (Dziekan Wydziału Biologii i Biotechnologii UMCS, Lublin)
prof. dr hab. Anna Jarosz-Wilkołazka (Dyrektor Instytutu Nauk Biologicznych UMCS, Lublin)

Patronat Naukowy:

Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne
Polskie Towarzystwo Gleboznawcze
Polskie Towarzystwo Mikrobiologów
Polskie Towarzystwo Mykologiczne
Polskie Towarzystwo Biochemiczne
Polskie Towarzystwo Genetyczne

Patronat Medialny:

Biotechnologia.pl
Laboratorium - Przegląd Ogólnopolski
Polskie Radio Lublin
Dziennik Naukowy
Perspektywy
e-Agrotechnika.pl
Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy
LedLive
Ekonatura
biznes&EKOLOGIA
Forum Akademickie

Sekretariat konferencji:

dr Weronika Goraj
dr hab. Anna Szafranek-Nakonieczna, prof. KUL

Członkowie sekretariatu:

dr Artur Banach
mgr inż. Andrzej Górski
mgr Katarzyna Kagan
mgr Anna Kruczyńska
dr Agnieszka Kuźniar
mgr Anna Sochaczewska

Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów
Wydział Medyczny
Instytut Nauk Medycznych
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II
ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin
tel. 81 454 54 61
e-mail: metagenomy2024@kul.pl

PATRONAT HONOROWY

PATRONAT
HONOROWY



PREZYDENT MIASTA LUBLIN
KRZYSZTOF ŻUK



Patronat Marszałka
Województwa Lubelskiego
Jarosława Stawiarńskiego

KATOLICKI
UNIwersYTET
LUBELSKI
JANA PAWŁA II

KUL
1918

IUNG

INSTYTUT
AGROFIZYKI
P A N

UMCS
UNIWERSYTET MARI CURIE-SKŁODOWSKAJ



SPONSORZY

A&A BIOTECHNOLOGY
innovating life science



BMKGENE

hem-land®

CHEMIROL®

EURx®
MOLECULAR
BIOLOGY
PRODUCTS



Genomed



GENXONE
SEQUENCING



ITS
SCIENCE

Lab-JOT®



labo24.pl
Twój partner w laboratorium

Nevogene



SARSTEDT



shim-pol

WSPARCIE PRODUKTOWE



SZCZEPANÓWKA
- 19 13 -

CGFP
GRUPA FUNDACJA POTULICKA



FUNDACJA
ROZWOJU
KUL

PATRONAT NAUKOWY



POLSKIE TOWARZYSTWO
MYKOLOGICZNE



POLSKIE TOWARZYSTWO
GENETYCZNE

PATRONAT MEDIALNY



DZIENNIK
NAUKOWY



Biotechnologia.pl

Laboratorium
PRZEGLĄD OGÓLNOPOLSKI

Perspektywy



e-agrotechnika.pl

biznes
EKOLOGIA



ekonatura

INSTYTUT OCHRONY ROŚLIN
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY



FORUM
AKADEMICKIE

LED LIVE®
LED SCREENS



VIII Ogólnopolskiego Sympozjum Mikrobiologicznego
„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”
Lublin, 17-18 czerwca 2024



PROGRAM

17.06.2024 (poniedziałek) (Centrum Transferu Wiedzy KUL)	
8:30 – 9:30	Rejestracja uczestników konferencji – Hol CTW-113 ul. Radziszewskiego 7 (I piętro)
SESJA INAUGURACYJNA <i>dr hab. Agnieszka Wolińska, prof. KUL, Lublin; prof. dr hab. Magdalena Frąc, IA PAN, Lublin; dr hab. Anna Gałązka, prof. IUNG-PIB, Puławy; Lublin; dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ścisiel, prof. UMCS, Lublin; dr Agata Goryluk-Salmonowicz, SGGW, Warszawa</i>	
9:30 – 10:00	Uroczyste otwarcie VIII Ogólnopolskiego Sympozjum Mikrobiologicznego „METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK” – powitanie Gości przez Organizatorów, Przedstawicieli Władz KUL i Przedstawicieli Współorganizatorów Sympozjum
10:00 – 10:45	REFERAT INAUGURACYJNY <i>Tajemnice genomu i metagenomu człowieka</i> prof. dr hab. Adam Jaworski (UŁ, Społeczna Akademia Nauk, Łódź)
10:45 – 11:15	WYKŁAD PLENARNY <i>Burzliwe dzieje gruszek na wierzbie. Lysenkizm</i> prof. Wiesław Barabasz (SAN, Przemysł)
11:15 – 11:30	<i>Przerwa kawowa</i>
SESJA I MIKROBIOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK <i>Prowadzenie: dr hab. Aleksandra Obrępańska-Stęplowska, prof. IOR-PIB, prof. dr hab. Monika Janczarek</i>	
11:30 – 12:00	WYKŁAD PLENARNY <i>Metabiom osadnika ścieków laboratoryjnych IBB PAN</i> dr hab. Urszula Zielenkiewicz (IBB, Warszawa)
	REFERATY
12:00 – 12:20	<i>Struktura mikrobiomu terenów porośniętych mchami na pływającej haldzie pogórnicy – dr Piotr Siupka (UŚ, Katowice)</i>
12:20 – 12:40	<i>Bioróżnorodność zespołów mikroorganizmów glebowych na terenie silnie skażonym metalami ciężkimi w Katowicach-Szopienicach – dr Sławomir Sulowicz (UŚ, Katowice)</i>
12:40 – 13:00	<i>Charakterystyka metagenomu bakterii Legionella w próbach wody z obiektów użyteczności publicznej – dr Piotr Koper (UMCS, Lublin)</i>
13:00 – 13:20	PANEL DYSKUSYJNY
13:20 – 14:30	Przerwa obiadowa
SESJA POSTEROWA <i>(postery będą dostępne przez cały czas trwania konferencji)</i>	
14:30 – 15:30	Pico prezentacje – sesja dla młodych naukowców <i>Prowadzenie: prof. dr hab. Agnieszka Wolna-Maruwka, dr Karolina Furtak</i>
14:30-14:40	<i>Charakterystyka mobilomu szczepów Legionella spp. wyizolowanych z próbek środowiskowych – implikacje dla horyzontalnego transferu genów – mgr Jakub Wysokiński (UMCS, Lublin)</i>
14:40 – 14:50	<i>Proflowanie ekspresji genów związanych z patogenezą bakterii Legionella longbeachae uwolnionych z komórek pierwotniaków – mgr Jacek Tarasiuk (UMCS, Lublin)</i>
14:50 – 15:00	<i>Badanie trójstronnej interakcji pomiędzy Pectobacterium zantedeschiae, rośliną i ryzobiomem – mgr Daria Horoszkiewicz (UG, Gdańsk)</i>
15:00 – 15:10	<i>Pięknie tylko z wierzchu? Czy koszenie zarastających drzewami torfowisk niskich ma wpływ na podziemne zbiorowiska grzybów – lic. Olsza Borys (UW, Warszawa)</i>



VIII Ogólnopolskiego Sympozjum Mikrobiologicznego
„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”
Lublin, 17-18 czerwca 2024



PROGRAM

15.10-15.20	<i>Metataksonomiczna analiza endo- i ryzo-biotu dwóch odmian kukurydzy o różnej tolerancji stresu suszy – mgr Marta Bukowczan (UŚ, Katowice)</i>
15.20-15.30	<i>Wpływ cechy nekrogenności satelitarnego RNA na przenoszenie wirusa mozaiki ogórka (CMV) przez mszycę brzoskwińową (<i>Myzus persicae</i>) – mgr inż. Barbara Wrzesińska-Krupa (IOR-PIB, Poznań)</i>
SESJA II MYKOBIOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK <i>Prowadzenie: prof. dr hab. Andrzej Mazur, prof. dr hab. Magdalena Frąc</i>	
15:30 – 16:00	WYKŁAD PLENARNY <i>Możliwości niekonwencjonalnego zastosowania grzybów entomopatogennych</i> dr hab. Sylwia Różalska, prof. UŁ, Łódź
	REFERATY
16:00 – 16:20	<i>Endosfera pszenicy zwyczajnej bogatym rezerwuarem grzybów znanych z różnego trybu życia – dr hab. Lidia Błaszczyk, prof. IGR PAN (IGR PAN, Poznań)</i>
16:20 – 16:40	<i>Konsorcja mikrobiologiczne dla stymulacji wzrostu i plonowania roślin, ograniczające straty składników mineralnych do gleby, wód, powietrza i emisje gazów cieplarnianych prezentacja wyników projektów Excalibur i EcoNutri – dr hab. Lidia Sas-Paszt (IO PIB, Skierniewice)</i>
16:40 – 17:00	<i>Endofityczny i ryzosferowy mikrobiom hodowalni fitostabilizatora (<i>Trifolium repens</i>) oraz hiperakumulatorów cynku (<i>Cardaminopsis halleri</i> i <i>C. arenosa</i>) hałd galmanowych południowej Polski – dr Ewa Oleńska (UB, Białystok)</i>
17:00 – 17:15	PANEL DYSKUSYJNY
19:00 – ...	Uroczysta kolacja – HOTEL VICTORIA (ul. Narutowicza 58/60)
18.06.2024 (wtorek)	
SESJA III METAGENOMY ŚRODOWISKA GLEBOWEGO I ICH POTENCJALNE ZASTOSOWANIA W BIOTECHNOLOGII <i>Prowadzenie: dr hab. Anna Galózka, prof. IUNG, prof. dr hab. Krystyna Cybulska</i>	
9:30 – 10:00	WYKŁAD PLENARNY Biomonitoring i bioprospekcja środowisk ekstremalnych prof. dr hab. Łukasz Dziewit (UW, Warszawa)
	REFERATY
10:00 – 10:20	<i>Interakcje roślin okrywowych i mikroorganizmów glebowych w sadach ekologicznych – badania z Polski i Francji – dr hab. Magdalena Szczech, prof. IO PIB (IO, Skierniewice)</i>
10:20 – 10:40	<i>Skład mikrobiomu <i>Erigeron annuus</i> w różnych warunkach termicznych gruntu – dr Małgorzata Pawlik (UŚ, Katowice)</i>
10:40 – 11:00	<i>Potencjał wspomaganej fitoremediacji do oczyszczania gleby ko-zanieczyszczonej – wnioski z analizy metatranskryptomicznej – dr Magdalena Pacwa-Płociniczak (UŚ, Katowice)</i>
11:00 – 11:15	PANEL DYSKUSYJNY
11:15 – 11:30	Wspólne zdjęcie
11:30 – 12:00	Przerwa kawowa



VIII Ogólnopolskiego Sympozjum Mikrobiologicznego
„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”
Lublin, 17-18 czerwca 2024



PROGRAM

SESJA IV METAGENOMIKA APLIKACYJNA, METABOLOMIKA, PROTEOMIKA I ICH ZNACZENIE W MONITORINGU JAKOŚCI ŚRODOWISKA I ZDROWIU CZŁOWIEKA <i>Prowadzenie: prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska, prof. dr hab. Zofia Piotrowska-Seget</i>	
12:00 – 12:30	WYKŁAD PLENARNY <i>Spektrometria mas w metabolomice, proteomice i w badaniach mikrobiomu – prof. dr hab. Emilia Fornal (UM, Lublin)</i>
	REFERATY
12:30 – 12:50	<i>Bakteriobiom zakładu produkcji opakowań do żywności – dr hab. Maria Chmiel, prof. URK (URK, Kraków)</i>
12:50 – 13:10	<i>Nawigacja po etapach NGS w analizie mikrobiomu – znaczenie wyborów metodologicznych – dr Anna Wierzbicka-Woś (Sanprobi Sp. z o.o.)</i>
13:10 – 13:30	<i>Jak dopasować metodę NGS do rodzaju próbki metagenomicznej, pytania badawczego i... zmieścić się w budżecie – dr Jarosław Kosakowski (GENOMED SA)</i>
13:30 – 14:00	PANEL DYSKUSYJNY
14:00 – 15:00	Przerwa obiadowa
15:15 – 16:00	WRĘCZENIE NAGRÓD* PODSUMOWANIE I ZAKOŃCZENIE KONFERENCJI

* Komisja Naukowa wyłoni wśród prelegentów (młodych naukowców) najlepszy referat oraz najlepszy poster w obrębie poszczególnych sesji naukowych

**Komisja Naukowa: prof. Adam Jaworski; prof. Wiesław Barabasz; prof. Zofia Piotrowska-Seget,
dr Agnieszka Kuźniar, dr Karolina Furtak**

Spis treści

REFERATY PLENARNE

<i>Burzliwe dzieje gruszek na wierzbie. Łysenkizm</i> Wiesław Barabas, Anna Pikulicka	22
<i>Biomonitoring i bioprospekcja środowisk ekstremalnych</i> Łukasz Dziewit	23
<i>Spektrometria mas w metabolomice, proteomice i w badaniach mikrobiomu</i> Emilia Fornal	24
<i>Tajemnice genomu i metagenomu człowieka</i> Adam Jaworski	25
<i>Możliwości niekonwencjonalnego zastosowania grzybów entomopatogennych</i> Sylvia Różalska	26
<i>Metabiom osadnika ścieków laboratoryjnych IBB PAN</i> Urszula Zielenkiewicz	27

REFERATY

<i>Endosfera pszenicy zwyczajnej bogatym rezerwuarem grzybów znanych z różnego trybu życia.</i> Lidia Błaszczyk, Sylwia Salamon, Dariusz Kruska, Polina Havrysh, Piotr Banachewicz	30
<i>Bakteriobiom zakładu produkcji opakowań do żywności</i> Maria J. Chmiel, Michał Szalonek	31
<i>Jak dopasować metodę NGS do rodzaju próbki metagenomicznej, pytania badawczego i... zmieścić się w budżecie</i> Jarosław Kosakowski	32
<i>Charakterystyka metagenomu bakterii Legionella w próbach wody z obiektów użyteczności publicznej</i> Piotr Koper, Kamil Żebracki, Jakub Wysokiński, Marta Palusińska-Szys, Andrzej Mazur	33
<i>Endofityczny i ryzosferowy mikrobiom hodowlany fitostabilizatora (Trifolium repens) oraz hiperakumulatorów cynku (Cardaminopsis halleri i C. arenosa) hałd galmanowych południowej Polski</i> Ewa Oleńska, Wanda Małek, Małgorzata Wójcik, Sebastian Szopa, Izabela Swiecicka, Olgierd Aleksandrowicz, Tadeusz Włostowski, Weronika Zawadzka, Wouter M.A. Sillen, Jaco Vangronsveld, Iva Cholakova, Tori Langill, Sofie Thijs	34
<i>Potencjał wspomaganą fitoremediacji do oczyszczania gleby ko-zanieczyszczonej – wnioski z analizy metatranskryptomicznej</i> Magdalena Pacwa-Płociniczak, Daria Chlebek, Aleksandra Borkowska, Julia Borówka, Tomasz Płociniczak	35
<i>Skład mikrobiomu Erigeron annuus w różnych warunkach termicznych gruntu</i> Małgorzata Pawlik, Kinga Bondarczuk, Anna Abramowicz, Małgorzata Rudnicka, Magdalena Noszczyńska, Zofia Piotrowska-Seget	36
<i>Konsorcja mikrobiologiczne dla stymulacji wzrostu i plonowania roślin, ograniczające straty składników mineralnych do gleby, wód, powietrza i emisje gazów cieplarnianych – prezentacja wyników projektów Excalibur i EcoNutri</i> Lidia Sas-Paszt, Anna Lisek, Paweł Trzciniński, Krzysztof Górnik, Edyta Derkowska, Beata Sumorok, Sławomir Głuszek, Mateusz Frąc	37
<i>Struktura mikrobiomu terenów porośniętych mchami na płonącej haldzie pogórnicy</i>	

Piotr Siupka, Karolina Solska, Mariusz Wierzgoń, Zofia Piotrowska-Seget	38
<i>Bioróżnorodność zespołów mikroorganizmów glebowych na terenie silnie skażonym metalami ciężkimi w Katowicach-Szopienicach</i>	
Sławomir Sułowicz, Anna Markowicz, Sławomir Borymski, Marta Kandziora-Ciupa, Gabriela Barczyk, Aleksandra Nadgórska-Socha	39
<i>Interakcje roślin okrywowych i mikroorganizmów glebowych w sadach ekologicznych – badania z Polski i Francji</i>	
Magdalena Szczech, Claude-Eric Parveaud, Beata Kowalska, Maxime Jacquot, Sophie-Joy Ondet, Ewa Furmańczyk, Eligio Malúsa, Jolanta Winciorek, Anna Michalska	40
<i>Nawigacja po etapach NGS w analizie mikrobiomu – znaczenie wyborów metodologicznych</i>	
Anna Wierzbicka-Woś, Alicja Trzeciak-Ryczek, Karolina Skonieczna-Żydecka, Igor Łoniewski	41

PICO PREZENTACJE

<i>Piękne tylko z wierzchu? Czy koszenie zarastających drzewami torfowisk niskich ma wpływ na podziemne zbiorowiska grzybów</i>	
Olsza Borys, Łukasz Kozub, Aleksandra Kukułka, Alicja Okraśńska, Julia Pawłowska, Nina Trochanowska, Mateusz Wilk	44
<i>Badanie trójstronnej interakcji pomiędzy <i>Pectobacterium zantedeschiae</i>, rośliną i ryzobiomem</i>	
Daria Horoszkiewicz, Michał Mateusz Waleron, Jan Gawor, Łukasz Rąbalski, Krzysztof Waleron, Małgorzata Waleron	45
<i>Metataksonomiczna analiza endo- i rizo-biomu dwóch odmian kukurydzy o różnej tolerancji stresu suszy</i>	
Marta Bukowczan, Magdalena Pacwa-Płociniczak, Tomasz Płociniczak	46
<i>Profilowanie ekspresji genów związanych z patogenezą bakterii <i>Legionella longbeachae</i> uwolnionych z komórek pierwotniaków</i>	
Jacek Tarasiuk, Jakub Wysokiński, Piotr Koper, Bożena Kowalczyk, Marta Palusińska-Szys, Andrzej Mazur	47
<i>Wpływ cechy nekrogenności satelitarnego RNA na przenoszenie wirusa mozaiki ogórka (CMV) przez mszycę brzoskwińową (<i>Myzus persicae</i>)</i>	
Barbara Wrzesińska-Krupa, Marta Budziszewska, Przemysław Strażyński, Patryk Frąckowiak, Aleksandra Obrępańska-Stepłowska	48
<i>Charakterystyka mobilomu szczepów <i>Legionella</i> spp. wyizolowanych z próbek środowiskowych – implikacje dla horyzontalnego transferu genów</i>	
Jakub Wysokiński, Piotr Koper, Kamil Żebracki, Kacper Stachnio, Andrzej Mazur	49

POSTERY

<i>Porównanie mycobiomu ryzosfery wybranych odmian pszenicy jarej (<i>Triticum aestivum</i> L.) uprawianej w systemie ekologicznym</i>	
Barbara Abramczyk, Marcin Przybyś, Anna Marzec-Grządziel, Beata Feledyn-Szewczyk	52
<i>Struktura zespołów bakterii i grzybów w glebie poddanej działaniu herbicydów sulkotriion i terbutyloazyna</i>	
Małgorzata Baćmaga, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski, Agata Borowik	53
<i>Rozpoznanie czynników środowiskowych wspomagających namnażanie się mikrobiomu i mykobiomu w glebach monokulturowych</i>	
Artur Banach, Anna Sochaczewska, Sara Jurczyk, Andrzej Słomczewski, Jacek Podlewski, Agnieszka Wolińska	54

<i>Wpływ biopreparatów na występowania patogenicznych grzybów w glebie z obszarów rolniczych</i> Piotr Banachewicz, Zoia Pustova, Polina Havrysh, Sebastian Przemieniecki, Lidia Błaszczyk	55
<i>W poszukiwaniu idealnego szczepu: badanie przesiewowe izolatów bakteryjnych z pikli w celu selekcji najlepszego szczepu do inokulacji microgreens</i> Daria Barańska, Jacek Panek, Magdalena Frąc	56
<i>Oddziaływanie niklu, kadmu i kobaltu na mikrobiom ryzosfery roślin uprawnych</i> Edyta Boros-Lajsner, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski	57
<i>Oddziaływanie preparatu Arpon G na mikrobiom gleby: ocena wpływu na zdrowie roślin i funkcje gleby</i> Agata Borowik, Jadwiga Wyszowska, Magdalena Zaborowska, Jan Kucharski	58
<i>Indukcja genów vir Agrobacterium tumefaciens C58 – czynnik modyfikujący lipidom tych bakterii</i> Adam Choma, Kamil Żebracki, Piotr Koper, Andrzej Mazur, Anita Swatek, Iwona Komaniecka	59
<i>Mikrobiom ryzosfery wybranych roślin ruderalnych pobranych z gleb silnie zdegradowanych i długotrwałe zanieczyszczonych ropą naftową – badania wstępne</i> Jarosław Ciepiał, Agata Janczarek, Karolina Gawryjołek, Aleksandra Ukalska-Jaruga, Barbara Abramczyk, Anna Marzec-Grządziel, Anna Gałązka	60
<i>Analiza sieci powiązań zbiorowisk bakterii w uprawie współrzędnej pszenicy i koniczyny</i> Magdalena Frąc, Dominika Siegieda, Jacek Panek, Beata Feledyn-Szewczyk, Shamina Imran Pathan, Giacomo Pietramellara	61
<i>Wpływ biostymulatora BTH na dojrzewanie oraz indukcję odporności różnych odmian Solanum lycopersicum L.</i> Patrik Frąckowiak, Urszula Gawlik, Małgorzata Majcher, Aleksandra Obrepalska-Stęplowska	62
<i>Rola adiuwantów w modulacji odpowiedzi mikrobioty glebowej na glifosat</i> Adam Furtak, Andrzej Górski, Anna Szafranek-Nakonieczna, Anna Pytlak	63
<i>Zmiany w strukturze i aktywności mikrobioty glebowej pod wpływem glifosatu</i> Adam Furtak, Anna Sochaczewska, Anna Pytlak, Anna Szafranek-Nakonieczna	64
<i>Opracowanie innowacyjnego preparatu mikrobiologicznego o charakterze osmoprotekcyjnym do wspomaganie oraz ochrony roślin uprawnych w warunkach stresu osmotycznego wywołanego zmienną wilgotnością gleby i zasoleniem (OSMO-PROTECT)</i> Karolina Furtak, Karolina Gawryjołek	65
<i>Autochtoniczny mikrobiom lekkiej mady rzecznej (Fluvisols) i jego reakcja na nadmierną wilgotność gleby</i> Karolina Furtak, Anna Marzec-Grządziel, Agnieszka Wolińska	66
<i>Mikrobiom gleb silnie zdegradowanych i długotrwałe zanieczyszczonych ropą naftową – badania wstępne</i> Anna Gałązka, Agata Janczarek, Jarosław Ciepiał, Karolina Gawryjołek, Aleksandra Ukalska-Jaruga, Barbara Abramczyk, Anna Marzec-Grządziel	67
<i>Aktywność biologiczna w kontekście biologicznego wietrzenia i powstawania gleby pod drzewami</i> Anna Gałązka, Anna Marzec-Grządziel, Łukasz Pawlik	68
<i>Zróźnicowanie mikrobiomu bakteryjnego w glebach uprawnych i nieużytku uzupełnionych skałą płonną – odpadem po wydobyciu węgla kamiennego</i> Aleksandra Garbacz, Jolanta Jaroszuk-Ściśeł, Artur Nowak, Anna Marzec-Grządziel, Marcin Przybyś, Anna Słomka, Anna Gałązka, Grzegorz Grzywaczewski	69
<i>Mikroflora oraz występowanie mikroorganizmów potencjalnie tworzących biofilm w instalacji wodociągowej różnych dzielnic miasta Częstochowa</i> Agnieszka Godela, Joanna Kończyk, Marcin Sysa, Robert Biczak	70

<i>Wyznaczenie grup bakterii i grzybów wrażliwych/niewrażliwych na redukcję nawożenia azotowego w glebach monokulturowych spod uprawy kukurydzy</i> Weronika Goraj, Agnieszka Kuźniar, Anna Kruczyńska, Sara Jurczyk, Andrzej Słomczewski, Jacek Podlewski, Agnieszka Wolińska	71
<i>Bioróżnorodność środowiska glebowego w monokulturowej uprawie żyta i kukurydzy</i> Agata Gryta, Karolina Oszust, Vaclovas Boguzas, Zita Kriaučiūnienė, Jerzy Weber, Magdalena Frąć	72
<i>Bio preparaty do uprawy kukurydzy oparte na Bacilli – podejście – omiczne</i> Tomasz Grzyb, Filip Prucnal, Justyna Szulc	73
<i>Grzyby zasiedlające próchniejące drzewo w obszarze chronionym zachodniego lasostepu Ukrainy</i> Polina Havrysh, Zoia Pustova, Lidia Błaszczyk	74
<i>Zastosowanie bioagumentacji w oczyszczaniu ścieków koksowniczych: badania bioreaktorowe</i> Łukasz Jałowicki, Jacek Borgulat, Mikołaj Glaser Ariel Marchlewicz Grażyna Płaza	75
<i>Charakterystyka bakterii ryzosferowych i endofitów roślin wetlandowych wykorzystanych w oczyszczaniu ścieków surowych z podziemnego zgazowania węgla</i> Łukasz Jałowicki, Jacek Borgulat, Mikołaj Glaser, Grażyna Płaza	76
<i>Mykobiom ryzosfery wybranych roślin ruderalnych pobranych z gleb silnie zdegradowanych i długotrwałe zanieczyszczonej ropą naftową – badania wstępne</i> Agata Janczarek, Jarosław Ciepiał, Karolina Gawryjolek, Aleksandra Ukalska-Jaruga, Barbara Abramczyk, Anna Marzec-Grządziel, Anna Gałązka	77
<i>Zmiany w proteomie bakterii symbiotycznych Rhizobium leguminosarum sv. trifolii wywołane stresem niskiej temperatury</i> Monika Janczarek, Paulina Adamczyk	78
<i>Skład mikrobiomu bakteryjnego ryzosfery konopi siewnych (Cannabis sativa L.) uprawianych w glebie zanieczyszczonej metalami i traktowanych biostymulantami</i> Karolina Jaros, Jolanta Jaroszek-Ścisiel, Anna Marzec-Grządziel, Piotr Sugier, Anna Słomka, Anna Gałązka, Jaco Vangronsveld, Małgorzata Wójcik	79
<i>α-Bioróżnorodność mikrobioty środowiska glebowego z uprawy rzepaku i pszenicy</i> Katarzyna Kagan, Anna Kruczyńska, Agnieszka Kuźniar, Sara Jurczyk, Andrzej Słomczewski, Jacek Podlewski, Agnieszka Wolińska	80
<i>Wpływ fosforu na wrażliwość temperaturową gleb leśnych</i> Beata Klimek, Marta Chmielowiec, Maria Niklińska	81
<i>Wpływ mikroplastiku na mikroorganizmy gleb leśnych</i> Beata Klimek, Magdalena Majda, Milena Angerman-Zielińska, Maria Niklińska	82
<i>Spadek liczebności grzybowych patogenów roślinnych po przejściu przez przewód pokarmowy dżdżownicy z gatunku A. caliginosa Sav.</i> Angelika Kliszczyk, Agnieszka Kuźniar, Agnieszka Wolińska, Sara Jurczyk, Anna Kruczyńska, Joanna Puła	83
<i>Analiza transkryptomu Agrobacterium tumefaciens C58 i jego mutantu defektywnego w syntezie fosfatydylinoetanolaminy (C58ΔpssA) w warunkach stresu środowiskowego</i> Iwona Komaniecka, Kamil Żebracki, Piotr Koper, Andrzej Mazur, Anita Swatek, Adam Chom	84
<i>Poszukiwanie potencjalnych zmian w składzie dziecięcej mikrobioty jelitowej po rozszerzaniu diety</i> Elwira Komoń-Janczara, Małgorzata Ostrowska, Kinga Woźniak, Piotr Jarocki	85
<i>Zależność pomiędzy mikrobiomem kaptownika zbożowca (Rhyzopertha dominica F.) a jego rozwojem i żerowaniem</i> Olga Kosewska, Sebastian Wojciech Przemieniecki, Mariusz Nietupski	86

<i>Wpływ bakterii kwasu mlekowego na wzrost grzybów patogenicznych w warunkach in vitro</i> Beata Kowalska, Magdalena Szczech	87
<i>Zróźnicowanie genetyczne szczepów bakterii z rodzaju Azotobacter wyizolowanych z różnych gleb Polski</i> Monika Koziel, Anna Gałązka	88
<i>Sekwencjonowanie genomów bakteriofagów powodujących lizę roślinnych i ludzkich szczepów Kosakonia cowanii</i> Krzysztof Krawczyk, Weronika Zenelt, Anna Hoffmann, Katarzyna Sadowska	89
<i>Struktura Bacteroidota w obliczu nawożenia mineralnego i zróźnicowanej wilgotności gleby</i> Anna Kruczyńska, Agnieszka Kuźniar, Sara Jurczyk, Andrzej Słomczewski, Jacek Podlewski, Agnieszka Wolińska	90
<i>Kształtowanie aktywności metanotroficznej gleb przez nawożenie azotowe</i> Adam Kubaczyński, Adrianna Rafalska, Marcelina Borkowska, Anna Walkiewicz, Agnieszka Wolińska	91
<i>Od satelitarnej do rdzeniowej mikrobioty gleb charakterystycznej dla kukurydzy w różnych systemach uprawy</i> Agnieszka Kuźniar, Anna Kruczyńska, Sara Jurczyk, Weronika Goraj, Andrzej Słomczewski, Jacek Podlewski, Agnieszka Wolińska	92
<i>Charakterystyka molekularna bakterii z rodzaju Salmonella izolowanych od dzikich ptaków w Polsce</i> Anna Lalak, Renata Kwit, Magdalena Skarżyńska, Magdalena Zając, Emilia Mikos-Wojewoda, Ewelina Skrzypiec, Weronika Koza, Dariusz Wasyl	93
<i>Charakterystyka genomowa oraz ocena wrażliwości na środki przeciwdrobnoustrojowe Salmonella Enteritidis izolowanych od drobiu w latach 1980-1986 – wyniki wstępne</i> Anna Lalak, Magdalena Zając, Magdalena Skarżyńska, Renata Kwit, Emilia Mikos-Wojewoda, Ewelina Skrzypiec, Dominika Wojdat, Dariusz Wasyl	94
<i>Znikający azot w rzece na obszarze silnie zurbanizowanym – czy badania metataksonomiczne składu populacji bakterii i grzybów pomogą go odnaleźć?</i> Anna Lenart-Boroń, Anna Bojarczuk, Piotr Boroń, Natalia Czernecka	95
<i>Rany zwierząt towarzyszących jako siedlisko antybiotykoopornych bakterii. Badania hodowlane, proteomiczne i molekularne</i> Anna Lenart-Boroń, Klaudia Bulanda, Natalia Czernecka, Anna Ratajewicz, Klaudia Stankiewicz	96
<i>Identyfikacja mikroorganizmów jako komponentów bionawozów ograniczających straty składników mineralnych w glebie</i> Anna Lisek, Paweł Trzciniński, Lidia Sas-Paszt, Sławomir Głuszek	97
<i>Wrażliwość Neosartorya spp. (teleomorfa Aspergillus spp.) na wybrane związki cykliczne</i> Wiktoria Maj, Giorgia Pertile, Magdalena Frąc	98
<i>Charakterystyka społeczności mikroorganizmów zasiedlających endosferę hiperakumulatorów</i> Oliwia Malinowska, Karolina Kardyś, Agata Goryluk-Salmonowicz	99
<i>Mikrobiom glebowy pod lupą: funkcjonalna analiza zbiorowisk bakterii w uprawach współrzędnych zbóż i roślin bobowatych</i> Mateusz Mącik, Dominika Siegieda, Agata Gryta, Jacek Panek, Beata Feledyn-Szewczyk, Giacomo Pietramellara, Shamina Imran Pathan, Magdalena Frąc	100
<i>Mutageneza wybranych genów potencjalnie zaangażowanych w aktywność przeciwgrzybową endofitycznego szczepu z rodzaju Pseudomonas</i> Dawid Męcik, Katarzyna Hupert-Kocurek	101

<i>Odpowiedź mikrobiomu gleby replantowanej w szkółce drzew owocowych na skutek biofumigacji</i> Alicja Niewiadomska, Agnieszka Wolna-Maruwka, Adrianna Kubiak, Robert Wiczorek, Zofia Zydlik	102
<i>Zastosowanie analizy mykobionu w zaburzeniach metabolicznych</i> Małgorzata Ostrowska, Elwira Komoń-Janczara, Karolina Nowosad	103
<i>Potencjał biologiczny bakterii z rodzaju Bacillus na podstawie analizy funkcjonalnej genomu wybranych izolatów</i> Karolina Oszust, Jacek Panek, Klaudia Zawadzka, Agata Gryta, Michał Pylak, Magdalena Frąc	104
<i>Mikrobiom endosymbiotyczny grzybów Serendipita indica</i> Jacek Panek, Daria Barańska, Dominika Siegieda, Giorgia Pertile, Krzysztof Sikorski, Katarzyna Turnau, Magdalena Frąc	105
<i>Różnorodność mikroorganizmów w glebie spod uprawy soi</i> Elżbieta Patkowska, Elżbieta Mielniczuk	106
<i>Analiza wolnego pozakomórkowego DNA o pochodzeniu bakteryjnym u pacjentów z zaawansowanym czerniakiem poddanych immunoterapii anti-PD-1</i> Bernadeta Pietrzak, Katarzyna Tomela, Łukasz Galus, Jacek Mackiewicz, Agnieszka Olejnik-Schmidt, Andrzej Mackiewicz, Mariusz Kaczmarek, Marcin Schmidt	107
<i>Charakterystyka frakcji mikrobioty jelitowej związanej z wydzielniczymi immunoglobulinami A (SIgA) u pacjentów z zaawansowanym czerniakiem poddanych immunoterapii anti-PD-1</i> Bernadeta Pietrzak, Katarzyna Tomela, Łukasz Galus, Jacek Mackiewicz, Agnieszka Olejnik-Schmidt, Andrzej Mackiewicz, Mariusz Kaczmarek, Marcin Schmidt	108
<i>Wpływ nawożenia pozostałościami po produkcji owadów gospodarskich na ryzobiotę roślin uprawnych</i> Sebastian Wojciech Przemieniecki	109
<i>Wpływ bakterii szczepów Lactococcus lactis i Bacillus velezensis na plonowanie wybranych odmian pomidora</i> Arnika Przybylska, Beata Wielkopolan, Krzysztof Krawczyk, Aleksandra Obrepalska-Stęplowska ...	110
<i>Wpływ uprawy współrzędnej pszenicy wraz z mieszanką trawy i koniczyny na bioróżnorodność zbiorowisk bakterii w podpowierzchniowych warstwach gleby w rolnictwie ekologicznym</i> Michał Pylak, Dominika Siegieda, Agata Gryta, Jacek Panek, Beata Feledyn-Szewczyk, Shamina Imran Pathan, Giacomo Piertamellara, Magdalena Frąc	111
<i>Aktywność mikrobiologiczna gleb pod uprawą wybranych roślin rolniczych</i> Adrianna Rafalska, Adam Kubaczyński, Anna Walkiewicz	112
<i>Niskocząsteczkowe fosfatazy tyrozynowe Rhizobium leguminosarum bv. trifolii – heterologiczna nadprodukcja, oczyszczanie i ocena aktywności in vitro</i> Kamila Rusek, Aleksandra Drabik, Martyna Moryl, Małgorzata Marczak	113
<i>Analiza funkcjonalna genów kodujących hipotetyczne kinazy i fosfatazy tyrozynowe Rhizobium leguminosarum bv. Trifolii</i> Kamila Rusek, Marcelina Łukasik, Małgorzata Marczak	114
<i>Analiza zmian składu mikrobioty pszczoły miodnej (Apis mellifera L.) w trakcie suplementacji pożywienia ekstraktami n-butanolowymi ze Scleranthus perennis L. i Hottonia palustris L.</i> Ewa Sajnaga, Monika E. Jach, Agnieszka Kalwasińska, Adrian Wiater, Michał Tomeczyk, Katarzyna Jakimiuk, Jakub Strawa, Agnieszka Rokita, Aneta Ptaszyńska	115
<i>Analiza zmian mikrobioty jelitowej myszy polnej, Apodemus agrarius, w zależności od stopnia zurbanizowania środowiska</i> Ewa Sajnaga, Rafał Łopucki, Agnieszka Kalwasińska, Ignacy Kitowski, Daniel Klich	116

<i>Potencjał stosowania pofermentu, kompostu, toryfikatu do regeneracji gleb – Projekt Lider XII, INNO-MIK</i>	
Sylwia Siebielec, Małgorzata Woźniak, Aleksandra Ukalska-Jaruga, Andrzej Lewicki, Jakub Pulka, Szymon Szufa, Piotr Piersa, Łukasz Adrian, Grzegorz Siebielec	117
<i>Głębokość czy rodzaj uprawy? Co ma większy wpływ na różnorodność mikrobiomów bakteryjnych i grzybowych w glebie?</i>	
Dominika Siegieda, Jacek Panek, Václav Boguzas, Zita Kriaučiūnienė, Jerzy Weber, Magdalena Frąc	118
<i>Struktura społeczności grzybów terenów porośniętych przez mchy na płonącej haldzie pogórnicyj</i>	
Karolina Solska, Mariusz Wierzgoń, Zofia Piotrowska-Seget, Piotr Siupka	119
<i>Analiza metataksonomiczna wody na etapach produkcji sztucznego śniegu w stacjach narciarskich</i>	
Klaudia Stankiewicz, Justyna Prajsnar, Anna Lenart-Boroń	120
<i>Ocena wpływu wybranych nawozów naturalnych i sztucznych na mikroflorę bakteryjną gleby</i>	
Marcin Sysa, Agnieszka Godela, Robert Biczak	121
<i>Mikrobiom bakterii w zamierających dębach na terenie Płyty Krotoszyńskiej</i>	
Miłosz Tkaczyk, Katarzyna Sikora	122
<i>Skład mikrobiomu tkanek okółowierzchołkowych zęba leczonego endodontycznie z zapoczątkowanym procesem ropnym</i>	
Anna Turska-Szewczuk, Dorota Samborska, Katarzyna Dworaczek	123
<i>Identyfikacja specyficznych czynników regulujących aktywność mikroorganizmów w glebach rolniczych i leśnych</i>	
Anna Walkiewicz, Adrianna Rafalska, Adam Kubaczyński, Piotr Bulak	124
<i>Różnorodność mikroorganizmów w znamionach słupka w kwiatach zagrożonego holopasożyta Phelipanche arenaria (Orobanchaceae)</i>	
Karolina Wiśniewska, Sebastian Wojciech Przemieniecki, Magdalena Błaszak, Sylwia Dagmara Czarnomska, Ireneusz Ochmian, Renata Piwowarczyk	125
<i>Mortierella – metagenomiczny indykator redukcji nawożenia azotowego w glebach monokulturowych spod uprawy kukurydzy</i>	
Agnieszka Wolińska, Anna Kruczyńska, Agnieszka Kuźniar, Sara Jurczyk, Anna Sochaczewska, Andrzej Słomczewski, Jacek Podlewski	126
<i>Wpływ nośników w postaci krzemionki i ligniny na różnorodność mikrobiomu bakteryjnego oraz wydajność fermentacji metanowej</i>	
Agnieszka Wolna-Maruwka, Agnieszka A. Pilarska, Alicja Niewiadomska, Jarosław Grządziel, Adrianna Kubiak, Katarzyna Panasiewicz	127
<i>Izolacja i molekularna identyfikacja ryzobakterii – potencjalnych komponentów biopreparatów</i>	
Małgorzata Woźniak, Sylwia Siebielec, Grzegorz Siebielec	128
<i>Odkryj tajemnice mikrobiomów glebowych: czy rośliny bobowate selektywnie filtrują nierizobiowe endofity (NRE) zasiedlające ich brodawki korzeniowe?</i>	
Magdalena Wójcik, Kamil Żebracki, Piotr Koper, Małgorzata Marczak, Andrzej Mazur	129
<i>Odpowiedź mikrobiomu gleby na indywidualną i połączoną toksyczność bisfenolu A i cynku</i>	
Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski	130
<i>Charakterystyka molekularna Enterococcus faecium izolowanych ze stad indyków w Polsce</i>	
Magdalena Zając, Magdalena Skarzyńska, Anna Lalak, Renata Kwit, Ewelina Skrzypiec, Emilia Mikos-Wojewoda, Jowita Niczyporuk, Dariusz Wasyl	131

<p><i>Analiza genomowa i pokrewieństwo filogenetyczne izolatów Klebsiella variicola uzyskanych z próbek od ptaków dzikich</i></p> <p>Magdalena Zając, Aleksandra Śmiałowska-Węglińska, Anna Lalak, Magdalena Skarżyńska, Renata Kwit, Ewelina Skrzypiec, Emilia Mikos-Wojewoda, Dominika Pastuszka, Dariusz Wasyl</p>	132
<p><i>Analiza porównawcza genów odpowiedzialnych za biosyntezę lipopolisacharydów u bakterii z rodzaju Brucella, symbiontów roślin bobowatych</i></p> <p>Katarzyna Zamłyńska, Kamil Żebracki, Iwona Komaniecka, Adam Choma</p>	133
<p><i>Potencjał biologiczny grzybów z rodzaju Trichoderma na podstawie analizy funkcjonalnej genów wybranych izolatów</i></p> <p>Klaudia Zawadzka, Karolina Oszust, Jacek Panek, Agata Gryta, Michał Pylak, Magdalena Frąc</p>	134

REFERATY PLENARNE

Burzliwe dzieje gruszek na wierzbie. Łysenkizm

Wiesław Barabasz¹, Anna Pikulicka²

¹Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Przemysłu

²Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Jarosławiu

Destruktywny i niekorzystny okres dla nauk przyrodniczych i rolniczych w ZSRR w latach 30.-50. XX w. umownie nazywany jest łysenkizmem. W tym czasie niemalże wszechwładną władzę decyzyjną w zakresie nauki miał Trofim Łysenko, absolwent studiów zaocznych w Kijowskim Instytucie Rolniczym. Wsławił się głupimi rozwiązaniami w rolnictwie, które doprowadziły do katastrofalnego spadku plonów. Znane są jego słowa na Zjeździe KPZR „gienów niet”. Łysenkizm, biorący swoją nazwę od szalonego hochszaplera Trofima Łysenki, negował rolę genów w dziedziczeniu, głosił dziedziczenie cech nabytych zewnątrz, zmianę przynależności gatunkowej osobnika pod wpływem zewnętrznego warunkowania, samodzielne i współczesne powstawanie różnych gatunków roślin i zwierząt z martwej materii nieorganicznej. Idee tego ignorant a i brednie łysenkizmu stały się nakazem komunistycznych władz i zastąpiły w szkołach ZSRR oraz w krajach demokracji ludowej normalną naukę. Wprowadzono je jako obowiązujące, przyczyniając się do zaprzestania badań nad genetyką. Szalone pomysły Łysenki i jego wpływy przyczyniły się do śmierci wybitnych genetyków rosyjskich, takich jak: Wawilow, Lisycyn i Konstantinow. Łysenkizm w Polsce propagowany był podczas specjalnych konferencji. Pierwsza odbyła się w Kuźnicach, kolejne w Dziwnowie i Kortowie. Era łysenkizmu skończyła się w Polsce w 1956 roku. Genetyka została przywrócona do nauczania w szkołach i na uniwersytetach od początku roku 1957/1958.

The turbulent history of pears on willow. Lysenkism

The destructive and unfavorable period for natural and agricultural sciences in the USSR in the 1930s-50s is conventionally called Lysenkoism. At that time, Trofim Lysenko, a graduate of part-time studies at the Kiev Agricultural Institute, had almost all-powerful decision-making power in the field of science. He became famous for stupid solutions in agriculture that led to a catastrophic decline in crop yields. His words at the Congress of the Communist Party of the Soviet Union are well-known: “gienov niet”. Lysenkoism, taking its name from the crazy trickster Trofim Lysenko, denied the role of genes in inheritance, proclaimed the inheritance of externally acquired traits, the change of an individual’s species affiliation under the influence of external conditioning, and the independent and contemporary emergence of various species of plants and animals from dead inorganic matter. The ideas of this ignorant man and the nonsense of Lysenkoism became an order of the communist authorities and replaced normal education in schools in the USSR and in the countries of people’s democracy. They were introduced as mandatory, contributing to the cessation of genetic research. Lysenko’s crazy ideas and his influence contributed to the death of outstanding Russian geneticists such as Vavilov, Lisycyn, and Konstantinow. Lysenkoism in Poland was promoted during special conferences. The first one took place in Kuźnice, others in Dziwnów and Kortowo. The era of Lysenkoism ended in Poland in 1956. Genetics was reintroduced to teaching in schools and universities from the beginning of 1957/1958.

Biomonitoring i bioprospekcja środowisk ekstremalnych

Łukasz Dziewit

Zakład Mikrobiologii i Biotechnologii Środowiskowej, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii,
Uniwersytet Warszawski

Badania mikrobiomów Arktyki i Antarktyki umożliwiają zrozumienie wzajemnych zależności ekologicznych, potencjału metabolicznego i biotechnologicznego oraz mechanizmów adaptacji bakterii. Jest to również dobry punkt wyjścia do badań eko-epidemiologicznych (w tym biomonitoringu) i bioprospekcji (w tym identyfikacji szczepów bakteryjnych, enzymów i metabolitów na potrzeby różnych biotechnologii).

Przeprowadziliśmy analizę metagenomiczną oraz funkcjonalną i wykazaliśmy, że: (i) geny oporności na antybiotyki są powszechne nie tylko w środowiskach ukształtowanych antropogenicznie, ale także w pierwotnych; (ii) geny oporności na antybiotyki bakterii arktycznych są aktywne w różnych gospodarzach bakteryjnych oraz (iii) specyficzne geny bakterii arktycznych/antarktycznych można identyfikować na podstawie ich aktywności w *Escherichia coli* za pomocą fosmidów.

Prowadzone prace mają także wymiar metodologiczny, gdyż opracowano kilka nowatorskich narzędzi z zakresu mikrobiologii środowiskowej, w tym: (i) dwie bazy danych starterów PCR do wykrywania genów oporności na antybiotyki i metale (LCPDb-ARG i LCPDb-MET; <http://lcpdb.ddlemb.com/>) oraz (ii) nowatorskie algorytmy bioprospekcji opartej na (meta)genomie, zwiększające szanse identyfikacji pożądaných szczepów bakteryjnych oraz enzymów/metabolitów wtórnych.

Badania zrealizowane ze środków grantu GRIEG1: UMO-2019/34/H/NZ2/00584.

Biomonitoring and bioprospecting of extreme environments

Investigations of Arctic and Antarctic microbiomes enable understanding of ecological interplays, metabolic and biotechnological potential and mechanisms of bacterial adaptation. This is also a good starting point for the eco-epidemiological assessments (including biomonitoring), and bioprospecting (including identification of bacterial strains, enzymes and metabolites suitable for various biotechnologies).

We performed a metagenomic and functional analyses and revealed that: (i) antibiotic resistance genes are common not only in anthropogenically-shaped environments but also in pristine ones; (ii) antibiotic resistance genes from Arctic bacteria are active in various bacterial hosts and (iii) specific genes of Arctic/Antarctic bacteria may be tracked for their activity using the *Escherichia coli*-hosted fosmids.

Our works have also methodological impact, since several novel tools for environmental microbiology have been developed, including: (i) two databases of PCR primers for the detection of antibiotic and metal resistance genes (LCPDb-ARG and LCPDb-MET; <http://lcpdb.ddlemb.com/>) and (ii) novel pipelines for the (meta)genome-based bioprospecting increasing the chances of identification of desired bacterial strains and enzymes/secondary metabolites.

The study was supported by the GRIEG1 grant: UMO-2019/34/H/NZ2/00584.

Spektrometria mas w metabolomice, proteomice i w badaniach mikrobiomu

Emilia Fornal

Zakład Bioanalitiky, Uniwersytet Medyczny w Lublinie, ul. Jaczewskiego 8b, 20-090 Lublin

Chromatografia cieczowa sprzężona ze spektrometrią mas (LC/MS) oraz techniki omiczne są obecnie powszechnie wykorzystywane w wielu obszarach badań medycznych, w badaniach nad żywnością i żywieniem oraz w badaniach biomedycznych skupiających się na kompleksowym opisywaniu mechanizmów patologicznych i poszukiwaniu nowych biomarkerów dla chorób. Znajdują one także zastosowanie w identyfikacji związków bioaktywnych i mechanizmów ich działania oraz w kontroli składu i oceny jakości żywności. Są obiecującymi narzędziami analitycznymi m.in. dla rozwoju medycyny spersonalizowanej, modeli predykcyjnych dla progresji chorób, modeli wspomagających wybór terapii leczniczej lub żywieniowej, nowych metod diagnostycznych oraz nowych metod kontroli jakości żywności, wykrywania zafałszowań i potwierdzania autentyczności żywności. Do oznaczenia analitów w badaniach omicznych najczęściej stosuje się chromatografię cieczową sprzężoną ze spektrometrią mas ze względu na jej wysoką czułość, specyficzność, selektywność, przepustowość, zdolność do jednoczesnego oznaczania tysięcy związków należących do różnych grup chemicznych.

W trakcie wykładu omówione zostaną techniki LC/MS oraz omiczne stosowane w badaniach nad bioaktywnymi składnikami żywności, mikrobiomem, poszukiwaniach markerów chorób oraz markerów autetyczności składników żywności. Przedstawione zostaną przykłady badań ukierunkowanych na opracowanie nowych metod do badania jakości i bezpieczeństwa żywności, założenia dla żywienia i medycyny spersonalizowanej, ograniczenia technik omicznych oraz przyszłe trendy.

Podziękowania: Badania w części sfinansowano z projektu Narodowego Centrum Badań i Rozwoju TANGO-IV-C/0003/2019-00 oraz DS670.

Mass spectrometry in metabolomics, proteomics and microbiome study

Liquid chromatography coupled with mass spectrometry (LC/MS) and omics techniques are widely utilized in various fields of medical and food research. Rapidly advancing techniques such as metabolomics, proteomics, and lipidomics focus on comprehensively describing pathological mechanisms and discovering new disease biomarkers. These methods are also applied in identifying bioactive compounds, elucidating their mechanisms of action, and controlling food composition and quality. The ability to simultaneously quantify thousands of compounds in samples makes omics promising analytical tools for the development of personalized medicine, predictive models for disease progression, therapeutic or nutritional decision support models, new diagnostic methods, and novel food quality control methods, including fraud detection and authenticity verification. LC/MS is the preferred method for detecting analytes in omics studies due to its high sensitivity, specificity, selectivity, throughput, and capacity to simultaneously quantify thousands of compounds across various chemical groups. The lecture will discuss LC/MS and omics techniques used in research on bioactive food components, microbiomes, disease marker discovery, and food authenticity markers. Examples of studies aimed at developing new methods for assessing food quality and safety, personalized nutrition and medicine frameworks, limitations of omics techniques, and future trends will be presented.

Tajemnice genomu i metagenomu człowieka

Adam Jaworski

Uniwersytet Łódzki

W niedzielę 12 lutego 2001 roku miałem ogromną przyjemność oglądać na ogromnych tabletach w Texas AM University konferencję prasową Prezydenta USA Billa Clintona, który obwieścił światu ukończenie pierwszej szeroko zakrojonej analizy genomu ludzkiego, której dokonały rywalizujące ze sobą dwie organizacje, Celera Genomics i finansowany ze środków publicznych projekt Human Genom Project. Pierwszym kierował Craig Venter, a drugim Francis Collins. Amerykański Prezydent z przejęciem mówił „Dzisiaj poznaliśmy język, w którym Bóg stworzył życie. Wyposażona w tę rzetelną wiedzę ludzkość ma na wyciągnięcie ręki nową, wspaniałą moc uzdrawiania”. Francis Collins oświadczył: „Czuję, że jest to historyczna chwila i najważniejsza z naukowych inicjatyw, jakie ludzkość kiedykolwiek podjęła. Na zawsze zmieni oblicze biologii”. Gremium uczonych, polityków entuzjastycznie proklamowało nadejście nowej epoki. Redaktor działu naukowego „The Daily Telegraph” Roger Highfield napisał, że „Naukowi rywale (Craig i Collins) otworzyli Księgę Życia”.

W kolejnych tygodniach i miesiącach 1991 roku wielu specjalistów uznało, po szczegółowej analizie wyników opublikowanych w „Science” i „Nature”, że na wielki entuzjazm jest jeszcze za wcześnie. Genom ludzki, na tle znanych genomów drobnoustrojów i zwierząt, w tym ssaków, nie wyróżnia się „czymś” szczególnie ważnym i charakterystycznym, zarówno w sekwencji nukleotydowej, jak i strukturze DNA. Zrozumiano, że ani rozmiar genomu, ani liczba genów, a nawet rodzaj genów, nie czyni nas ludźmi. Frustrującym było odkrycie, że w części kodującej białka znajduje się nie więcej niż około 35 tys. genów, a cała część kodująca zajmuje w genomie nie więcej niż 1.5–2%. Trudno było się zgodzić, że 98% sekwencji nukleotydowej genomu stanowią różne sekwencje niekodujące, nazwane wcześniej przez Francisca Cricka „junk DNA”.

Te zaskakujące wyniki zmobilizowały 400 uczonych, genetyków z całego z całego świata do podjęcia ogromnego Projektu „Encyklopedia Kodujących Elementów DNA Genomu (DNA Human Genom Encode Project).” W ramach tego projektu zbadano aktywność transkrypcyjną w 147 rodzajach komórek z różnych tkanek i narządów człowieka. Zmapowano aktywność transkrypcyjną regionów RNA, regionów DNA kodujących białka, czynniki transkrypcyjne, regiony genomu wiążące białka. Zmapowano także strukturę chromatyny oraz regiony i miejsca metylacji genomowego DNA. Konsorcjum ENCODE opublikowało w 2012 roku wyniki, które jednoznacznie dowiodły, że pojęcie śmieciowego DNA musimy usunąć ze słownika naukowego. W genomie człowieka nie ma śmieciowego DNA i RNA. Cały ludzki genom jest aktywny, spełniając różnorodne funkcje, na różnych etapach rozwoju i życia komórek, narządów oraz całego organizmu.

W czasie wykładu przedstawię przykłady odkrytych w ostatnich kilkunastu latach zaskakujących, bardzo złożonych systemów regulacji, synchronizacji aktywności i funkcji całego genomu ludzkiego, które funkcjonują na poziomie genomu i epigenomu człowieka. Nessa Carrey w pięknej książce pt. *The Epigenetics Revolution* wydanej w 2012 roku napisała „DNA jest jak scenariusz, ale w zależności od reżysera, aktorów i ich zamysłów, nawet identyczny scenariusz może być bardzo różnie realizowany”. Nie ma dziś wątpliwości, że system epigenetyczny kształtuje to, w jaki sposób informacja genetycznego „osprzętu” zawarta w zapisie DNA genomu jest wykorzystywana. System tej fenomenalnej regulacji przypomina bardzo czułe, stale zmieniające się oprogramowanie, zawiadujące pracą genetycznego osprzętu. Zatem wirtuozem naszych genów jest więc epigenetyka.

Ś.P. Profesor Waław Szybalski w rozmowie z Papieżem Janem Pawłem II stwierdził, że Dusza człowieka znajduje się w jego genomie. Zadaje sobie pytanie, czy niezwykle czułe i stale zmieniające się, genialne, spersonalizowane, epigenetyczne oprogramowanie genetycznego „osprzętu” każdego człowieka jest jego Duszą? Człowiek umiera, jego dusza gdzieś umyka, a ciało podlega przemianie w cząstki i atomy materii, bo z prochu powstało i w proch się zamienia.

Możliwości niekonwencjonalnego zastosowania grzybów entomopatogennych

Sylwia Różalska

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

Grzyby entomopatogenne to mikroorganizmy glebowe zdolne do infekowania i uśmiercania stawonogów. Drobnoustroje te stosuje się na coraz większą skalę jako biopreparaty ze względu na stopniowe wprowadzanie ograniczeń w stosowaniu syntetycznych środków owadobójczych. Jednak potencjał aplikacyjny tej grupy drobnoustrojów wydaje się być znacznie szerszy. Przeprowadzone badania naukowe wskazują, że grzyby entomopatogenne są zdolne do usuwania toksycznych zanieczyszczeń, w tym alkilofenoli, związków cynoorganicznych, syntetycznych estrogenów, pestycydów, węglowodorów, jak również przeprowadzają biokonwersję mykotoksyn czy steroidów. Kolejną interesującą cechą tych grzybów jest zdolność do syntezy nanocząstek metali. Wyniki przeprowadzonych badań wskazują, że grzyby entomopatogenne posiadają ogromny potencjał i mogą być wykorzystywane nie tylko jako biopestycydy, ale także w procesach syntezy i biodegradacji.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu OPUS (2016/23/B/NZ9/00840).

Potential of entomopathogenic fungi for unconventional applications

Entomopathogenic fungi are soil microorganisms that infect and kill arthropods. These microorganisms are increasingly being used as bioinsecticides due to the introduction of restrictions on the use of synthetic insecticides. However, the potential applications of this group of microorganisms appear to be much broader. According to numerous studies, entomopathogenic fungi can eliminate hazardous substances such as alkylphenols, organotin compounds, synthetic estrogens, pesticides, hydrocarbons, and bioconvert mycotoxins or steroids. Another interesting feature of these fungi is that they have the ability to synthesize metal nanoparticles. The results of our studies indicate that entomopathogenic fungi have great potential and can be used not only as biopesticides but also in synthesis and biodegradation processes.

Research funded by the National Science Centre under the OPUS project (2016/23/B/NZ9/00840).

Metabiom osadnika ścieków laboratoryjnych IBB PAN

Urszula Zielenkiewicz

Pracownia Środowiskowej i Ewolucyjnej Biologii Systemów, Instytut Biochemii i Biofizyki
Polskiej Akademii Nauk

Ścieki laboratoryjne instytucji doświadczalnych zawierają duże ilości niebezpiecznych dla środowiska zanieczyszczeń. Przed odprowadzeniem do publicznej sieci kanalizacyjnej muszą być poddane wstępnemu oczyszczaniu w specjalnych osadnikach.

Przedstawię wielowątkowe badania biologiczne metabolizmu ścieków osadnika IBB. Zbadano mikroskopową strukturę biofilmów pokrywających złożę filtrujące, oceniono ich potencjał metaboliczny, przeprowadzono dogłębne analizy metagenomiczne, a także izolowano hodowalne szczepy bakterii. Większość zidentyfikowanych szczepów należy do typu Pseudomonadota lub Bacillota. Szczepy testowano względem oporności na powszechnie stosowane antybiotyki. Wszystkie izolaty były odporne na polimiksynę B i kwas nalidyksowy oraz niskie stężenia kanamycyny, streptomycyny, spektynomycyny, azytromycyny i ciprofloksacyny, a trzynaście na wszystkie testowane antybiotyki.

Sekwencjonowanie metagenomowe wykonano równoległe technikami Illumina i Oxford Nanopore (GridION). Z połączonych danych złożono 218 genomów mikroorganizmów osadnika. W metagenomach wykryto 565 sekwencji 27 klas ARG (Antibiotic Resistance Genes), 130 sekwencji genów oporności na metale oraz 113 genów niespecyficznych pomp błonowych. Przeważały geny oporności na związki z klas aminoglikozydów i betalaktamów i makrolidów. Technika qPCR analizowano ilościowo częstość występowania w metabiome pięciu genów oporności (Cq ARG/Cq 16SrDNA).

Pomiar stężenia wybranych metali w ściekach doprowadzanych i odprowadzanych z osadnika, pokazał znaczący potencjał mikrobiomu złoża filtrującego do ich usuwania.

IBB PAS Laboratory sewage sedimentation tank metabiome

Laboratory wastewater from experimental institutions contains large amounts of environmentally hazardous pollutants. Before being discharged into the public sewage system, they must be pre-treated in special settling tanks.

I will present multi-threaded biological studies of the sewage metabiome of the IBB settler. The microscopic structure of biofilms covering the filter bed was examined and their metabolic potential was assessed; in-depth metagenomic analyzes were performed, and cultivable bacterial strains were isolated. Most of those identified belong to the phylum Pseudomonadota or Bacillota. Strains were tested for resistance to commonly used antibiotics. All isolates were resistant to polymyxin B, nalidixic acid, low concentrations of streptomycin, spectinomycin, azithromycin, ciprofloxacin and kanamycin, and thirteen were resistant to all antibiotics tested. Metagenomic sequencing was performed in parallel using Illumina and Oxford Nanopore (GridION) techniques. From the combined data, 218 microbial genomes were assembled, and 565 sequences of 27 classes of ARGs (Antibiotic Resistance Genes), 130 metal resistance gene and 113 non-specific efflux pump genes were detected. The most abundant genes were resistance to compounds from the classes of aminoglycosides, beta-lactams and macrolides. Quantitative frequency analysis of five resistance genes in the metabiome was carried out using qPCR (Cq ARG/Cq 16SrDNA).

Measurement of the concentration of metals in sewage supplied to and discharged from the settling tank showed a significant potential of the drainage microbiome for their removal.

REFERATY

Endosfera pszenicy zwyczajnej bogatym rezerwuarem grzybów znanych z różnego trybu życia

Lidia Błaszczyk, Sylwia Salamon, Dariusz Kruszka, Polina Havrysh, Piotr Banachewicz

Institut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 23, 60-479 Poznań

Pszenica jest kluczowym źródłem pożywienia dla ludzi. Znajomość endofitów grzybowych i zrozumienie ich złożonych interakcji z żywicielem może prowadzić do identyfikacji mikroorganizmów, które można wykorzystać do poprawy plonowania i odporności roślin pszenicy na stropy biotyczne i abiotyczne, co było celem naszych badań. Stosując metody niezależne i zależne od kultury, zidentyfikowaliśmy znaczną liczbę współwystępujących grzybów endogennych reprezentujących różne style życia. W sumie uzyskano 220 operacyjnych jednostek taksonomicznych i 726 endogennych izolatów grzybów z 10 odmian, 2 form, 4 organów pszenicy i 3 warunków wzrostu. Aby zrozumieć funkcje grzybów endogennych, u roślin traktowanych tymi grzybami zmierzono parametry anatomiczne i morfofizjologiczne oraz wygenerowano profile transkrypcji, proteomu i metabolomu. Stwierdzono, że zbiorowiska grzybów występujące w endosferze różnią się w zależności od genotypu i organów żywiciela. Na mykobiom wpływa także sezonowość pszenicy determinowana dodatkowo różnymi warunkami środowiskowymi i czynnikami rolniczymi. Zaobserwowaliśmy również, że mykobiom związany z endosferą odgrywa ważną rolę w regulacji fenotypu roślin.

Badania były wspierane przez NCN, projekt nr 2017/27/B/NZ9/01591, 2022/47/B/NZ9/01282.

The endosphere of common wheat is a rich reservoir of fungi known from various lifestyles

Wheat continues to be a key food source for humans. Knowledge of fungal endophytes and understanding their complex interactions with the host can lead to the identification of microorganisms that can be used to improve the yield and resistance of wheat plants to biotic and abiotic stresses, which was the goal of our study. Using culture-independent and culture-dependent methods, we identified a significant number of co-occurring endogenous fungi representing different lifestyles. A total of 220 operational fungal taxonomic units and 726 endogenous fungal isolates were obtained from 10 cultivars, 2 forms, 4 wheat organs, and three growth conditions. To understand the functions of endogenous fungi, anatomical and morphophysiological parameters of wheat plants were measured and transcription, proteome and metabolome profiles were generated. It was concluded that fungal communities occurring in the endosphere vary depending on the genotype and host organs. The mycobiome is also influenced by the seasonality of wheat, additionally determined by various environmental conditions and agricultural factors. We also observed that the endosphere-associated mycobiome plays an important role in regulating the phenotype of wheat.

The research was supported by the NSC, project no 2017/27/B/NZ9/01591, 2022/47/B/NZ9/01282.

Bakteriobiom zakładu produkcji opakowań do żywności

Maria J. Chmiel¹, Michał Szalonek²

¹Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie

²Bag-in-Box Polska, sp. z o.o., Zator

Bakteriologiczne zanieczyszczenie opakowań może stanowić istotny problem związany z bezpieczeństwem żywności w nich przechowywanej. Kwestia ta dotyczy nie tylko ryzyka zdrowotnego dla konsumentów, ale także potencjalnych strat ekonomicznych. W interesie producenta ważne jest wytworzenie opakowań aseptycznych, co przy produkcji poza „clean-room” jest praktycznie niemożliwe.

W ramach przeprowadzonych badań wykonano analizy ilościowe i jakościowe składu populacji bakterii w zakładzie produkującym opakowania typu bag-in-box. Z wykorzystaniem techniki NGS oznaczono bakterie w powietrzu hal produkcyjnych, gotowych opakowaniach oraz detalach wtryskowych (zawory, kołnierze).

Wśród zidentyfikowanych bakterii dominowały *Bacillus* (21,8%), *Escherichia-Shigella* (22,2%), *Pediococcus* (15,6%), *Staphylococcus* (13,13%), *Acinetobacter* (8,4%), *Micrococcus* (5,6%), *Masilla* (3,6%), *Alcaligenes* (2%) i *Comamonas* (0,9%), inne stanowiły łącznie zaledwie 8,8% spośród 767 oznaczonych sekwencji zaliczonych do 289 rodzajów.

Stwierdzono, że dla końcowej jakości opakowań kluczowe jest zanieczyszczenie mykologiczne detali wtryskowych – które może mieć bezpośredni wpływ na zanieczyszczenie wewnętrznej powierzchni worków. W rzeczywistości wewnątrz worków może być jedynie sporadycznie zanieczyszczone, jednak skażenie detali składających się na korki może decydować o całkowitym zanieczyszczeniu.

Bacteriobiome of a food packaging production plant

Bacteriological contamination of packaging may constitute a significant problem related to the safety of food stored in it. This issue concerns not only the health risk for consumers, but also potential economic losses. In the manufacturer's interest, it is important to produce aseptic packaging, which is practically impossible when producing outside a clean room.

As part of the research, quantitative and qualitative analyzes of the composition of the bacteria population were performed in a plant producing bag-in-box packaging. Using the NGS technique, bacteria were determined in the air of production halls, ready-made packaging and injection details (valves, flanges).

The dominant bacteria identified were *Bacillus* (21,8%), *Escherichia-Shigella* (22,2%), *Pediococcus* (15,6%), *Staphylococcus* (13,13%), *Acinetobacter* (8,4%), *Micrococcus* (5,6%), *Masilla* (3,6%), *Alcaligenes* (2%) i *Comamonas* (0,9%), others constituted a total of only 8,8% of the 767 determined sequences classified into 289 genera.

It was found that bacteriological contamination of injection parts is crucial for the final quality of packaging – which may have a direct impact on the contamination of the inner surface of the bags. In reality, the inside of the bags may only be occasionally contaminated, but the contamination of the details that make up the plugs may determine complete contamination.

Jak dopasować metodę NGS do rodzaju próbki metagenomicznej, pytania badawczego i... zmieścić się w budżecie

Jarosław Kosakowski

Genomed SA

Podczas planowania eksperymentu metagenomicznego badacze stają przed wieloma dylematami. Czy sekwencjonować całkowity materiał genetyczny w podejściu typu shotgun, czy jednak spojrzeć przez węższe, ale bardziej precyzyjne okno badawcze i zastosować metodę amplikonową? Aby poznać potencjał genetyczny i metaboliczny danego środowiska, wybieramy pełną metagenomikę typu shotgun. Jeśli celem jest identyfikacja taksonomiczna, sięgamy po metagenomikę amplikonową (metabarkoding). Wybór tego ostatniego nie oznacza końca rozterek. Obok złotego standardu, jakim jest metabarkoding wybranych regionów hiperzmiennych 16S/18S/ITS, serwisy NGS oferują sekwencjonowanie tych genów w całości w technologii długich odczytów Oxford Nanopore lub PacBio. Analiza z użyciem szerszego okna kusi poprawą rozdzielczości metody i wyższym udziałem odczytów przypisanych do gatunku. Z drugiej strony, porzucenie złotego standardu (np. metabarkodingu regionu V3-V4 16S) przerywa metodyczną spójność ze wcześniejszymi badaniami i możliwość zestawienia z wynikami innych autorów. Pozostając przy ugruntowanej metodzie opartej na krótkich odczytach, stajemy jeszcze przed wyborem platformy: MiSeq w trybie 2x300nt czy może NovaSeq w trybie 2x250nt? I która z tych opcji będzie bardziej odpowiednia do planowanej liczby próbek i budżetu projektu? W obliczu tych wszystkich dylematów nieocenioną pomoc i właściwe porady można otrzymać od doświadczonego dostawcy usług NGS.

How to match the NGS method to the type of metagenomic sample, research question and... fit within the budget

When planning a metagenomic experiment, researchers face many dilemmas. Should we sequence the total genetic material in a shotgun approach or look through a narrower but more precise window and use an amplicon method? For the analysis of genetic and metabolic potential of a given environment we choose full shotgun metagenomics. If the goal is taxonomic identification, we use amplicon metagenomics (metabarcoding). Choosing the latter does not mean the end of dilemmas. Today's NGS services, in addition to the gold standard that is metabarcoding of selected 16S/18S/ITS hypervariable regions, offer sequencing of these genes in their entirety using Oxford Nanopore or PacBio long-read technology. Analysis using a wider window tempts with improved method resolution and a higher proportion of reads assigned to species level. On the other hand, abandoning the gold standard (e.g., metabarcoding of the V3-V4 16S region) may interrupt methodological consistency with previous studies and the ability to compare with the results from other authors. Staying with the well-established method based on short reads, we are still faced with the choice of platform: MiSeq in 2x300nt mode or NovaSeq in 2x250nt mode? And which of these options will be more suitable for the project size and budget? Faced with all these dilemmas, valuable help and proper advice can be obtained from an experienced NGS provider.

Charakterystyka metagenomu bakterii *Legionella* w próbach wody z obiektów użyteczności publicznej

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

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

Bakterie *Legionella*, czynnik etiologiczny choroby legionistów, stwarzają zagrożenie dla zdrowia publicznego, szczególnie po przedostaniu się do miejskich sieci wodociągowych i innych sztucznych systemów wodnych. Czynnikiem mogącym wpływać na poziom wirulencji bakterii *Legionella* jest flora towarzysząca. W celu jej zbadania poddano sekwencjonowaniu metagenomemu DNA wyizolowane z materiału biologicznego pochodzącego z filtrowania próbek wody z pozytywnym wynikiem na obecność bakterii *Legionella* spp., koncentrując się na identyfikacji flory towarzyszącej *Legionella* i potencjalnych zdarzeniach horyzontalnego transferu genów (HGT). Próbki wody były pobierane z budynków użyteczności publicznej i przebadane na obecność bakterii *Legionella* spp. zgodnie z normą ISO11731.

Analiza danych wykazała bioróżnorodność flory bakteryjnej towarzyszącej *Legionella*. Stwierdzono potencjalne zdarzenia rekombinacyjne i HGT w badanej populacji bakterii. Badania poszerzają zrozumienie ekologii drobnoustrojów kształtujących potencjał genetyczny *Legionella* w systemach wodnych. Podkreślają również znaczenie monitorowania tego typu interakcji, które mogą wpływać na poziom zagrożenie związane z obecnością bakterii *Legionella*.

Badania sfinansowano ze środków projektu NCN Sonata nr 2022/47/D/NZ8/00258.

Characterisation of the *Legionella* metagenome in water samples from public facilities

Legionella, the causative agent of Legionnaires' disease, poses a substantial public health risk through its presence in water systems. This study uses whole metagenome sequencing of microbial material from water sampling filters to explore biodiversity and interactions within *Legionella* accompanying flora.

Environmental water samples were collected and processed in accordance with ISO11731. DNA was extracted from filter microbial material and subjected to metagenomic sequencing. This approach was designed to uncover the broader microbial dynamics, focusing on identifying *Legionella* accompanying flora and potential HGT events that could confer adaptive advantages to *Legionella*.

The analysis revealed a complex microbial community with potential reciprocal interactions. Metagenomic results indicated the presence of multiple *Legionella* spp., alongside evidence of genetic exchange, suggesting a rich backdrop of recombination and horizontal gene transfer.

The research deepens our understanding of the microbial ecology that shapes *Legionella*'s presence in water systems, highlighting the importance of monitoring microbial interactions that could impact the control and mitigation strategies for *Legionella* in public health frameworks.

Endofityczny i ryzosferowy mikrobiom hodowalny fitostabilizatora (*Trifolium repens*) oraz hiperakumulatorów cynku (*Cardaminopsis halleri* i *C. arenosa*) hałd galmanowych południowej Polski

Ewa Oleńska¹, Wanda Małek², Małgorzata Wójcik², Sebastian Szopa³, Izabela Swiecicka¹,
Olgiard Aleksandrowicz¹, Tadeusz Włostowski¹, Weronika Zawadzka¹,
Wouter M.A. Sillen⁴, Jaco Vangronsveld^{2,4}, Iva Cholakova⁴, Tori Langill⁴, Sofie Thijs⁴

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

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

³SHIM-POL A.M. Borzymowski Sp.J., Izabelin

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

„Stare” hałdy Zn-Pb-Cd w południowej Polsce są „naturalnymi laboratoriami” w badaniach adaptacji roślin i zasocjowanych z nimi mikroorganizmów do metali. Metalofityczne rośliny zdolne do akumulowania wysokich stężeń metali w korzeniach (fitostabilizatory) oraz w górnej części pędu (fitoekstraktory czy hiperakumulatory) mogą zostać wykorzystane w bioremediacji. Celem badań jest ustalenie poziomu bioróżnorodności oraz cech promowania wzrostu roślin endofitycznego i ryzosferowego mikrobiomu koniczyny białej oraz *Cardaminopsis* (dawniej *Arabidopsis*) *halleri* i *C. arenosa* z trzech, około 100-letnich hałd galmanowych.

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

Endophytic and rhizospheric cultivable microbiome of phytostabilizer (*Trifolium repens*) as well as zinc hyperaccumulators (*Cardaminopsis halleri* and *C. arenosa*) from southern Poland calamine waste heaps

„Old” Zn-Pb-Cd waste heaps in southern Poland are “natural laboratories” for researches on adaptations of plants’ and associated microorganisms’ metal adaptations. Metalophytic plants able to above-normative metal accumulation in roots (phytostabilizers) or in shoots (phytoextractors or hyperaccumulators) can be used in bioremediation. The purpose of present study is to determine the biodiversity as well as plant growth promotion traits of endophytic and rhizospheric microbiome of white clover and *Cardaminopsis* (formerly *Arabidopsis*) *halleri* and *C. arenosa* growing on three, c. 100-yr old calamine waste heaps.

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

Potencjał wspomaganej fitoremediacji do oczyszczania gleby ko-zanieczyszczonej – wnioski z analizy metatranskryptomycznej

Magdalena Pacwa-Płociniczak, Daria Chlebek, Aleksandra Borkowska,
Julia Borówka, Tomasz Płociniczak

Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach

Wykorzystując analizę metatranskryptomyczną, badano globalną ekspresję bakteryjnych genów w glebie ko-zanieczyszczonej podczas wspomaganej fitoremediacji z wykorzystaniem kukurydzy poddawanej pojedynczej (I1) oraz podwójnej (I1+2) inokulacji konsorcjum mikroorganizmów glebowych. Jako kontrolę zastosowano układ, w którym kukurydzę traktowano sterylną wodą. Po 60. dniach eksperymentu zaobserwowano istotnie statystycznie wyższy ubytek węglowodorów we wszystkich glebach inokulowanych mikroorganizmami, w porównaniu do kontroli, nie zaobserwowano jednak istotnych statystycznie różnic pomiędzy układami I1 i I1+2. Analiza metatranskryptomyczna wykazała odmienną odpowiedź zespołów bakterii w glebach I1 oraz I1+2 na inokulację. Pojedyncza inokulacja gleby powodowała przede wszystkim obniżenie ekspresji genów związanych z syntezą związków o charakterze przeciwdrobnoustrojowym, w porównaniu do kontroli. Natomiast w glebie I1+2 odnotowano zwiększoną ekspresję genów związanych z degradacją związków aromatycznych, w porównaniu zarówno do kontroli, jak i gleby I1. We wszystkich glebach traktowanych bakteriami odnotowano ponadto zwiększoną ekspresję genów *alkB* oraz CYP153, zaangażowanych w rozkład węglowodorów alifatycznych, w porównaniu do kontroli, co wskazuje na skuteczność bioaugmentacji w zwiększaniu potencjału degradacyjnego gleby względem zanieczyszczeń ropopochodnych.

The potential of assisted phytoremediation for cleaning co-contaminated soil – conclusions from metatranscriptomic analysis

Using metatranscriptomic analysis, the global expression of bacterial genes in co-contaminated soil was studied during assisted phytoremediation using maize subjected to single (I1) and double (I1+2) inoculation with a consortium of soil microorganisms. As a control, maize treated with sterile water was used. After 60 days of the experiment, compared to the control, a significantly higher loss of hydrocarbons was observed in all soils inoculated with microorganisms, but no significant differences were observed between the I1 and I1+2 treatments. Metatranscriptomic analysis showed a different response of bacterial communities in soils I1 and I1+2 to inoculation. A single soil inoculation resulted in a decrease in the expression of genes related to the synthesis of antimicrobial compounds, compared to the control. However, in the soil I1+2, increased expression of genes related to the degradation of aromatic compounds, was noted, compared to both the control and soil I1. In all soils treated with bacteria, increased expression of the *alkB* and CYP153 genes, involved in the decomposition of aliphatic hydrocarbons, was also noted, compared to the control, which indicates the effectiveness of bioaugmentation in increasing the degradation potential of soil against petroleum pollutants.

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

Skład mikrobiomu *Erigeron annuus* w różnych warunkach termicznych gruntu

Małgorzata Pawlik¹, Kinga Bondarczuk², Anna Abramowicz³, Małgorzata Rudnicka¹,
Magdalena Noszczyńska¹, Zofia Piotrowska-Seget¹

¹Institut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska,
Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach

²Centrum Bioinformatyki i Analizy Danych, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku

³Institut Nauk o Ziemi, Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach

Szczególnie interesującymi obszarami hałd są miejsca o wysokiej temperaturze gruntu, na których pojawiają się rośliny. Analiza struktury zespołów endofitów (Illumina MiSeq) przymiotna białego wykazała, że liczebność tych bakterii i ich bioróżnorodność (istotnie) zależy od temperatury gruntu. Tylko w korzeniach narażonych na wysoką temperaturę zidentyfikowano bakterie należące do klasy Bacilli. W liściach roślin narażonych na wysoką temperaturę gruntu pojawiają się bakterie Bacteroidia, których nie ma w liściach roślin rosnących na terenach o niższej temperaturze. Zmieniający się skład mikrobioty endofitycznej może wpływać na adaptację roślin do niekorzystnych warunków środowiska. Ponadto w dobie zmieniającego się klimatu i wzroście temperatury otrzymane wyniki wydają się być szczególnie istotne dla rolnictwa w aspekcie upraw roślin narażonych na wysoką temperaturę.

Badanie zostało zrealizowane w ramach grantu otrzymanego przez Małgorzatę Pawlik ufundowanego przez Dziekana Wydziału Nauk Przyrodniczych Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach w 2023 roku.

Composition of the *Erigeron annuus* microbiome in various soil thermal conditions

Particularly interesting areas of coal waste dumps are places with high ground temperature where plants appear. Analysis of the structure of endophyte communities (Illumina MiSeq) of *Erigeron annuus* showed that the number of these bacteria and their biodiversity (significantly) depend on the ground temperature. Bacteria belonging to the Bacilli class were identified only in roots exposed to high temperatures. Bacteroidia bacteria appear in the leaves of plants exposed to high ground temperatures, which are absent in the leaves of plants growing in areas with lower temperatures. The changing composition of the endophytic microbiota may influence the adaptation of plants to unfavorable environmental conditions. Moreover, in the era of changing climate and increasing temperature, the obtained results seem to be particularly important for agriculture, when growing plants exposed to high temperatures.

This study was supported by grant received by Małgorzata Pawlik funded by the Dean of Faculty of Natural Sciences, University of Silesia in Katowice in 2023.

Konsorcja mikrobiologiczne dla stymulacji wzrostu i plonowania roślin, ograniczające straty składników mineralnych do gleby, wód, powietrza i emisje gazów cieplarnianych – prezentacja wyników projektów Excalibur i EcoNutri

Lidia Sas-Paszt, Anna Lisek, Paweł Trzcziński, Krzysztof Górnik, Edyta Derkowska, Beata Sumorok, Sławomir Głuszek, Mateusz Frąć

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

W projekcie badawczym EcoNutri opracowano i wdrożono innowacyjne technologie upraw roślin, w celu ograniczenia zanieczyszczeń gleby, wód i powietrza, powodowanym nadmiernym stosowaniem nawozów mineralnych, chemicznych środków ochrony roślin i nieodpowiednim wykorzystaniem odpadów organicznych. W projekcie EcoNutri komponentami 6 konsorcjów do poprawy wzrostu i plonowania roślin ogrodnich oraz do kompostowania odpadów rolniczych są bakterie *Bacillus*, *Priestia*, *Klebsiella*, *Streptomyces* i *Pseudomonas*. Celem projektu Excalibur jest zwiększenie skuteczności biologicznej ochrony roślin i bionawożenia w uprawach ogrodnich. Opracowano konsorcja mikrobiologiczne o działaniu biostymulującym wzrost i plonowanie roślin oraz ograniczające straty składników mineralnych do gleby, wód i powietrza. W projekcie Excalibur komponentami innowacyjnych biopreparatów wykazujących działanie biostymulujące i ochronne jest szczep bakterii *Paenibacillus polymyxa* i szczep grzyba *Trichoderma harzianum*.

Projekt EcoNutri nr 101081858 otrzymał dofinansowanie przez Komisję Europejską w ramach programu Horyzont Europa. Projekt EXCALIBUR nr 817946 otrzymał dofinansowanie przez Komisję Europejską w ramach programu Horyzont 2020.

Microbiological consortia to stimulate plant growth and yield, limiting losses of minerals to soil, water, air and greenhouse gas emissions – presentation of the results of the Excalibur and EcoNutri projects

The EcoNutri research project develops and implements innovative plant cultivation technologies in order to reduce soil, water and air pollution caused by excessive use of mineral fertilizers, chemical plant protection products and inappropriate use of organic waste. In the EcoNutri project, the components of 6 consortia for improving the growth and yield of horticultural plants and for composting agricultural waste are *Bacillus*, *Priestia*, *Klebsiella*, *Streptomyces* and *Pseudomonas* bacteria. The aim of the Excalibur project is to increase the effectiveness of biological plant protection and biofertilization in horticultural crops. In the Excalibur project, the components of innovative biopreparations with biostimulating and protective effects include a strain of bacteria *Paenibacillus polymyxa* and a strain of the fungus *Trichoderma harzianum*.

The EcoNutri project no. 101081858 received funding from the European Commission under the Horizon Europe program. The EXCALIBUR project no. 817946 received funding from the European Commission under the Horizon 2020 program.

Struktura mikrobiomu terenów porośniętych mchami na płonącej hałdzie pogórnictwa

Piotr Siupka, Karolina Solska, Mariusz Wierzgoń, Zofia Piotrowska-Seget

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

Płonące hałdy pogórnictwa 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. Pomimo niekorzystnych warunków środowiskowych obserwuje się sukcesję wtórną tych terenów przez rośliny. Jednym z pierwszych tego przejawów jest występowanie mchów. Na ich wzrost i rozwój wpływają związane z nimi mikroorganizmy oraz zachodzące między nimi interakcje. Celem naszych badań była charakterystyka struktury mikrobiomu terenów porośniętych mchami płonącej hałdy pogórnictwa w Czerwionce-Leszczynie. Materiał do badań stanowiły kępiki mchów z przylegającym podłożem oraz opłukane rośliny. Charakterystykę mikrobiomu przeprowadzono w oparciu o sekwencjonowanie następnej generacji regionu V3-V4 genu 16S rRNA z DNA wyizolowanego z pobranych prób. Uzyskane sekwencje wykorzystano do analizy taksonomicznej pakietem Qiime2 oraz przewidzenia różnorodności metabolicznej badanego mikrobiomu z wykorzystaniem programu PiCrust2. Uzyskane wyniki pozwoliły na poznanie struktury mikrobiomu związanej z mchami i jego potencjalnej funkcji.

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

Structure of microbiome of covered by moss on smouldering coal waste dump

Smouldering coal-waste dumps are accumulations of waste material after mining activity, which as a result of geochemical processes underwent self-combustion resulting in heterogenous and extreme environment. Beside high temperature, high salinity, low pH, high concentration of heavy metals, and toxic organic compounds are common. Nevertheless, secondary succession by plants is observed in these areas. One of the first indications of that is the presence of mosses. Colonization of the new area by plants is influenced by microorganisms associated with them as their interaction. In our research we wanted to characterise the structure of microbiome of smouldering coal-waste dump's region where moss plants thrive. The investigated dump was in Czerwionka-Leszczynie. Characterisation was based on the next generation sequencing of V3-V4 region of rRNA gene in DNA material isolated from collected samples. Samples included tufts of mosses with surrounding soils as well as washed moss plants. Taxonomical assignment was done using Qiime2 package and prediction of metabolic diversity has been made using Picrust2 software. This allowed to characterise microbes directly associated with mosses as well as its potential functionality.

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

Bioróżnorodność zespołów mikroorganizmów glebowych na terenie silnie skażonym metalami ciężkimi w Katowicach-Szopienicach

Sławomir Sułowicz¹, Anna Markowicz¹, Sławomir Borymski¹,
Marta Kandziora-Ciupa², Gabriela Barczyk², Aleksandra Nadgórska-Socha²

¹Zespół Nano-Mikrobiologii, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Śląski w Katowicach, ul. Jagiellońska 28, 40-032 Katowice

²Zespół Ekologii Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Śląski w Katowicach, ul. Bankowa 9, 40-032 Katowice

Długotrwała emisja zanieczyszczeń towarzysząca hutnictwu metali nieżelaznych wywiera negatywne skutki zdrowotne, społeczno-kulturowe, a przede wszystkim środowiskowe. Monitoring terenów silnie skażonych metalami ciężkimi pozwala na ocenę trwałości tych negatywnych skutków zanieczyszczenia na ekosystem. W ramach monitoringu biologicznego okolicy huty Katowice-Szopienice oceniano m.in. wpływ długotrwałego silnego skażenia metalami ciężkimi na bioróżnorodność zespołów mikroorganizmów glebowych. Wyznaczono cztery poletka badawcze różniące się stopniem pokrycia warstwą zielną, których parametry fizyko-chemiczne oraz biologiczne były porównywane. Do oceny społeczności bakterii wykorzystano sekwencjonowanie nowej generacji (NGS) genu 16S rRNA. Analiza bioróżnorodności beta wykazała istotne różnice między badanymi zespołami bakterii w glebie skażonej cynkiem i ołowiem. Różnorodność zespołów mikroorganizmów była skorelowana z bioróżnorodnością roślin, a istotnym czynnikiem kształującym ekosystem była m.in. zawartość biodostępnej frakcji ołowiu.

Badania dofinansowane w ramach konkursu „Zielony Horyzont” ze środków programu Inicjatywa Doskonałości Badawczej Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach.

Biodiversity of soil microbial communities in a heavily heavy metal contaminated area in Katowice-Szopienice

The long-term emissions associated with non-ferrous metallurgy have health, socio-cultural and, above all, environmental effects. Monitoring of areas heavily contaminated with heavy metals makes it possible to assess the persistence of the negative effects of pollution. As part of biological monitoring in the area around the Katowice-Szopienice steelworks, the effects of long-term heavy metal contamination on the biodiversity of soil microbial communities were evaluated. Four test plots, differing in the degree of plant cover, were established and their physico-chemical and biological parameters were compared. Next-generation sequencing (NGS) of the 16S rRNA gene was used to assess the bacterial community structure. Beta biodiversity analysis showed significant differences between the bacterial communities studied in zinc- and lead-contaminated soil. The diversity of microbial communities was correlated with plant biodiversity, and the content of the bioavailable fraction of lead was one of the important factor shaping the ecosystem.

Research supported by „the Green Horizon” competition from the Research Excellence Initiative programme of the University of Silesia in Katowice.

Interakcje roślin okrywowych i mikroorganizmów glebowych w sadach ekologicznych – badania z Polski i Francji

Magdalena Szczech¹, Claude-Eric Parveaud², Beata Kowalska¹, Maxime Jacquot², Sophie-Joy Ondet², Ewa Furmańczyk¹, Eligio Malùsa¹, Jolanta Winciorek¹, Anna Michalska¹

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

²Research Group for Organic Farming GRAB, Avignon Cedex, France

Zwiększenie bioróżnorodności jest jedną z kluczowych ambicji unijnych strategii, których celem jest ochrona przyrody, złagodzenie negatywnych skutków działań gospodarki i zmian klimatu, bezpieczeństwo żywności etc. W sadach, gdzie system wieloletnich upraw ogranicza płodozmian i liczbę gatunków w ekosystemie, zachęca się do stosowania żywych ściółek z roślin zielnych lub ich mieszanek. Szczególnie w sadach ekologicznych mogą one spełniać wiele funkcji m.in.: ograniczanie rozwoju chwastów, całoroczna okrywa gleby, przywabianie pożytecznej entomofauny, wspieranie ochrony przeciwko chorobom i szkodnikom, oraz wpływ na obieg składników odżywczych. Stosowanie i dobór żywych ściółek wymaga jednak dużej wiedzy na temat ich interakcji z innymi elementami ekosystemu, m.in. z mikroorganizmami zasiedlającymi glebę. Przedstawione badania pokazują, jaki wpływ mogą mieć żywe ściółki na wybrane grupy mikroorganizmów glebowych oraz aktywność mikrobiologiczną gleb w ekologicznych sadach polskich i francuskich.

Badania wykonano w ramach projektu BioHortiTech, wspieranego przez grant NCBR SUSCROP/II/BioHortiTech/01/2021, w ramach programu ERA-NET Cofound SusCrop.

Interactions of living mulches and soil microorganisms in organic orchards – research in Poland and France

Increasing biodiversity is one of the key ambitions of EU strategies aimed at nature protection, mitigating the negative effects of the economy and climate change, food security etc. In orchards, where the perennial cropping system limits crop rotation and the number of species in the ecosystem, the use of herbal living mulches is encouraged. Particularly in organic orchards, they can serve many functions including: reducing weed growth, year-round soil cover, attracting beneficial entomofauna, promoting protection against diseases and pests, influencing nutrient cycling. However, the use and selection of living mulches requires a great deal of knowledge about their interactions with other ecosystem elements, including soil microorganisms. Presented research shows what effect living mulches can have on selected groups of soil microorganisms and the microbial activity of soils in organic Polish and French orchards.

The work was carried out in the framework of the project BioHortiTech, supported by the NCBR grant SUSCROP/II/BioHortiTech/01/2021, within the program ERA-NET Cofound SusCrop.

Nawigacja po etapach NGS w analizie mikrobiomu – znaczenie wyborów metodologicznych

Anna Wierzbicka-Woś¹, Alicja Trzeciak-Ryczek^{1,2}, Karolina Skonieczna-Żydecka^{1,3},
Igor Łoniewski^{1,3}

¹Centrum Badawczo-Rozwojowe, Sanprobi Sp. z o.o. Sp. k.

²Instytut Biologii, Uniwersytet Szczeciński

³Zakład Badań Biochemicznych, Pomorski Uniwersytet Medyczny

W ciągu ostatniej dekady rozwój wysokoprzepustowego sekwencjonowania, znanego również jako sekwencjonowanie nowej generacji (NGS), zrewolucjonizowało badania i nasze rozumienie mikroorganizmów występujących w różnych środowiskach, pozwalając na kompleksową charakterystykę ich populacji bez konieczności hodowli. Wykorzystując podejście metagenomiczne, możemy analizować ich skład oraz potencjał funkcjonalny w oparciu o dane genomowe. Chociaż wszystkie etapy przygotowania próby do NGS i analizy metadanych są dobrze opisane, brakuje wystandaryzowanych metod pozwalających na porównywanie wyników między różnymi laboratoriami. Firmy biotechnologiczne oferują gotowe rozwiązania na każdym etapie z jednoczesną możliwością dostosowania ich do swoich potrzeb i możliwości. Ponadto szybki postęp w rozwoju metod NGS znacząco obniżył ich koszty. Ten przełom pozwolił na zbieranie olbrzymiej ilości danych metagenomowych, nieproporcjonalnie zostawiając w tyle wiedzę o znanych mikroorganizmach, generując konsekwentnie wiele niewiadomych. Dlatego odpowiednie planowanie, stosowanie metod zwalidowanych i zweryfikowanych z wykorzystaniem wystandaryzowanych kontroli daje możliwość utworzenia ogólnoświatowej sieci wiarygodnych danych o wszystkich mikrobiomach, co w dzisiejszych czasach wydaje się być kluczowe.

Navigating NGS stages in microbiome analysis – the importance of methodological choices

Over the last decade, the development of novel high-throughput sequencing, also known as next-generation sequencing (NGS), has revolutionized the study and our understanding of microorganisms living in different habitats, allowing for the comprehensive characterization of microbial communities without the need for their cultivation. Using a metagenomic approach we may analyze their composition and functional potential based on genomic data. Although all stages of preparing samples for NGS and metadata analysis are well-defined, there is a lack of standardized methods allowing to obtain comparable results between different laboratories. Biotechnological companies offer ready-to-implement solutions at each step with the possibility to customize the protocol. Moreover, due to the rapid progress in NGS methods development significantly decreased their costs. This breakthrough allows to collect a huge amounts of metagenomic data disproportionately leaving behind the knowledge of known microorganisms, consequently generating many unknowns. Thus, appropriate planning, using validated and verified methods with standardized controls, allows creating a worldwide network with reliable data on all microbiomes, which seem to be crucial nowadays.

PICO PREZENTACJE

Piękne tylko z wierzchu? Czy koszenie zarastających drzewami torfowisk niskich ma wpływ na podziemne zbiorowiska grzybów

Olsza Borys¹, Łukasz Kozub², Aleksandra Kukułka^{1,3}, Alicja Okraśńska⁴,
Julia Pawłowska⁴, Nina Trochanowska¹, Mateusz Wilk¹

¹Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

²Instytut Biologii Środowiskowej, Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych, Uniwersytet Warszawski

³AECOM, Warszawa

⁴Instytut Biologii Ewolucyjnej, Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych, Uniwersytet Warszawski

Osuszanie torfowisk zmienia je w istotne źródła emisji węgla. Osuszanie napędza też dalszą degradację przez nasilone zarastanie. Aby przeciwdziałać tym zmianom, istotnym narzędziem konserwatorskim jest koszenie torfowisk, które skutecznie przywraca zbiorowiska roślin. Nie jest jednak znany wpływ tych zabiegów na podziemne zbiorowiska mikroorganizmów. Celem naszej pracy było ustalenie, jaki wpływ mają zarastanie i koszenie na podziemne zbiorowiska grzybów torfowisk wysokich. Aby to osiągnąć, pobraliśmy próbki z 24 torfowisk wysokich północnej Polski ze zróżnicowaną historią zarządzania. Zebraliśmy dane o glebie, roślinności i połączyliśmy je z wynikami sekwencjonowania technologią Illumina NovaSeq na fragmencie ITS2 rDNA. Ani zarastanie naturalnych, ani koszenie zaburzonych torfowisk nie wpłynęło na wskaźniki różnorodności. Średnie odległości pomiędzy zbiorowiskami grzybów na zadrzewionych i otwartych obszarach okazały się mniejsze w przypadku zaburzonych torfowisk, wskazując na utrzymujący się efekt, związany prawdopodobnie z rozkładem torfu. Obszary zadrzewione charakteryzowały się większą względną ilością grzybów ektomykoryzowych (głównie Cortinariaceae i Inocybaceae). Koszenie powstrzymuje zatem grzyby ektomykoryzowe.

Dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki, nr 2019/35/D/NZ9/03212.

Beautiful only on the surface? How changes in structure of peat-inhabiting fungal communities reflect mowing of fens

Draining turns fens into significant carbon sources. Degradation drives more degradation as drained peatlands face intensified tree and shrub encroachment. Mowing is established as an important conservation tool for degraded fens, which successfully restores plant communities. However, it is not known how it affects underground microbial communities. Our aim was thus to assess how both tree encroachment and mowing affect peat-inhabiting fungal communities. To achieve this, we sampled sites from 24 fens across northern Poland with varied management backgrounds. We collected climate, soil and vegetation data and combined it with results of Illumina NovaSeq amplicon sequencing of ITS2 rDNA from peat samples. We found that total diversity indices remained unaffected by neither tree encroachment on natural fens, nor mowing on disturbed fens. Additionally, overall dissimilarity of fungal communities between wooded and open patches was relatively lower in disturbed fens, indicating the existence of a legacy effect, possibly linked to a degradation of peat. Open patches always showed lower relative abundance of ectomycorrhizal fungi (mainly Cortinariaceae and Inocybaceae). Thus, mowing suppresses ectomycorrhizal fungi.

Badanie trójstronnej interakcji pomiędzy *Pectobacterium zantedeschiae*, rośliną i ryzobiomem

Daria Horoszkiewicz¹, Michał Mateusz Waleron¹, Jan Gawor³, Łukasz Rąbalski⁴,
Krzysztof Waleron², Małgorzata Waleron¹

¹Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Gdański, ul. Abrahama 58, 80-307, Gdańsk

²Katedra i Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Gdański Uniwersytet Medyczny,
Al. Gen. J. Hallera 107, 80-416, Gdańsk

³Pracownia Sekwencjonowania i Syntezy DNA,
Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, Warszawa

⁴Zakład Szczepionek Rekombinowanych, Uniwersytet Gdański, ul. Abrahama 58, 80-307, Gdańsk

Fitopatogen, aby wywołać objawy choroby, musi przełamać system obronny żywiciela, w tym mikrobiom rośliny. Aby zbadać wpływ mikrobiomu ryzosfery na interakcję patogenu z rośliną, określono zmiany w składzie gatunkowym ryzobiomu podczas interakcji z *Pectobacterium*. Z zastosowaniem sekwencjonowania ampliconu 16S rRNA oszacowano skład gatunkowy gleby oraz ryzosfery *A. thaliana*, *Z. aethiopica*, *B. rapa* subsp. *pekinensis* i *C. longa*. Zaobserwowano, iż *Pectobacterium* zmniejsza różnorodność taksonomiczną ryzobiomów wszystkich badanych roślin. Wyizolowano czyste kultury ryzobiontów przed i po zaszczepieniu gleby *P. zantedeschiae* oraz zbadano ich interakcję z *Pectobacterium*. Wykazano, iż *Pectobacterium* dzięki wydzielaniu bakteriocyn oraz indukcji profagów zmienia skład mikroorganizmów zasiedlających ryzosferę, co może prowadzić do nieefektywnego działania bariery ochronnej rośliny, a następnie rozwoju objawów chorobowych.

Funding: OPUS 18 – 2019/35/B/NZ9/01973.

Studying the tripartite interaction between *Pectobacterium zantedeschiae*, plants and rhizobiome

The phytopathogen to cause disease symptoms must overcome the host's defence system, including the plant's microbiome. To investigate the influence of the rhizobiome on the pathogen's interaction with the plant, we determined the changes in the species composition of the rhizobiome during interaction with *Pectobacterium*. Using 16S rRNA amplicon sequencing, the soil and rhizosphere species composition of *A. thaliana*, *Z. aethiopica*, *B. rapa* subsp. *pekinensis* and *C. longa* were estimated. *Pectobacterium* was observed to reduce the taxonomic diversity of the rhizobiomes of all the plants studied. Pure rhizobiont cultures were isolated before and after soil inoculation with *P. zantedeschiae*, and their interaction with *Pectobacterium* was studied. It was shown that *Pectobacterium*, through the secretion of bacteriocins and the induction of prophages, alters the composition of the microorganisms inhabiting the rhizosphere, which can lead to the ineffective functioning of the plant protective barrier and the subsequent development of disease symptoms.

Funding: OPUS 18 – 2019/35/B/NZ9/01973.

Metataksonomiczna analiza endo- i rzyzo-biomu dwóch odmian kukurydzy o różnej tolerancji stresu suszy

Marta Bukowczan, Magdalena Pacwa-Płociniczak, Tomasz Płociniczak

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

Susza jest stresem wielowymiarowym dotykającym nie tylko samą roślinę, ale także towarzyszącą jej mikroorganizmy. Zachwianie równowagi mikrobiologicznej rzyzo- i endobiomu roślin dodatkowo wzmagają stres powodowany niedoborem wody.

Celem projektu było określenie składu i stabilności bakteryjnego endo- oraz rzyzo-biomu dwóch odmian kukurydzy (T – tolerancyjna, S – wrażliwa; Pioneer® Optimum® AQUAmax®) wykazujących różną tolerancję na stres suszy. Za pomocą analizy metataksonomicznej fragmentu genu 16S rRNA wyizolowanego z tkanek kukurydzy i gleby ryzosferowej określono bioróżnorodność zespołów bakterii zasiedlających te nisze. Wykazano, iż w obu testowanych odmianach kukurydzy w każdej z testowanych nisz dominowały inne grupy bakterii. W liściach dominowały bakterie należące do rodziny Pseudomonadaceae, w korzeniach – Streptomycetaceae, a w glebie ryzosferowej bakterie z rodziny Hyphomicrobiadeae. Ponadto w tkankach odmiany S stwierdzono większy udział sekwencji charakterystycznych dla bakterii należących do rodzin Moraxellaceae oraz Xanthomonadaceae. Zaobserwowano również, iż pod wpływem stresu suszy bioróżnorodność oraz procentowy udział grup Actinobacteria oraz Gammaproteobacteria wzrastał w próbkach pochodzących z tkanek roślinnych, natomiast próbki glebowe wykazywały stabilność składu i liczebności poszczególnych grup bakterii.

Metataxonomic analysis of the endo- and rhyzo-biome of two cultivars of maize with different tolerance to drought stress

Drought is a complex stress factor that affects not only plants but also microorganisms associated with them. The imbalance of microbial endo- and rhyzo-biome of the plant can further increase stress induced by water deficiency.

This project aimed to study the composition and stability of the bacterial endobiome and rhizobiome of two cultivars of maize (T-tolerant, S-sensitive; Pioneer® brand Optimum® AQUAmax®), which have differential levels of tolerance to drought stress. The bacterial biodiversity of these niches was assessed using metataxonomic analysis of the 16S rRNA sequence fragment from plant tissues and rhizospheric soil. Leaves were dominated by bacteria from the Pseudomonadaceae family, roots by Streptomycetaceae, and the rhizospheric soil by Hyphomicrobiadeae. Furthermore, the plant tissues of the S cultivar exhibited a higher percentage of bacterial sequences characteristic of the Moraxellaceae and Xanthomonadaceae families. It was also found that drought stress increased the percentage and biodiversity of Actinobacteria and Gammaproteobacteria in samples from plant tissues. At the same time, the composition of bacterial communities in rhizospheric soil remained stable.

This research was supported by the NSC (Poland) (No. 2023/49/N/NZ8/02097).

Profelowanie ekspresji genów związanych z patogenezą bakterii *Legionella longbeachae* uwolnionych z komórek pierwotniaków

Jacek Tarasiuk, Jakub Wysokiński, Piotr Koper, Bożena Kowalczyk,
Marta Palusińska-Szys, Andrzej Mazur

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

Legionella to wewnątrzkomórkowe bakterie zdolne do namnażania się zarówno w pierwotniakach, jak i w makrofagach człowieka. Naturalnym miejscem występowania drobnoustrojów jest środowisko wodne i glebowe, skąd mogą przedostać się do antropogenicznych systemów wodnych. Inhalacja aerozolu zawierającego bakterie może prowadzić do rozwoju ciężkiej pneumonii, zwanej chorobą legionistów. Podobieństwo między pierwotniakami (naturalnymi gospodarzami) a makrofagami płucnymi ma kluczowe znaczenie dla procesu adaptacji i rozwoju wirulencji *Legionella*.

Zbadano odpowiedź transkryptomyczną *L. longbeachae* po pasażu przez ameby *Acanthamoeba castellanii* z wykorzystaniem techniki RNA-Seq.

Zidentyfikowano 1082 geny o znacząco zmienionej ekspresji (ang. differentially expressed genes, DEGs), z których 661 uległo represji, a 421 indukcji. Adnotacja funkcjonalna genów DEG do kategorii COG wykazała, że nadreprezentowanymi grupami był geny związane z biogenezą osłony komórkowej, transkrypcją, translacją i biogenezą rybosomów, metabolizmem aminokwasów, konwersją energii oraz przekazywaniem sygnałów. Dystrybucja funkcjonalna DEGs wskazuje, że nastąpiły zmiany w profilu ekspresji genów, które odgrywają ważną rolę w proliferacji bakterii i przełamaniu mechanizmów obronnych gospodarza.

Profiling of genes expression associated with *Legionella longbeachae* pathogenesis released from protozoa cells

Legionella are intracellular bacteria capable of proliferating within protozoa and human macrophages, with natural habitats in water and soil. From these environments, bacteria can enter into man-made water systems, where inhalation of *Legionella*-containing aerosol may lead to severe pneumonia called Legionnaires' disease. The similarity between protozoa (natural hosts) and pulmonary macrophages is central to the process of adaptation and development of *Legionella* virulence.

We examined the transcriptomic response of *L. longbeachae* after the passage through amoebae – *Acanthamoeba castellanii*.

The passage resulted in 1082 differentially expressed genes (DEGs), among which downregulated genes predominated: 661 genes vs. 421 which were upregulated. Functional annotation of DEGs into COG categories revealed that overrepresented groups comprised genes related to cell wall envelope biogenesis, transcription, translation and ribosomal biogenesis, amino acid metabolism, energy conversion as well as signal transduction mechanisms. The functional distribution of DEGs indicates that there have been changes in the expression profile of genes that play important roles in bacterial proliferation and breaking host defence mechanisms.

Wpływ cechy nekrogenności satelitarnego RNA na przenoszenie wirusa mozaiki ogórka (CMV) przez mszycę brzoskwińnią (*Myzus persicae*)

Barbara Wrzeńska-Krupa, Marta Budziszewska, Przemysław Strażyński,
Patrik Frąckowiak, Aleksandra Obrępańska-Stepłowska

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

Satelitarne RNA (satRNA) stanowią cząsteczki RNA wymagające wirusa pomocniczego do replikacji, enkapsydacji, transportu w obrębie rośliny oraz transmisji na zdrowe rośliny. Ich obecność w inokulum wirusowym powoduje osłabienie lub zaostrzenie symptomów infekcji. SatRNA prowadzi do obniżenia poziomu akumulacji wirusa, a także do zmian w metabolizmie rośliny żywicielskiej. Jedną z konsekwencji zmian zachodzących w porażonych roślinach może być wpływ na zachowanie owadów wektorów wirusów. W związku z tym, że obecność niektórych, nekrogennych satRNA może prowadzić do wystąpienia nekroz powodowanych infekcją wirusem mozaiki ogórka (CMV), celem badań było sprawdzenie, czy indukowanie nekrogenności przez satRNA towarzyszącemu CMV wpływa na zachowanie mszyc brzoskwińniowych, co może wpłynąć na wydajność transmisji wirusa na zdrowe rośliny. Badania wykazały, że istnieje wpływ indukcji nekrogenności przez satRNA na zmianę zachowań orientacyjnych i żywieniowych mszyc. Dodatkowo oceniono wydajność pobierania cząstek wirusowych, czego efektem była zmiana wydajności przenoszenia CMV.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu nr 2018/29/N/NZ9/02467.

The influence of the necrogenicity feature of satellite RNA on the transmission of cucumber mosaic virus (CMV) by peach aphid (*Myzus persicae*)

Satellite RNAs (satRNAs) are small RNA molecules that require a helper virus for replication, encapsidation, transport within the plant, and transmission to healthy plants. Their presence in the viral inoculum causes weakening or exacerbation of symptoms caused by viral infection. SatRNAs might lead to a decrease in the level of virus accumulation and also changes in the metabolism of the host plant. One of the consequences of changes occurring in infected plants may be an influence on the behavior of virus vectors. Given that some necrogenic satRNAs can lead to necrosis caused by cucumber mosaic virus (CMV) infection, the aim of the study was to check whether the necrogenicity induction by such satRNA accompanying CMV affects the behavior of peach aphids, which may consequently affect the efficiency of virus transmission to healthy plants. The studies showed the influence of necrosis induction by satRNA on the orientation and feeding behaviors of aphids. In addition, the efficiency of virus particle uptake was assessed, the effect of which was a change in the efficiency of CMV transmission.

The research was funded by the National Science Center under project number 2018/29/N/NZ9/02467.

Charakterystyka mobilomu szczepów *Legionella* spp. wyizolowanych z próbek środowiskowych – implikacje dla horyzontalnego transferu genów

Jakub Wysokiński, Piotr Koper, Kamil Żebracki, Kacper Stachnio, Andrzej Mazur

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

Bakterie *Legionella* to wewnątrzkomórkowe pasożyty, które replikują się w amebach i ludzkich fagocytach, powodując przypadki atypowego zapalenia płuc zwane legionellozami. Genomy *Legionella* charakteryzują się dużym zróżnicowaniem genetycznym wskutek horyzontalnego transferu genów (HGT) oraz interakcji z komórkami ich gospodarzy. W strukturze genomu *Legionella* poza chromosomem występują różne elementy mobilne w tym plazmidy. Plazmidy są często identyfikowane w szczepach *Legionella* związanych z przypadkami legionellozy, jednak zrozumienie znaczenia plazmidomu tych bakterii w kształtowaniu ich potencjału chorobotwórczego jest ograniczone. Celem niniejszej pracy było określenie zróżnicowania plazmidów *Legionella* i ich znaczenia w kształtowaniu struktury genomów tych bakterii oraz rozprzestrzenianiu się czynników zjadliwości na drodze HGT. Genotypowanie ponad 200 hipotetycznych izolatów *Legionella* spp. wyizolowanych z próbek wody pobranych z obiektów użyteczności publicznej przez sekwencjonowanie fragmentów genów *mip* (ang. macrophage infectivity potentiator) i 16S rRNA, potwierdziła ich przynależność do różnych gatunków *Legionella*. Metodą lizy bakterii w żelu agarozowym u około 10% szczepów wykryto plazmidy, których wielkość wynosiła od kilkudziesięciu do ponad 100 kbp. Planowane sekwencjonowanie całego genomu izolatów zawierających plazmidy pozwoli zrozumieć ich znaczenie w kształtowaniu wirulencji *Legionella*.

Badania sfinansowano ze środków projektu NCN Sonata nr 2022/47/D/NZ8/00258.

Characterization of the mobilome of *Legionella* spp. strains isolated from environmental samples – implications for horizontal gene transfer

Legionella are intracellular parasites that replicate in amoebas and human phagocytes, causing symptoms of an atypical pneumonia known as legionellosis. Their genomes, composed of chromosomes and a diverse mobilome, including plasmids, show genetic diversity due to horizontal gene transfer (HGT) and interactions with the host cell. Plasmids are frequently identified in *Legionella* strains associated with cases of legionellosis, but understanding of the importance of the plasmidome of these bacteria in shaping their pathogenic potential is limited. The present study aimed to define the diversity of the *Legionella* plasmidome and HGT-mediated genome dynamics affecting the emergence of virulence. Putative *Legionella* spp. isolates obtained from water samples from public facilities were genotyped by *mip* and 16S rRNA gene sequencing. Agarose gel lysis method revealed presence of plasmids in 10% of isolates. Plasmids size ranged from several dozens to more than hundreds of kb. The planned whole-genome sequencing of isolates containing plasmids will allow to understand their importance in shaping *Legionella* virulence.

POSTERY

Porównanie mycobiomu ryzosfery wybranych odmian pszenicy jarej (*Triticum aestivum* L.) uprawianej w systemie ekologicznym

Barbara Abramczyk, Marcin Przybyś, Anna Marzec-Grządziel, Beata Feledyn-Szewczyk

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

Grzyby stanowią kluczowy składnik zespołów mikroorganizmów zasiedlających ryzosferę i odgrywają ważną rolę we wzroście i zdrowotności roślin. Rośliny natomiast poprzez własne wydzieliny korzeniowe oraz substancje powstające w wyniku rozkładu resztek poźniwnych hamują lub stymulują wzrost i rozwój grzybów zarówno patogenicznych, jak i saprotroficznych. Ponadto różnorodność gatunkowa grzybów oraz ich wzajemne interakcje z roślinami przyczyniają się do zwiększenia tolerancji roślin na biotyczne i abiotyczne czynniki stresowe. Na bioróżnorodność mycobiomu ryzosfery mają wpływ m.in. sposób uprawy, zabiegi ochrony roślin oraz gatunek i faza rozwojowa danej rośliny.

Celem badań było porównanie zbiorowisk grzybów występujących w ryzosferze 6 odmian pszenicy jarej uprawianej w systemie ekologicznym z wykorzystaniem sekwencjonowania następnej generacji NGS.

Przedstawione badania sfinansowano z tematu badawczego nr 1.08 pt. „Charakterystyka endofitów grzybowych wybranych odmian pszenicy jarej i określenie ich potencjału w promowaniu wzrostu roślin i ograniczeniu rozwoju patogenów”, realizowanego w ramach działalności statutowej IUNG-PIB w Puławach (2022-2025).

Comparison of the rhizosphere mycobiome of selected spring wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) grown under organic system

Fungi are a key component of microbial communities inhabiting the rhizosphere and play an important role in the growth and health of plants. Plants, however, through their own root secretions and substances resulting from the decomposition of crop residues, inhibit or stimulate the growth and development of both pathogenic and saprotrophic fungi. Moreover, the fungal biodiversity and their interactions with plants contribute to increasing the tolerance of plants to biotic and abiotic stress factors. The biodiversity of the rhizosphere mycobiome is influenced by, among others, the method of cultivation, plant protection treatments and the species and development phase of a given plant.

The aim of the study was to compare fungal communities occurring in the rhizosphere of six varieties of spring wheat grown under organic system using next-generation sequencing (NGS).

The presented research was completed in the frame of the research project no. 1.08 entitled „Characteristics of fungal endophytes from selected spring wheat cultivars and determination of their potential in plant growth promotion and the limitation of plant pathogens development”, financed from the statutory subsidy of IUNG-PIB, Puławy (2022-2025).

Struktura zespołów bakterii i grzybów w glebie poddanej działaniu herbicydów sulcotrion i terbutyloazyna

Małgorzata Baćmaga, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski, Agata Borowik

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

Celem badań było określenie struktury zespołów bakterii i grzybów w glebie poddanej działaniu sulcotrionu (dawka 0,150 i 1,50 mg kg⁻¹), terbutyloazyny (dawka 0,165 i 1,65 mg kg⁻¹) oraz mieszaniny sulcotrionu i terbutyloazyny (dawka 0,333 i 3,33 mg kg⁻¹). Analiza metagenomiczna wykazała, że gleba kontrolna i zanieczyszczona herbicydami zdominowana była przez bakterie należące do typu Actinobacteriota reprezentowane przez rodzaj *Cellulosimicrobium*, a wśród grzybów przez typ Ascomycota reprezentowane przez rodzaj *Humicola* i *Chaetomium*. Wszystkie próbki gleby były zasiedlane przez bakterie z rodzaju *Cellulosimicrobium*, *Sphingomonas*, *Gemmatimonas*, *Nocardioides* i *Ralstonia* oraz grzyby *Humicola*, *Chaetomium*, *Mortierella*, *Vishniacozyma*, *Pseudogymnoascus*, *Penicillium*, *Trichocladium*, *Fusarium*, *Exophiala* i *Fusicolla*. W glebie z sulcotrionem w ilości 1,50 mg kg⁻¹ pojawiły się unikalne bakterie z rodzaju *Lysobacter* i *Sphingobium*, a z mieszaniną sulcotrionu i terbutyloazyny w ilości 3,33 mg kg⁻¹ bakterie z rodzaju *Candidatus Solibacter* i *Haliangium*.

Structure of bacterial and fungal communities in soil treated with the herbicides sulcotrione and terbuthylazine

The aim of the study was to determine the structure of bacterial and fungal communities in soil treated with sulcotrione (doses of 0.150 and 1.50 mg kg⁻¹), terbuthylazine (doses of 0.165 and 1.65 mg kg⁻¹), and a mixture of sulcotrione and terbuthylazine (doses of 0.333 and 3.33 mg kg⁻¹). Metagenomic analysis demonstrated that the control and herbicide-contaminated soil were dominated by bacteria belonging to the phylum, Actinobacteriota, represented by the genus, *Cellulosimicrobium*, were most abundant in the soil, while among the fungi, it was the phylum, Ascomycota, represented by the genus, *Humicola* and *Chaetomium*. All soil samples contained bacteria of the *Cellulosimicrobium*, *Sphingomonas*, *Gemmatimonas*, *Nocardioides*, and *Ralstonia* genera and the fungi *Humicola*, *Chaetomium*, *Mortierella*, *Vishniacozyma*, *Pseudogymnoascus*, *Penicillium*, *Trichocladium*, *Fusarium*, *Exophiala* and *Fusicolla*. Unique bacteria belonging to the *Lysobacter* and *Sphingobium* genera appeared in the soil treated with a sulcotrione in an amount of 1.50 mg kg⁻¹, and in the *Candidatus_Solibacter* and *Haliangium* genus bacteria, in the soil treated with a mixture of sulcotrione and terbuthylazine in an amount of 3.33 mg kg⁻¹.

Rozpoznanie czynników środowiskowych wspomagających namnażanie się mikrobiomu i mykobiomu w glebach monokulturowych

Artur Banach¹, Anna Sochaczewska¹, Sara Jurczyk¹, Andrzej Słomczewski²,
Jacek Podlewski², Agnieszka Wolińska¹

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

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

W celu wyłonienia czynników istotnie wpływających na mikroorganizmy glebowe przeprowadzono dwuletnie badania gleb spod uprawy kukurydzy, którą uprawiano w systemach: głębokiej orki (PL) oraz pasowym (NT) w gradiencie nawożenia: 0, 69, 92 i 115 kg N/ha. Bioróżnorodność rozpoznano stosując technikę NGS (MiSeq Illumina, Genomed SA, Waszawa).

Wykazano, iż w zależności od zastosowanego systemu upraw właściwości badanych gleb ulegały znacznym zmianom, formując określone warunki do rozwoju mikroorganizmów. Nawożenie miało rolę drugorzędną i ujawniła się ona pod koniec drugiego roku badań. Początkowo obserwowano przewagę Bacteroidota i Firmicutes w PL, Acidobacteriota, Actinobacteriota oraz Gemmatimonadota w NT, zaś jesienią nastąpił wzrost liczebności Bacteroidota i Firmicutes oraz obniżenie udziału pozostałych grup mikroorganizmów. W kolejnym roku liczebność Actinobacteriota wzrosła wyraźnie. W przypadku grzybów obserwowano wzrost liczebności Ascomycota kosztem Mortierellomycota, a następnie odwrócenie tego trendu w drugim roku badań.

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.

Recognition of environmental factors supporting multiplication of microbiome and mycobiome in monoculture soils

In order to identify factors significantly influencing soil microorganisms, a two-year study of soils from under maize, which was cultivated under deep plowing (PL) and strip-till (NT) systems in a fertilization gradient: 0, 69, 92 and 115 kg N/ha, was carried out. Biodiversity was identified using the NGS technique (MiSeq Illumina, Genomed SA, Waszawa).

It was shown that depending on the applied cropping system, the properties of the studied soils changed significantly, forming specific conditions for the development of microorganisms. Fertilization had a secondary role and its role became apparent at the end of the second year of the study. Initially, a predominance of Bacteroidota and Firmicutes was observed in PL, Acidobacteriota, Actinobacteriota and Gemmatimonadota in NT, while in autumn there was an increase in the abundance of Bacteroidota and Firmicutes and a decrease in the proportion of the other groups of microorganisms. In the following year, the abundance of Actinobacteriota increased markedly. In the case of fungi, an increase in the abundance of Ascomycota was observed at the expense of Mortierellomycota, followed by a reversal of this trend in the second year of the study.

Wpływ biopreparatów na występowania patogenicznych grzybów w glebie z obszarów rolniczych

Piotr Banachewicz¹, Zoia Pustova², Polina Havrysh¹, Sebastian Przemieniecki³, Lidia Błaszczuk¹

¹Zakład Mikrobiomiki Roślin, Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, ul. Strzeszyńska 23, 60-479 Poznań

²Wydział Ekologii i Biologii Ogólnej, Podolski Państwowy Uniwersytet Agrarno-Techniczny, Kamieniec Podolski, Ukraina

³Zespół Fitopatologii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Olsztyn

Zmiany klimatyczne coraz częściej powodują uporczywe susze. Spadek natężenia opadów zmniejsza mineralizację gleby, a co za tym idzie nieurodzaj plonów. Aby ulepszyć użyźnianie podłoża, powszechnie stosuje się biopreparaty mające za zadanie zmineralizować glebę poprzez rozkład resztek pozostałej biomasy roślinnej i wspomóc tym samym wzrost kolejnych roślin uprawnych.

W tych badaniach skupiliśmy się na analizie gleby pobranej z pól uprawnych, na których stosowano dwa biopreparaty: GROUNDFIX oraz ECOSTERN. Próby gleby pochodzące z Ukrainy, z Obwodu winnickiego zostały zebrane po roku stosowania biopreparatu GROUNDFIX oraz po 5. i 10. latach stosowania biopreparatu ECOSTERN. Wykorzystując technikę sekwencjonowania długich odczytów Oxford Nanopore, zbadaliśmy skład mikrobiologiczny gleby, aby zbadać wpływ bionawozów na względną populację powszechnych rodzajów grzybów patogenicznych dla roślin, takich jak *Fusarium*, *Colletotrichum*, *Verticillium*, *Puccinia*, *Botryosphaeria*, *Botrytis*, *Rhizoctonia* czy *Alternaria*.

Impact of biopreparations on the occurrence of pathogenic fungi in soil from agricultural areas

Climate changes are increasingly causing persistent droughts. Less rainfall reduces soil mineralisation and, consequently, crop failure. To help fertilise the soil, biopreparations are commonly used to mineralise the soil by decomposing residual biomass and promote the growth of following crops.

In this research, we focused on the analysis of soil collected from agricultural fields where two biopreparations were used: GROUNDFIX and ECOSTERN. Soil samples from the Vinnytsia Oblast of Ukraine were collected after one year of application of the GROUNDFIX and after five and ten years of application of the ECOSTERN. Using Oxford Nanopore long-read sequencing technique, we examined the microbial composition of the soil to investigate the effect of biopreparations on the relative abundance of common plant pathogenic fungal such as *Fusarium*, *Colletotrichum*, *Verticillium*, *Puccinia*, *Botryosphaeria*, *Botrytis*, *Rhizoctonia* and *Alternaria*.

W poszukiwaniu idealnego szczepu: badanie przesiewowe izolatów bakteryjnych z pikli w celu selekcji najlepszego szczepu do inokulacji microgreens

Daria Barańska, Jacek Panek, Magdalena Frąć

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

Microgreens to młode sadzonki jadalnych gatunków roślin, znane z licznych korzyści zdrowotnych i wyjątkowego wyglądu oraz intensywnym smakiem. Pomimo licznych zalet, microgreens są wysoce podatne na stesy abiotyczne, zwłaszcza stres suszy, co prowadzi do szybkiej utraty świeżości, gnicia oraz wędnięcia. 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. Gatunki *Bacillus*, powszechnie związane z roślinami odpornymi na suszę, wykazały pozytywny wpływ na rośliny w warunkach stresu suszy. Nasze badanie ma na celu wyselekcjonowanie i zidentyfikowanie szczepów *Bacillus subtilis* i *Bacillus coagulans*, wyizolowanych z produktów mlecznych i kiszzonek, w celu poprawy jakości, trwałości oraz odporności na suszę microgreens. Prezentowane wyniki przedstawiają proces izolacji, identyfikacji i selekcji najlepszego szczepu do inokulacji microgreens, z wykorzystaniem zarówno technik mikrobiologii konwencjonalnej, jak i podejść omicznych.

Searching for the perfect pick: screening the bacterial isolates from pickles for selection the top strain for microgreens inoculation

Microgreens, the young seedlings of edible plant species, boast various health benefits and temptate consumers with their unique appearance and flavorful taste. Despite their numerous health benefits, microgreens are highly vulnerable to abiotic stresses, particularly drought, leading to rapid loss of freshness and susceptibility to rot and wilting. Current literature offers limited guidance on addressing these. However, research on microbial species, particularly bacteria, reveals promising mechanisms for plants to adapt to drought conditions. *Bacillus* species, commonly associated with drought-tolerant plants, have shown positive effects on crop yields under drought stress. Our study aims to select and identify strains of *Bacillus subtilis* and *Bacillus coagulans*, isolated from dairy and fermented products, to enhance the quality, shelf-life, and drought resistance of microgreens. The presented results outline the process of isolating, identifying, and selecting the optimal strain for use as an inoculant in microgreen production, using both conventional microbiology techniques, and omics approaches.

This work was supported by The National Centre for Research and Development within the framework of the program OPUS-23, contract number 2022/45/B/NZ9/04254.

Oddziaływanie niklu, kadmu i kobaltu na mikrobiom ryzosfery roślin uprawnych

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

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

Badania miały na celu przedstawienie ocenę różnorodności bakterii w glebie zanieczyszczonej Cd^{2+} , Co^{2+} i Ni^{2+} . Roślinami doświadczalnymi były *Brassica napus*, *Elymus elongatus* L. i *Zea mays* L. W glebie określono liczebność drobnoustrojów, indeks rozwoju kolonii (CD), współczynnik ekofizjologicznej różnorodności (EP) drobnoustrojów oraz różnorodność genetyczną bakterii. Zanieczyszczenie gleby Cd^{2+} , Co^{2+} i Ni^{2+} istotnie zmieniało różnorodność mikrobiologiczną gleby. W glebie zanieczyszczonej Cd^{2+} dominowały bakterie z rodzaju *Sphingobium*, *Bacillus*, *Streptomyces*, *Paenibacillus*, *Planctomyces*, *Aquicella*, *Methylibium*, *Iamia*, *Mesorhizobium*, *Pirellula*, *Aeromicrobium*, *Thermomonas*, *Rhodobacter*, *Sphingomonas*, *Candidatus*, Co^{2+} – *Thermomonas*, *Sphingobium*, *Streptomyces*, *Planctomyces*, *Aquicella*, *Luteolibacter*, *Methylibium*, *Iamia*, a Ni^{2+} – *Luteolibacter*, *Methylibium*, *Candidatus Xiphinematobacter*, *Pseudoxanthomonas*, *Planctomyces*, *Aquicella*, *Iamia*, *Pirellula*, *Thermomonas*, *Rhodobacter*, *Lysobacter* Unikalnymi bakteriami w uprawie *Brassica napus* były: *Deinococcus*, *Sphingomonas*, *Elymus elongatus* L. – *Luteolibacter*, *Methylibium*, *Iamia*, *Pirellula* i *Zea mays* L. – *Sphingomonas*, *Lysobacter*, *Sphingobium*. Stwierdzono, że *Elymus elongatus* L. może być użyty do fitoekstrakcji Cd^{2+} , natomiast *Brassica napus* i *Zea mays* L. do fitostabilizacji Cd^{2+} i Co^{2+} .

Effects of nickel, cadmium and cobalt on the rhizosphere microbiome of crop plants

The study was designed to evaluate the bacterial diversity in soils contaminated with Cd^{2+} , Co^{2+} and Ni^{2+} . The experimental plants were *Brassica napus*, *Elymus elongatus* L. and *Zea mays* L. Microbial abundance, colony development index (CD), ecophysiological diversity index (EP) of microorganisms and genetic diversity of bacteria were determined in the soil. Soil contamination with Cd^{2+} , Co^{2+} and Ni^{2+} significantly altered soil microbial diversity. Soils contaminated with Cd^{2+} were dominated by *Sphingobium*, *Bacillus*, *Streptomyces*, *Paenibacillus*, *Planctomyces*, *Aquicella*, *Methylibium*, *Iamia*, *Mesorhizobium*, *Pirellula*, *Aeromicrobium*, *Thermomonas*, *Rhodobacter*, *Sphingomonas*, *Candidatus*, Co^{2+} – *Thermomonas*, *Sphingobium*, *Streptomyces*, *Planctomyces*, *Aquicella*, *Luteolibacter*, *Methylibium*, *Iamia* and Ni^{2+} – *Luteolibacter*, *Methylibium*, *Candidatus Xiphinematobacter*, *Pseudoxanthomonas*, *Planctomyces*, *Aquicella*, *Iamia*, *Pirellula*, *Thermomonas*, *Rhodobacter*, *Lysobacter*. The unique bacteria in *Brassica napus* cultures were: *Deinococcus*, *Sphingomonas*, *Elymus elongatus* L. – *Luteolibacter*, *Methylibium*, *Iamia*, *Pirellula* and *Zea mays* L. – *Sphingomonas*, *Lysobacter*, *Sphingobium*. It was found that *Elymus elongatus* L. can be used for Cd^{2+} phytoextraction, while *Brassica napus* and *Zea mays* L. can be used for Cd^{2+} and Co^{2+} phytostabilisation.

Oddziaływanie preparatu Arpon G na mikrobiom gleby: ocena wpływu na zdrowie roślin i funkcje gleby

Agata Borowik, Jadwiga Wyszowska, Magdalena Zaborowska, Jan Kucharski

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

Poszerzająca swój zasięg pula zastosowań pyretroidów, w tym cypermetryny – substancji aktywnej preparatu Arpon G, stała się podstawą do określenia celu badawczego. W badaniach zwerfikowano wpływ Arpon G, zarówno na wzrost i rozwój *Zea mays*, jak również kondycję gleby. Dlatego też scharakteryzowano alfa i beta różnorodność zbiorowisk bakterii i grzybów z wykorzystaniem metody NGS i reakcją enzymów glebowych. Pozytywna odpowiedź *Zea mays* na aplikację do gleby cypermetryny korespondowała z wyższą aktywnością mikrobiologiczną i biochemiczną gleby. Zmiany różnorodności, zarówno alfa, jak i beta, bakterii oraz grzybów w większym stopniu podyktowane były obsianiem gleby *Zea mays* niż zanieczyszczeniem jej cypermetryną, przy czym wpływ tych parametrów był mniej istotny w odniesieniu do grzybów. Mimo że w glebie dominowały bakterie należące do typu Actinobacteria oraz grzyby należące do Ascomycota, zastosowanie Arpon G w większym stopniu zmniejszyło obfitość unikalnych sekwencji nukleotydowych mykobiomu niż bakteriobiomu. Potencjał inhibicyjny Arpon G ujawnił się w glebie obsianej *Zea mays* jedynie wobec fosfatazy alkalicznej i arylosulfatazy. Aktywność katalazy, dehydrogenaz, β -glukozydazy, arylosulfatazy i fosfatazy alkalicznej była najsilniej powiązania z obfitością bakterii, a dehydrogenaz z obfitością grzybów na poziomie rodzaju.

The impact of Arpon G product on soil microbiome: assessing its influence on plant health and soil functions

Expanding the range of applications of pyrethroids, including cypermethrin – the active substance of Arpon G, became the basis for defining the research goal. The study verified the impact of Arpon G on both the growth and development of *Zea mays* as well as the soil condition. Therefore, the alpha and beta diversity of bacterial and fungal communities were characterized using NGS methods and soil enzyme reactions. The positive response of *Zea mays* to cypermethrin application to the soil corresponded with higher microbiological and biochemical soil activity. Changes in diversity, both alpha and beta, of bacteria and fungi were more influenced by *Zea mays* soil seeding than by cypermethrin contamination, with the impact of these parameters being less significant regarding fungi. Although bacteria belonging to the Actinobacteria type and fungi belonging to Ascomycota predominated in the soil, the application of Arpon G reduced the abundance of unique mycobioime nucleotide sequences more than bacteriome ones. The inhibitory potential of Arpon G was revealed in *Zea mays*-seeded soil only towards alkaline phosphatase and arylsulfatase. The activity of catalase, dehydrogenases, β -glucosidase, arylsulfatase, and alkaline phosphatase was strongly associated with the abundance of bacteria, while dehydrogenases were associated with fungal abundance at the genus level.

Indukcja genów *vir* *Agrobacterium tumefaciens* C58 – czynnik modyfikujący lipidom tych bakterii

Adam Choma, Kamil Żebracki, Piotr Koper, Andrzej Mazur, Anita Swatek,
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 tumefaciens C58 to fitopatogen infekujący głównie rośliny dwuliścienne, odpowiedzialny za wywoływanie choroby zwanej guzowatością. Choroba ta powstaje w wyniku transformacji genetycznej tkanek rośliny-gospodarza. Za transformację nowotworową tkanek odpowiadają geny *vir* zlokalizowane na plazmidzie pTi. Ekspresja tych genów następuje pod wpływem czynników środowiskowych, takich jak niskie pH, cukry proste oraz związki z grupy fenoli (np. acetosyringon). Kluczowe znaczenie w bezpośredniej interakcji bakterii z rośliną mają lipidy błonowe *A. tumefaciens*. Przeprowadzono badania lipidomu *A. tumefaciens* C58 w warunkach standardowych oraz w warunkach stresu indukującego geny wirulencji (niskie pH, obecność glukozy i acetosyringonu). Analiza wyizolowanych frakcji lipidów komórkowych metodami chromatografii cienkowarstwowej i spektrometrii mas wskazuje na zmiany o charakterze ilościowym przy minimalnych modyfikacjach składu jakościowego. Obserwowane zmiany lipidomu korelowano ze zmianami ekspresji genów związanych z metabolizmem agrobakterii (analiza transkryptomyczna).

Badania sfinansowane ze środków projektu NCN Opus nr 2018/31/B/NZ9/01755.

Induction of *Agrobacterium tumefaciens* C58 *vir* genes – a factor modifying the lipidome of these bacteria

Agrobacterium tumefaciens strain C58 is a phytopathogen that primarily infects dicotyledonous plants. It is responsible for causing a disease characterized by tumor formation, resulting from the genetic transformation of host plant tissues. The *vir* genes, located on the pTi plasmid of *A. tumefaciens* are responsible for this tumorigenic transformation. The expression of *vir* genes is induced by environmental factors, such as low pH, monosaccharides (e.g. glucose), and the presence of phenolic compounds (e.g. acetosyringone). The composition of membrane lipids in *A. tumefaciens* cells is also crucial for direct interaction of bacteria with the host plant. Lipidome studies of *A. tumefaciens* C58 were performed under standard conditions and under stress inducing virulence genes (low pH, presence of glucose and acetosyringone). Analyses of isolated cellular lipid fractions using TLC and mass spectrometry methods indicate quantitative changes with minimal modifications in qualitative composition of the lipidome. The observed changes in the lipidome were correlated with changes in the expression of genes related to agrobacterial metabolism (transcriptome analysis).

This work was supported by the NCN OPUS grant no. 2018/31/B/NZ9/01755.

Mikrobiom ryzosfery wybranych roślin ruderalnych pobranych z gleb silnie zdegradowanych i długotrwale zanieczyszczonych ropą naftową – badania wstępne

Jarosław Ciepiał¹, Agata Janczarek¹, Karolina Gawryjołek¹, Aleksandra Ukalska-Jaruga², Barbara Abramczyk¹, Anna Marzec-Grządziel¹, Anna Gałązka¹

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

²Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Głównym celem badań było wyjaśnienie roli roślinności ruderalnej, jej ryzosfery, mikroorganizmów autochtonicznych w procesach naturalnej, samoistnej bioremediacji gleb zanieczyszczonych przez wiele lat. Rośliny pozyskano z terenów zabytkowej Kopalni Ropy Naftowej w Węglówce. Tereny te zostały silnie zanieczyszczone i zdegradowane (ponad stuletnie zanieczyszczenie). Do badań wytypowano następujące rośliny: mniszek lekarski, skrzyp polny, babkę lancetowatą, żywakost, koniczynę czerwoną. DNA ekstrahowano bezpośrednio z ryzosfery. Dokonano charakterystyki mikrobiomu ryzosfery roślin ruderalnych. Określono następujące analizy: zróżnicowanie funkcjonalne przy użyciu systemu Biolog, sekwencjonowanie nowej generacji (NGS) regionów zmiennych (16S rRNA dla bakterii). Dodatkowo oznaczono parametry chemiczne próbek roślin i gleby (Corg, Nmin, Σ16 WWA i pierwiastki śladowe). W roślinach przeprowadzono następujące analizy: aktywność biologiczną wybranych metabolitów wtórnych, oznaczenie profilu metabolomicznego i zawartości związków fenolowych.

The rhizosphere microbiome of selected ruderal plants collected from highly degraded and long-term petroleum polluted soils – preliminary studies

The main objective of the study was to explain the role of ruderal vegetation, its rhizosphere, autochthonous microorganisms in the processes of natural, spontaneous bioremediation of soils that have been polluted for many years.

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). 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 addition, the chemical parameters of plant and soil samples (Corg, Nmin, Σ16 PAHs and trace elements) were determined. 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.

Analiza sieci powiązań zbiorowisk bakterii w uprawie współrzędnej pszenicy i koniczyny

Magdalena Frąc¹, Dominika Siegieda¹, Jacek Panek¹, Beata Feledyn-Szewczyk²,
Shamina Imran Pathan³, Giacomo Pietramellara³

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

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

³Università degli Studi di Firenze, Florencja, Włochy

Ze względu na fakt, że uprawa współrzędna obejmuje uprawę więcej niż jednej rośliny na tym samym polu, w tym samym czasie, można założyć, że wydzieleny korzenowe różnych roślin zmieniają warunki podłoża glebowego i powodują przesunięcia w składzie i strukturze zespołów mikroorganizmów, a także mają wpływ na interakcje między mikroorganizmami. W celu rozpoznania interakcji zachodzących w zbiorowiskach bakterii wykonane zostały analizy sekwencjonowania bibliotek bakteryjnych genu 16S rDNA na platformie MiSeq Illumina, a przeprowadzona analiza statystyczna obejmowała analizę sieci powiązań pomiędzy 200 najliczniej występującymi bakteriami w uprawach współrzędnych i tych w czystym siewie, przy czym analizy przeprowadzono osobno dla ekologicznego i integrowanego systemu produkcji. Badania zostały przeprowadzone w oparciu o długoterminowe doświadczenie polowe dotyczące systemów uprawy, założone w 1994 roku. Przeprowadzone badania wykazały istotne różnice w obrębie uzyskanych sieci powiązań pomiędzy monouprawą a uprawą współrzędą, co wskazuje na zróżnicowanie mikroorganizmów zasiedlających dane środowisko i reagujących na zastosowane czynniki.

Network analysis of bacterial communities in intercropping of wheat and clover

Due to the fact that intercropping involves growing more than one plant in the same field at the same time, it can be assumed that root exudates of different plants change the soil conditions and cause shifts in the composition and structure of microbial communities, and also influence on interactions between microorganisms. In order to recognize the interactions occurring in bacterial communities, sequencing analyzes of 16S rDNA gene bacterial libraries were performed on the MiSeq Illumina platform, and the statistical analysis included an analysis of the network between the 200 most abundant bacteria in intercropping and monocropping, with the analyzes being carried out separately for organic and integrated production system. The research was carried out based on long-term field experiment regarding cultivation systems, established in 1994. The conducted research showed significant differences in the obtained networks of connections between monocropping and intercropping, which indicates the diversity of microorganisms inhabiting a given environment and reacting to the factors used.

Research funded under the Horizon Europe Program financed by the European Union, contract number: Project 101082289 — LEGUMINOSE.

Wpływ biostymulatora BTH na dojrzewanie oraz indukcję odporności różnych odmian *Solanum lycopersicum* L.

Patryk Frąckowiak¹, Urszula Gawlik², Małgorzata Majcher³,
Aleksandra Obrepalska-Stęplowska¹

¹Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Władysława Węgorka 20, 60-318 Poznań

²Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

³Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Pomidor jest rośliną istotną gospodarczo, w produkcji którego Polska znajduje się na 28. miejscu w skali światowej. Podobnie jak inne rośliny, pomidor jest narażony na szereg stresów spowodowanych przez czynniki abiotyczne, jak również biotyczne, co powoduje straty w jego uprawie. Przyczyną ich są m.in. żerowanie szkodników oraz choroby powodowane przez wiele patogenów, w tym przez wirusy roślinne. Aktualna produkcja roślin pomidora odbywa się zarówno w ziemi, jak również w szklarniach zaopatrzonych w system uprawy hydroponicznej. Aby zwiększyć efektywność indukowanej odporności, w hodowli roślin zaczęto stosować naturalne bądź syntetyczne biostymulatory, przykładem których jest 7-tiokarboksybenzo[1.2.3]thiadiazolan metylu (BTH). Celem niniejszych badań była ocena wpływu BTH na dojrzewanie oraz zmiany metaboliczne w owocach 5 odmian roślin pomidora hodowanych w ziemi oraz w uprawie hydroponicznej. Wyniki badań wskazują na wpływ BTH nie tylko na indukcję odporności roślin, lecz również na zmiany w ilości owoców, we wzroście roślin, syntezie związków lotnych i związków prozdrowotnych w owocach, które są także zależne od odmiany oraz metody uprawy. Wyniki omawianych badań przysłużą się do lepszego zrozumienia działania BTH na uprawy pomidora oraz do poprawy walorów konsumenckich owoców traktowanych roślin.

Finansowanie: Grant OPUS22 nr 2021/43/B/NZ9/00970.

The impact of the biostimulant BTH on ripening and resistance induction in different varieties of *Solanum lycopersicum* L.

Tomato is an economically significant plant, with Poland ranking 28th globally in its production. Like other crops, tomatoes are susceptible to various stresses caused by both abiotic and biotic factors, leading to losses in plant production. Some of the causes include pest feeding and diseases caused by a range of pathogens, including plant viruses. Current tomato cultivation occurs both in soil and in hydroponic systems within greenhouses. To enhance induced resistance efficiency, natural or synthetic biostimulants have been introduced in plant cultivation, with an example being 7-thiocarbonylbenzo[1.2.3]thiadiazole methyl (BTH). The aim of this study was to assess the impact of BTH on ripening and metabolic properties in the fruits of five tomato plant varieties cultivated in soil and hydroponic systems. The research findings indicate that the BTH not only influenced plant resistance induction but also affected fruit quantity, plant growth, synthesis of volatile compounds, and health-promoting compounds in fruits, all of which were dependent on the variety and cultivation method. The results of these studies will contribute to a better understanding of BTH's effects on tomato cultivation and might improve the consumer qualities of fruits from treated plants.

Financing: Grant OPUS22 No. 2021/43/B/NZ9/00970.

Rola adiuwantów w modulacji odpowiedzi mikrobioty glebowej na glifosat

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

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

²Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów, Wydział Medyczny,
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin

Mikroorganizmy zasiedlające użytkowane rolniczo gleby są poddawane działaniu ksenobiotyków, do których należą herbicydy. Większość badań skupia się wyłącznie na oddziaływaniu głównej aktywnej substancji. Tymczasem w skład komercyjnych roztworów wchodzi także adiuwanty – związki, które poprzez kondycjonowanie wody, zmniejszanie napięcia powierzchniowego lub naruszanie struktury ściany komórkowej roślin podtrzymują lub wzmagają działanie herbicydu. Związkom tym poświęcono dotychczas niewiele uwagi. W niniejszej pracy wykazano różnice w odpowiedzi mikrobioty glebowej pozyskanej z gleb użytkowanych rolniczo na herbicyd (glifosat – GF) w formie czystej substancji (GFP) oraz komercyjnej formułacji zawierającej adiuwanty (GFC). Poprzez sekwencjonowanie następnej generacji, uwzględniające wzorzec ilościowy, wyszczególniono taksony, które odgrywają kluczową rolę w odpowiedzi mikrobioty glebowej na GFP i GFC. Generalnie dodatek GF stymulował wzrost mikroorganizmów. Wielkość efektu różniła się jednak w zależności od gleby. W porównaniu do GFP, w próbkach zawierających GFC ogólna liczebność mikrobioty była większa. GFC promował też wzrost większej liczby taksonów.

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

The importance of adjuvants in modulating the response of the soil microbiota to the glyphosate

Microorganisms inhabiting agriculturally used soils are exposed to xenobiotics, among which are herbicides. Most studies focus exclusively on the effects of the main active substance. Meanwhile, commercial formulations also include adjuvants – compounds that, by conditioning water, reducing surface tension or disrupting the structure of the plant cell wall, sustain or enhance the effect of the herbicide. These compounds have received little attention to date. In the present study, differences in the response of soil microbiota extracted from agriculturally used soils to the herbicide (glyphosate – GF) in pure substance form (GFP) and a commercial formulation containing adjuvants (GFC) were demonstrated. Through next-generation sequencing, including quantitative standardisation, taxa that play a key role in shaping the response of the soil microbiota to GFP and GFC were specified. In general, the addition of GF stimulated microbial growth. However, the magnitude of the effect differed between soils. Compared to GFP, overall microbiota abundance was higher in samples containing GFC. GFC also promoted the growth of a greater number of taxa.

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

Zmiany w strukturze i aktywności mikrobioty glebowej pod wpływem glifosatu

Adam Furtak¹, Anna Sochaczewska², Anna Pytlak¹, Anna Szafranek-Nakonieczna²

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

²Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów, Wydział Medyczny,
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin

Glifosat (GF) jest najczęściej wykorzystywanym herbicydem na świecie. Mechanizm jego działania opiera się na inhibicji szlaku szikimowego, który jest wykorzystywany nie tylko przez rośliny, ale także mikroorganizmy przez co GF może oddziaływać hamująco także na mikrobiotę glebową. Jednocześnie, ulegając biodegradacji GF, może stanowić dla niej źródło C, N i P. Dotychczasowa wiedza wskazuje, iż efekt działania GF jest zależny od lokalnych warunków środowiskowych. W pracy zaprezentowano badania dotyczące wpływu GF na aktywność i skład społeczności mikroorganizmów występujących w madzie, reprezentującej typ gleb o dużym zastosowaniu w rolnictwie. Wykazano, że nawet przy zastosowaniu wysokich dawek GF, struktura społeczności mikroorganizmów podległa jedynie niewielkim zmianom, zarówno w wymiarze ilościowym, jak i jakościowym. Zaobserwowano natomiast znaczącą stymulację aktywności respiracyjnej, wskazującą na wykorzystanie GF jako substratu przez mikroorganizmy glebowe.

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

Changes in the structure and activity of soil microbiota in response to glyphosate exposure

Glyphosate (GF) is the most widely used herbicide in the world. Its mechanism of action is based on inhibition of the shikimate pathway. It is used not only by plants but also by microorganisms, so GF can also have an inhibitory effect on the soil microbiota. At the same time, being biodegradable, it can be a source of C, N and P for it. The existing knowledge indicates that the effect of GF is dependent on local environmental conditions. The current study reports on the effects of GF on the activity and composition of the microbial community present in a fluvisol representing a soil type with high agricultural use. It was shown that even at high doses of GF, the structure of the microbial community underwent only minor changes, both quantitatively and qualitatively. However, a significant stimulation of respiratory activity was observed, indicating the use of GF as a substrate by soil microorganisms

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

Opracowanie innowacyjnego preparatu mikrobiologicznego o charakterze osmoprotekcyjnym do wspomaganie oraz ochrony roślin uprawnych w warunkach stresu osmotycznego wywołanego zmienną wilgotnością gleby i zasoleniem (OSMO-PROTECT)

Karolina Furtak, Karolina Gawryjolek

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

Pogarszająca się jakość gleb przy jednoczesnym wzroście populacji i zapotrzebowania na żywność wymagają innowacyjnego spojrzenia na rolnictwo, do czego nawołuje UE w obecnej misji glebowej. Stres osmotyczny jest jednym z głównych stresów abiotycznych oraz bezpośrednio wpływa na wzrost i plonowanie roślin. Postępujące zmiany klimatu powodują wydłużanie się okresów suszy oraz występowanie powodzi. Jednocześnie obserwuje się nadmierne stosowanie nawozów mineralnych w formie soli. W rezultacie zjawisko stresu osmotycznego występuje coraz częściej jako bezpośredni skutek suszy i zasolenia.

Głównym celem projektu jest opracowanie innowacyjnego biopreparatu ukierunkowanego na przeciwdziałanie skutkom stresu osmotycznego występującego w środowisku glebowym, jako następstwo zmian klimatu i działalności człowieka.

Opracowanie powstało w ramach realizacji projektu nr LIDER14/0250/2023 finansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju (NCBR).

Development of an innovative osmoprotective microbial preparation for the support and protection of crop plants under osmotic stress conditions caused by variable soil moisture and salinity (OSMO-PROTECT)

Degrading soil quality coupled with population growth and food demand require an innovative view of agriculture, as called for in the EU's current Soil Mission. Osmotic stress is one of the main abiotic stresses and directly affects plant growth and yield. Progressive climate change is causing prolonged periods of drought and the occurrence of floods. At the same time, there is an excessive use of mineral fertilisers as salts. As a result, the phenomenon of osmotic stress is occurring more and more frequently as a direct consequence of drought and salinity.

The main objective of the project is to develop an innovative biopreparation aimed at counteracting the effects of osmotic stress occurring in the soil environment as a consequence of climate change and human activity.

The research was developed as part of project No. LIDER14/0250/2023 funded by the National Centre for Research and Development (NCBR).

Autochtoniczny mikrobiom lekkiej mady rzecznej (*Fluvisols*) i jego reakcja na nadmierną wilgotność gleby

Karolina Furtak¹, Anna Marzec-Grządziel¹, Agnieszka Wolińska²

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

²Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin

Celem badań było określenie wpływu symulowanej powodzi na zmiany w strukturze autochtonicznego mikrobiomu gleby. Wykonano modelowe doświadczenie, w którym lekką madę rzeczną pobrano z miejscowości Opatkowice (woj. lubelskie) spod uprawy porzeczki czarnej oraz najbliższej łąki. Gleby umieszczono w pojemnikach, a następnie zalano wodą pobraną z rzeki Wisły. W świeżej glebie oraz po 2., 4., 7., 9., 12. i 14. dniach od zalania analizowano społeczność bakterii z wykorzystaniem sekwencjonowania następczej generacji regionu V3-V4 genu 16S rRNA (Illumina, MiSeq).

W trakcie całego doświadczenia gleby posiadały 119 wspólnych taksonów bakteryjnych, wśród których dominowały niezidentyfikowane do rodzaju bakterie z klasy Acidobacteria i rzędu Rhizobiales. Z bakterii zidentyfikowanych na poziomie rodzaju wymienić należy *Mycobacterium* i *Bacillus*. Udział poszczególnych taksonów w mikrobiomie w trakcie doświadczenia ulegał zmianom, co świadczy o tym, że nawet mikrobiom autochtoniczny, występujący w glebie o różnym sposobie gospodarowania, jest wrażliwy na stres wodny.

Badania wykonano w ramach projektu nr 2019/35/N/NZ9/00830 finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki (NCN).

The autochthonic microbiome of light river muds (*Fluvisols*) and its response to excessive soil moisture

The aim of the study was to determine the effect of simulated flooding on changes in the structure of the autochthonous soil microbiome. A model experiment was carried out, in which light river silt was taken from the village of Opatkowice (Lublin voivodeship) from blackcurrant cultivation and the nearest meadow. The soils were placed in containers and then flooded with water taken from the River Vistula. The bacterial community was analysed in fresh soil and after 2, 4, 7, 9, 12 and 14 days after flooding using next-generation sequencing of the V3-V4 region of the 16S rRNA gene (Illumina, MiSeq).

Throughout the experiment, the soils had 119 common bacterial taxa, among which bacteria from the class Acidobacteria and order Rhizobiales, unidentified to genus, predominated. Of the bacteria identified to genus level, *Mycobacterium* and *Bacillus* should be mentioned. The proportion of individual taxa in the microbiome fluctuated over the course of the experiment, indicating that even the autochthonous microbiome found in soils with different management practices is sensitive to water stress.

The research was carried out within the framework of project No. 2019/35/N/NZ9/00830 funded by the National Science Centre Poland (NCN).

Mikrobiom gleb silnie zdegradowanych i długotrwale zanieczyszczonych ropą naftową – badania wstępne

Anna Gałązka¹, Agata Janczarek¹, Jarosław Ciepiał¹, Karalina Gawryjołek¹, Aleksandra Ukalska-Jaruga², Barbara Abramczyk¹, Anna Marzec-Grządziel¹

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

²Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Głównym celem badań jest wyjaśnienie roli autochtonicznych mikroorganizmów w procesach naturalnej, spontanicznej bioremediacji gleb długoletnio zanieczyszczonych. Gleby zostały pobrane spod wyciągów ropy naftowej na terenie historycznej Kopalni Ropy Naftowej w Węglówce z wybranych 9 najstarszych odwiertów naftowych. DNA wyizolowano bezpośrednio z gleby oraz ryzosfery. Wykonana została izolacja i charakterystyka szczepów bakteryjnych i grzybowych wyizolowanych z ryzosfery roślin ruderalnych. Szczepy zostały ocenione na podstawie testów morfologicznych, biochemicznych i genetycznych. 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). W materiale roślinnym oceniono: aktywność biologiczną wybranych metabolitów wtórnych i zawartość 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).

Microbiome of long-term oil-contaminated soils – preliminary research

The main objective of the study is to explain the role of autochthonous microorganisms in the processes of natural, spontaneous bioremediation of soils that have been polluted for many years. Soil samples were collected from selected 9 oldest oil wells in the historic Oil Mine in Węglówka. DNA was extracted directly from the soil and rhizosphere. Isolation and characterization of bacterial and fungal strains isolated from the rhizosphere and endorhizosphere of ruderal plants were performed. The strains were assessed on the basis of morphological, biochemical and genetic tests. The following analyses were determined: functional diversity using the Biolog system, next generation sequencing (NGS) of variable regions (16S rRNA for bacteria and ITS for fungi) and viral NGS (Shotgun sequencing). In addition, the chemical parameters of plant and soil samples (Corg, Nmin, Σ16 PAHs and trace elements) were determined. 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.

Aktywność biologiczna w kontekście biologicznego wietrzenia i powstawania gleby pod drzewami

Anna Gałązka¹, Anna Marzec-Grządziel¹, Łukasz Pawlik²

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

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

Badano profile glebowe wytworzone pod drzewami na podłożu granitowym w dwóch częściach Sudetów w południowo-zachodniej Polsce: w Rudawach Janowickich i Górach Stołowych. Stopniowo wykopywano profile glebowe i pobierano próbki gleby z różnych wcześniej określonych miejsc strefy korzeniowej: 1) gleba masowa, 2) ryzosfera, 3) pęknięcia, 4) wierzchnia warstwa gleby i 5) pozycje kontrolne. Ogółem badaniom chemicznym i mikrobiologicznym gleby poddano 103 próbki. Analizy gleby obejmowały: całkowitą zawartość węgla organicznego (C) i azotu (N), pH_{H₂O} gleby, rozpuszczalne żelazo (Fed) i glin (Ald), żelazo niekryształiczne (amorficzne) (Feox) i glin (Alox). Przeprowadzono analizy mikrobiologiczne z wykorzystaniem systemu Biolog (EcoPlate) w celu określenia różnorodności funkcjonalnej mikroorganizmów glebowych. Drzewa rozwinęły różne struktury korzeni, których wzrost był prawdopodobnie kontrolowany przez głębokość podłoża skalnego oraz istniejącą sieć pęknięć i szczelin. Gleba ryzosferyczna powstająca wzdłuż korzeni charakteryzowała się istotnie odmiennymi właściwościami chemicznymi niż pozostałe typy gleb.

Badania przeprowadzono w ramach realizacji projektu: NCN 2019/33/B/ST10/01009 „TreesBEEs – Drzewa jako biogeomorfologiczny czynnik przemiany ekosystemów – wietrzenie biologiczne, inicjalny rozwój gleb i formowanie rzeźby stoku pod wpływem korzeni drzew, bakterii ryzosferowych i grzybów mikoryzowych” (2019-2024).

Biological activity in the context of biological weathering and soil formation under trees

Soil profiles developed under trees on granite bedrock were investigated in two parts of the Sudety Mountains, SW Poland: the Rudawy Janowickie Mountains, and the Stołowe Mountains. Soil profiles were gradually excavated, and soil samples were collected from various pre-defined positions of the root zone: 1) bulk soil, 2) rhizosphere, 3) cracks, 4) topsoil, and 5) control positions. Soil analyses included: total organic carbon (C) and nitrogen (N) content, soil pH_{H₂O}, soluble iron (Fed), and aluminum (Ald), non-crystalline (amorphous) iron (Feox), and aluminum (Alox). Microbiological analyses were conducted with the application of a Biolog (EcoPlate) system to determine the functional diversity of soil microorganisms. Trees developed different root architectures whose growth was likely controlled by the depth to bedrock and existing net of fractures and fissures. The rhizospheric soil formed along the roots had significantly different chemical properties than the other soil types.

Zróżnicowanie mikrobiomu bakteryjnego w glebach uprawnych i nieużytku uzupełnionych skałą płonną – odpadem po wydobyciu węgla kamiennego

Aleksandra Garbacz¹, Jolanta Jaroszuk-Ściseł², Artur Nowak², Anna Marzec-Grządziel³, Marcin Przybyś⁴, Anna Słomka², Anna Gałązka³, Grzegorz Grzywaczewski¹

¹Katedra Zoologii i Ekologii Zwierząt, Wydział Biologii Środowiskowej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

²Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

³Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa –

Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy,

⁴Zakład Hodowli i Biotechnologii Roślin, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa –

Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Analiza danych sekwencjonowania bakterii w ryzosferze gleby bielcowej poddanej rekultywacji skałą płonną (odpadem po wydobyciu węgla kamiennego) i bez wpływu tej skały (kontrola) o różnym typie użytkowania rolniczego i pokrywy roślinnej (nieużytki z ubogą gatunkowo roślinnością i gleby z uprawą rośliny jednoliściennej – owsa i dwuliściennej – gryka) wykazała duże różnice zarówno na poziomie typów, jak i rodzajów. Skład bakterii, który był niemal identyczny w obu glebach uprawnych, uległ wyraźnej zmianie pod wpływem skały płonnej. W glebie nieużytkowanej rolniczo pod wpływem skały płonnej wzrósł udział Proteobacteria (do poziomu obserwowanego w glebie uprawnej) oraz udział Acidobacteria, a znacząco spadła relatywna liczebność Actinobacteria. Na poziomie rodzajowym zaobserwowano wzrost RDA rodzajów *Acidocella* i *Acidiphilum* (związany z efektem obniżenia wartości pH) i znaczny spadek liczebności bakterii z rodzajów *Clostridium* i *Rhizobium*.

Badania sfinansowane ze środków projektu „Staż za miedzą” Związku Uczelni Lubelskich (ZUL).

Diversity of the bacterial microbiome in cultivated and uncultivated soils supplemented with coal mining waste rock

The analysis of bacterial sequencing data in the rhizosphere of podzolic soil, with and without the influence of coal mining waste rock (control) with different types of agricultural use and vegetation cover (wasteland with species-poor vegetation and soil with monocotyledonous crop – oats and dicotyledonous crop – buckwheat) showed large differences at both type and genus level. The bacterial composition, which was almost identical in both cultivated soils, changed markedly under the influence of the waste rock. In the non-agricultural soil, under the influence of the waste rock, the proportion of Proteobacteria (to the level observed in the cultivated soil) and Acidobacteria increased and the RDA of Actinobacteria decreased significantly. At the genus level, an increase in the RDA of the genera *Acidocella* and *Acidiphilum* was observed (related to the pH value lowering effect) and a significant decrease in the abundance of bacteria of the genera *Clostridium* and *Rhizobium*.

Research funded by the „Internship behind the border” project of the Union of Higher Education Institutions (ZUL) in Lublin.

Mikroflora oraz występowanie mikroorganizmów potencjalnie tworzących biofilm w instalacji wodociągowej różnych dzielnic miasta Częstochowa

Agnieszka Godela, Joanna Kończyk, Marcin Sysa, Robert Biczak

Wydział Nauk Ścisłych, Przyrodniczych i Technicznych, Uniwersytet Jana Długosza w Częstochowie

Przedsiębiorstwo Wodociągów i Kanalizacji Okręgu Częstochowskiego SA w Częstochowie dostarcza wodę o parametrach, jakie powinna spełniać woda przeznaczona do spożycia przez ludzi pod względem mikrobiologicznym, chemicznym i fizycznym, niemniej jednak istotny wpływ na jakość wody płynącej z kranu ma instalacja wodociągowa wewnątrz budynków prywatnych. Mikroorganizmy wykazują zdolność do adhezji na wewnętrznych powierzchniach rur, gdzie tworzą biofilm, który może prowadzić do wtórnego skażenia mikrobiologicznego wody. Rozwój biofilmu zależy od wielu czynników m.in. stabilności chemicznej i biologicznej wody, warunków hydraulicznych i okresów stagnacji. Prowadzone badania miały na celu określenie ogólnej liczebności bakterii mezo- i psychrofilnych, a także obecności mikroorganizmów potencjalnie patogennych, drożdży i pleśni oraz ocenę ich zdolności do tworzenia biofilmu w wodach pobranych (zgodnie normą PN-EN ISO 19458:2007) z instalacji wodociągowej domów oraz mieszkań prywatnych znajdujących się w różnych dzielnicach miasta Częstochowa. Otrzymane wyniki skorelowano ze składem mineralnym badanych wód, wyrażonym stężeniem wybranych kationów i anionów nieorganicznych.

Microflora and presence of microorganisms potentially forming biofilm in the water supply system of different districts of Częstochowa

Czestochowa District Water Supply and Sewerage Company SA in Czestochowa supplies water with parameters that should be met by water intended for human consumption in microbiological, chemical and physical terms, however, the water supply system inside private buildings has a significant impact on the quality of tap water. Microorganisms exhibit the ability to adhere to the inner surfaces of pipes, where they form a biofilm that can lead to secondary microbiological contamination of water. Biofilm development depends on many factors including chemical and biological stability of water, hydraulic conditions and stagnation periods. Biofilm development depends on many factors including chemical and biological stability of water, hydraulic conditions and stagnation periods. The aim of the research was to determine the total number of meso- and psychrophilic bacteria, as well as the presence of potentially pathogenic microorganisms, yeasts and moulds and to assess their ability to form a biofilm in water collected (according to PN-EN ISO 19458:2007) from the water supply system of houses and private flats located in different districts of Czestochowa. The obtained results were correlated with the mineral composition of the tested waters, expressed as concentration of selected cations and anions inorganic.

Wyznaczenie grup bakterii i grzybów wrażliwych/ niewrażliwych na redukcję nawożenia azotowego w glebach monokulturowych spod uprawy kukurydzy

Weronika Goraj¹, Agnieszka Kuźniar¹, Anna Kruczyńska¹, Sara Jurczyk¹,
Andrzej Słomczewski², Jacek Podlewski², Agnieszka Wolińska¹

¹ Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów, Instytut Nauk Biologicznych,
Wydział Medyczny Katolicki, Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin
²CGFP Sp. z o.o., Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

Nawożenie azotem (N) odgrywa kluczową rolę w praktykach rolniczych. Jednak nadmierne stosowanie azotu może prowadzić do niekorzystnych skutków dla środowiska, w tym degradacji gleby i naruszenia jej bioróżnorodności.

Celem badań było zidentyfikowanie grup bakterii i grzybów wrażliwych lub odpornych na redukcję nawożenia azotowego (o 20 i 40% w stosunku do dawki dedykowanej uprawie kukurydzy). Glebę pobrano przed siewem i po zbiorze kukurydzy w 2022 i 2023 roku. Skład taksonomiczny bakterii i grzybów został określony z wykorzystaniem sekwencjonowania MiSeq Illumina (Genomed SA, Warszawa). Wstępna analiza wykazała zmiany w składzie społeczności mikroorganizmów w odpowiedzi na redukcję nawożenia azotowego. Kilka taksonów bakteryjnych, takich jak: Actinobacteria i Themoleophilia, wykazywało wrażliwość na zmniejszenie dostępu do azotu, podczas gdy inne, głównie Alpha- i Gammaproteobacteria, pozostały stosunkowo nienaruszone. Podobnie, niektóre klasy grzybów, np. Eurotiomycetes i Sordariomycetes wykazywały wrażliwość na redukcję N, podczas gdy Mortierellomycetes były bardziej odporne.

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.

Determination of groups of bacteria and fungi sensitive/ insensitive to reduction of nitrogen fertilization in monoculture soils from under maize cultivation

Nitrogen (N) fertilization plays a key role in agricultural practices. However, excessive nitrogen application can lead to adverse environmental effects, including soil degradation and changes in soil biodiversity.

The aim of this study was to identify groups of bacteria and fungi that are sensitive or resistant to reductions in nitrogen fertilization (by 20 and 40% relative to the dose dedicated to the maize crop). Soils were sampled before sowing and after maize harvest in 2022 and 2023. Microbial taxonomic composition was determined using MiSeq Illumina sequencing (Genomed SA, Warsaw). Preliminary analysis showed changes in the composition of the microbial community in response to reductions in nitrogen fertilization. Several bacterial taxa, such as Actinobacteria and Themoleophilia, displayed sensitivity to reduced access to nitrogen, while others, mainly Alpha- and Gammaproteobacteria, remained relatively unaffected. Similarly, some fungal taxa, such as: Eurotiomycetes and Sordariomycetes, showed sensitivity to N reduction, while Mortierellomycetes were more resistant.

Bioróżnorodność środowiska glebowego w monokulturowej uprawie żyta i kukurydzy

Agata Gryta¹, Karolina Oszust¹, Vaclovas Boguzas², Zita Kriaučiūnienė²,
Jerzy Weber³, Magdalena Frąc¹

¹Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk w Lublinie, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

²Vytautas Magnus University, Agriculture Academy, Kaunas, Lithuania

³Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Norwida 25, 50-375 Wrocław

Bioróżnorodność środowiska glebowego kształtowana jest przez zbiorowiska mikroorganizmów bakterii, grzybów i archeonów. Organizmy te pełnią kluczowe funkcje biochemiczne umożliwiające prawidłowe funkcjonowanie ekosystemu glebowego, zapewniając obieg pierwiastków i udostępniając roślinom składniki pokarmowe. Bioróżnorodność mikroorganizmów glebowych jest ważnym parametrem w ocenie jakości gleb. Jest określana m.in. na podstawie biochemicznej aktywności podstawowych enzymów glebowych oraz metod opartych na genetycznym odcisku palca (np. t-RFLP). Celem przeprowadzonych badań była charakterystyka bioróżnorodności środowiska glebowego w monokulturowej uprawie żyta i kukurydzy. Analizy dokonano na podstawie 54-letniego doświadczenia zlokalizowanego na Litwie uwzględniającego następujące sposoby uprawy: 1) czarny ugór-kontrola, 2) uprawa bez nawożenia NPK 3) uprawa z nawożeniem NPK 4) uprawa z nawożeniem NPK, obornikiem i rośliną bobowatą. Najwyższą aktywność enzymatyczną oraz zróżnicowanie genetyczne bakterii i archeonów zanotowano w obiektach nawożonych NPK, obornikiem z uprawą rośliny bobowatej.

Biodiversity of the soil environment in monoculture cultivation of rye and maize

The biodiversity of the soil environment is shaped by communities of microorganisms such as bacteria, fungi and archaea. These organisms perform key biochemical functions enabling the proper functioning of the soil ecosystem, ensuring the circulation of elements and making nutrients available to plants. Biodiversity of soil microorganisms is an important parameter in the assessment of soil quality. It is defined based on the biochemical activity of basic soil enzymes and methods based on genetic fingerprinting (e.g. t-RFLP). The aim of the research was to characterize the biodiversity of the soil environment in monoculture cultivation of rye and maize. The analysis was made on the basis of 54-years of field experiment located in Lithuania, taking into account the following treatment: 1) fallow-control, 2) cultivation without NPK fertilization 3) cultivation with NPK fertilization 4) cultivation with NPK fertilization, manure and legume crop. The highest enzymatic activity and genetic diversity of bacteria and archaea were recorded in treatments fertilized with NPK, manure and legume crop.

This study was financed by The National Centre for Research and Development in frame of the project EJP SOIL, Project SOMPACS, contract number EJPSOIL/1/78/SOMPACS/2022.

Biopreparaty do uprawy kukurydzy oparte na *Bacilli* – podejście – omiczne

Tomasz Grzyb, Filip Prucnal, Justyna Szulc

Katedra Biotechnologii Środowiskowej, Politechnika Łódzka

Globalne zaburzenie cykli biogeochemicznych stanowi jedno z największych wyzwań współczesności. Zjawisko to jest powiązane m.in. z przenawożeniem gleb nawozami syntetycznymi. Alternatywą dla nich mogą być biopreparaty.

Spośród bakterii wyizolowanych z 6 pól uprawnych po zbiorze kukurydzy (woj. łódzkie) wyselekcjonowano 6 szczepów o największym potencjale do rozkładu resztek poźniwnych i stymulacji wzrostu kukurydzy. Następnie przeprowadzono analizy filogenetyczne oraz filogenomowe. Ponadto, poprzez eksplorację danych genomowych, określono potencjalne uzdolnienia enzymatyczne i metaboliczne szczepów. Na tej podstawie 5 szczepów zostało wybranych do dalszych badań eksperymentalnych dotyczących ich wpływu na bioróżnorodność mikrobioty glebowej, co zbadano za pomocą metataksonomiki opartej na regionach 16S rDNA bakterii oraz ITS grzybów.

Udowodniono, że badane szczepy należą do rodzajów *Bacillus*, *Paenibacillus* oraz *Priestia*. Szczepy – oraz ich mieszanina – wykazały znaczący wpływ na różnorodność mikrobioty zarówno w glebie ogrodowej, jak i glebie uprawnej, zarówno z resztkami poźniwnymi, jak i bez. Dane genomowe wskazują zarówno na obecność enzymów takich jak m.in. (hemi)celulazy, jak i np. sideroforów. Świadczy to o wysokim potencjale aplikacyjnym badanych szczepów w produkcji biopreparatów dla rolnictwa.

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.

An -omic approach to *Bacilli* – based biopreparations for maize cultivation

The global disruption of biogeochemical cycles represents one of the greatest present-day challenges. This phenomenon is linked to, i.e., over-fertilisation of soils with synthetic fertilisers. Biopreparations can provide an alternative to these.

6 strains with the greatest potential for decomposition of post-harvest residues and stimulation of maize growth were selected from isolates from 6 fields after maize harvest (Lodz voivodeship). Phylogenetic and phylogenomic analyses were carried out. The strains' potential enzymatic and metabolic capacities were determined through genomic data mining. 5 strains were selected for further experimental studies on their impact on soil microbiota biodiversity, investigated using metataxonomics based on the 16S rDNA region of bacteria and ITS region of fungi. The strains were proven to belong to the genera *Bacillus*, *Paenibacillus* and *Priestia*. The strains – and their mixture – showed a significant effect on the diversity of microbiota in both garden and cultivated soil with and without crop residues. The genomic data indicate the presence of enzymes such as (hemi)cellulases, and e.g. siderophores. This demonstrates the high application potential of the tested strains in the production of biopreparations for agriculture.

Grzyby zasiedlające próchniejące drzewo w obszarze chronionym zachodniego lasostepu Ukrainy

Polina Havrysh¹, Zoia Pustova², Lidia Błaszczuk¹

¹Zakład Mikrobiomiki Roślin, Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk,
ul. Strzeszyńska 23, 60-479 Poznań

²Zakład Ekologii i Ogólnych Przedmiotów Biologicznych, Podilski Uniwersytet Państwowy, Ukraina

W związku z rosnącą liczbą skutków zmian klimatycznych potrzeba ochrony przyrody jest powracającym wyzwaniem współczesnego świata. Taka funkcja jest realizowana w Ukrainie poprzez tworzenie chronionych obszarów przyrodniczych, takich jak narodowe parki przyrody. Kilka parków przyrody w Ukrainie utworzono specjalnie w celu ochrony lasów siedlisk lasostepu. Jednymi z istotnych uczestników funkcjonowania ekosystemu leśnego są organizmy grzybowe rozkładające ściółkę, tworzące strukturę gleby oraz symbiozę grzybów z roślinami itp. Jednakże ukraińskie zbiorowiska grzybów mikroskopijnych leśnych pozostają ślepą plamką dla światowej wiedzy mikologicznej.

W pracy naszym celem było zbadanie składu mykobiomu gatunków zamieszkujących rozkładające się drewno obszarów lasostepu. Materiał zebrano w kilku częściach lasu liściastego w Narodowym Parku Przyrody Podilski Tovtry (obwód chmielnicki, Ukraina) latem 2023 roku. Uzyskaliśmy 115 szczepów *Trichoderma* poprzez izolację grzybów na podłożu PDA z próchniejących kawałków drzew. Następnie dla każdego szczepu przeprowadzono sekwencjonowanie Sanger regionu ITS oraz genu *TEF1* w celu zidentyfikowania przynależności gatunkowej.

Fungi inhabiting decomposing wood in protected area of Ukrainian west forest steppe

In the reality of the increasing numbers of climate change effects, nature conservation need is highly recurring challenge of nowadays world. Such function is realised in Ukraine with the creation of protected natural areas, such as National nature parks. Several of nature parks in Ukraine were created to preserve forests of forest steppe habitat specifically. One of the essential participants in forest ecosystem functioning are fungal organisms that decay litter, compose soil structure, form plant-fungus symbiosis etc. However, Ukrainian forest microscopic fungal communities remain a blind spot for the world mycological knowledge.

In this work we aimed to study mycobiome composition of species inhabiting decomposing wood of forest steppe area. Material was collected in several parts of deciduous forest in Podilski Tovtry National Nature Park (Khmelnyska Oblast, Ukraine) in summer 2023. We obtained 115 *Trichoderma* strains by isolating fungi on PDA medium from decaying trees. Next Sanger sequencing of ITS region as well as *TEF1* gene was performed for each strain in order to identify their species belonging.

Zastosowanie bioaugmentacji w oczyszczaniu ścieków koksowniczych: badania bioreaktorowe

Łukasz Jałowiecki¹, Jacek Borgulat¹, Mikołaj Glaser² Ariel Marchlewicz²
Grażyna Płaza^{1,3}

¹ Instytut Ekologii Terenów Uprzemysłowionych, ul. Kossutha 6, 40-844, Katowice

² Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski, Jagiellońska 28, 40-032, Katowice

³ Wydział Organizacji i Zarządzania, Politechnika Śląska, ul. Roosevelta 26, 41-800, Zabrze

Ścieki koksownicze zawierają szereg niebezpiecznych zanieczyszczeń, takich jak związki siarki, azotu, metale ciężkie oraz związki organiczne, w tym fenole. W związku z tym istnieje potrzeba opracowania skutecznych technologii oczyszczania ścieków koksowniczych.

Celem badań było wykorzystanie szczepów bakteryjnych, wcześniej wyizolowanych z wód poprocesowych z podziemnego zgazowania węgla, do oczyszczania ścieków koksowniczych metodą bioaugmentacji. We wcześniejszych badaniach wyizolowano, zidentyfikowano i scharakteryzowano 3 szczepy wyizolowano 3 szczepy bakteryjne – *Paenibacillus humicus* Au34, *Paenibacillus pasadenensis* SAFN-007 oraz *Staphylococcus warneri* DK13. Wybrane szczepy bakteryjne wykorzystano do oczyszczania ścieków koksowniczych w skali półtechnicznej w 19L – bioreaktorze BIOFLO 415. Zmiany stężenia fenolu monitorowano z wykorzystaniem chromatografii cieczowej. Natomiast zmiany toksyczności oczyszczanego ścieku oznaczano z wykorzystaniem aparatu Microtox.

The application of bioaugmentation in coke wastewater treatment: bioreactor study

The coke wastewater contains a variety of hazardous pollutants, such as sulfur compounds, nitrogen, heavy metals, and organic compounds including phenols. Therefore, there is a need to develop effective coke wastewater treatment technologies.

The aim of the research was to utilize bacterial strains previously isolated from underground coal gasification wastewater for coke wastewater treatment using bioaugmentation method. In earlier studies, three bacterial strains – *Paenibacillus humicus* Au34, *Paenibacillus pasadenensis* SAFN-007, and *Staphylococcus warneri* DK13 were isolated, identified, and characterized. Selected bacterial strains were used for coke wastewater treatment at a semi-technical scale in a 19L BIOFLO 415 bioreactor. The changes of phenol concentration were monitored using liquid chromatography. Meanwhile, the changes in the toxicity of the treated wastewater were determined using the Microtox system.

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

Charakterystyka bakterii ryzosferowych i endofitów roślin wetlandowych wykorzystanych w oczyszczaniu ścieków surowych z podziemnego zgazowania węgla

Łukasz Jałowiecki¹, Jacek Borgulat¹, Mikołaj Glaser², Grażyna Płaza^{1,3}

¹Instytut Ekologii Terenów Uprzemysłowionych, ul. Kossutha 6, 40-844, Katowice

²Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski, ul. Jagiellońska 28, 40-032, Katowice

³Wydział Organizacji i Zarządzania, Politechnika Śląska, ul. Roosevelta 26, 41-800, Zabrze

Podczas podziemnego zgazowania węgla (PZW) powstają wody poprocesowe zanieczyszczone związkami organicznymi (fenole, WWA, BTEX) oraz nieorganicznymi (metale ciężkie amoniak, cyjanki). Ścieki te ze względu na swój specyficzny skład oraz duże ładunki niesionych zanieczyszczeń i wysoką toksyczność wymagają kompleksowego oczyszczania obejmującego różne procesy mechaniczno-chemiczne i biologiczne oraz ich kombinacje.

Celem badań była charakterystyka bakterii ryzosferowych i endofitów trzciny pospolitej (*Phragmites australis*) wykorzystanej w kolumnach wetlandowych. Przeprowadzone badania obejmowały izolację metagenomu ryzosfery i bakterii endofitycznych. Z próbek wyizolowano metagenomowe DNA, które poddano sekwencjonowaniu NGS w celu porównania bioróżnorodności bakterii ryzosferowych i endofitów.

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

Characterization of rhizosphere bacteria and endophytic wetland plants used to treat raw wastewater from underground coal gasification

During underground coal gasification (UCG), process waters contaminated with organic compounds (phenols, WWAs, BTEX) and inorganic compounds (heavy metals, ammonia, cyanides) are produced. Due to their specific composition, high loads of carried pollutants, and high toxicity, these effluents require comprehensive treatment involving various mechanical-chemical and biological processes, as well as their combinations.

The aim of the research was to characterize rhizospheric bacteria and endophytes of common reed (*Phragmites australis*) used in wetland columns. The conducted research included the isolation of rhizosphere metagenome and endophytic bacteria. Metagenomic DNA isolated from samples was subjected to NGS sequencing to compare the biodiversity of rhizospheric bacteria and endophytes.

The research was conducted as part of project no. 101033964 under the acronym UCGWaterplus (Coal and Steel Fund) and projects from the Ministry of Education and Science with no. 5198/FBWiS/2021/2 and no. 5211/FBWiS/2021/2.

Mykobiom ryzosfery wybranych roślin ruderalnych pobranych z gleb silnie zdegradowanych i długotrwanie zanieczyszczonych ropą naftową – badania wstępne

Agata Janczarek¹, Jarosław Ciepiał, Karolina Gawryjolek¹,
Aleksandra Ukalska-Jaruga², Barbara Abramczyk¹, Anna Marzec-Grządziel¹, Anna Gałązka¹

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

²Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

W badaniach dokonano oceny mykobiomu ryzosfery wybranych roślin ruderalnych o potencjale bioremediacyjnym. Rośliny (mniszek lekarski, skrzyp polny, babka lancetowata, żywokost oraz koniczyna czerwona) pozyskano spod ekstraktorów ropy naftowej w zabytkowej Kopalni Ropy Naftowej w Węglówce. DNA wyizolowano bezpośrednio z ryzosfery. Wykonano badania mykobiomu ryzosferowego roślin ruderalnych: różnicowanie funkcjonalne przy użyciu systemu Biolog, sekwencjonowanie nowej generacji (NGS) regionów zmiennych (ITS dla grzybów). Oznaczono parametry chemiczne próbek roślin i gleby (Corg, Nmin, Σ16 WWA i pierwiastki śladowe). Materiał roślinny poddano następującym analizom: aktywność biologiczna 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 metawirionem ryzosfery i endoryzosfery roślin ruderalnych oraz ich rola w biernej i czynnej remediacji gleb silnie zdegradowanych i długotrwanie zanieczyszczonych ropą naftową” (2023-2027).

The rhizosphere mycobiome of selected ruderal plants collected from highly degraded and long-term petroleum polluted soils – preliminary studies

The study evaluated the rhizosphere mycobiome of selected ruderal plants with bioremediation potential. The plants (dandelion, field horsetail, plantain, lanceolate, comfrey, and red clover) were obtained from underneath the oil extractors at the historic Oil Mine in Węglówka. DNA was isolated directly from the rhizosphere. Studies of the rhizosphere microbiome of ruderal plants were performed: functional differentiation using the Biolog system, next-generation sequencing (NGS) of variable regions (ITS for fungi). Chemical parameters of plant and soil samples were determined (Corg, Nmin, Σ16 PAHs and trace elements). Plant material was analyzed as follows: biological activity of selected secondary metabolites, determination of metabolomic profile and content of phenolic compounds.

The research is part of the project: NCN 2022/45/B/NZ8/02398 “The interaction between the microbiome, mycobiome and metawirion of the rhizosphere and endorhiosphere of ruderal plants and their role in the passive and active remediation of heavily degraded soils and long-term oil pollution” (2023- 2027).

Zmiany w proteomie bakterii symbiotycznych *Rhizobium leguminosarum* sv. *trifolii* wywołane stresem niskiej temperatury

Monika Janczarek, Paulina Adamczyk

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

Rhizobium leguminosarum sv. *trifolii* to bakteria glebowa zdolna nawiązywać symbiotyczne interakcje z roślinami *Trifolium* spp. Niska temperatura jest jednym z czynników odgrywających istotną rolę w przeżyciu tej bakterii w środowisku. Określono wpływ tego stresu (10°C) na proteom *R. leguminosarum* sv. *trifolii*. Bakterie inkubowane w 25°C stanowiły kontrolę. Wykazano, że stres niskiej temperatury powodował zwiększenie syntezy kilkudziesięciu białek ryzobiowych; m.in. białka szoku zimna CspA1, czynników transkrypcyjnych NrdR, GntR i MarR, białek małej (S18) i dużej (L21, L28, L30) podjednostki rybosomalnej, niektórych komponentów flagelin (FlgL, FlgK, FlaD) i białek uczestniczących w rozkładzie różnych substratów. Wśród białek produkowanych w mniejszej ilości w stresie w porównaniu do warunków kontrolnych zidentyfikowano inne składniki flagellin (FlaA, FlaB, FlaC, FlgE), regulator nodulacji NolR1, białka uczestniczące w syntezie sideroforu oraz metabolizmie fosforanowym i azotanowym. Ponadto, wykryto 103 białka, których synteza była indukowana i/lub wyciszana przez stres niskiej temperatury; m.in. białka błonowe, glikozylotransferazy uczestniczące w syntezie różnych polisacharydów (LpsB i LpcA), białka uczestniczące w replikacji (DnaA) i segregacji chromosomu (ScpA).

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

Changes in proteome of symbiotic bacterium *Rhizobium leguminosarum* sv. *trifolii* caused by a low temperature stress

R. leguminosarum sv. *trifolii* is a soil bacterium capable to establish a symbiosis with *Trifolium* spp. plants. A low temperature is one of the factors important for bacterial survival. The influence of this stress (10°C) on proteome of *R. leguminosarum* sv. *trifolii* was estimated. Bacteria incubated at 25°C were used as a control. It was indicated that a low temperature caused an increase of the synthesis of many proteins; e.g., cold shock protein CspA1, transcriptional factors NrdR, GntR, and MarR, proteins of small (S18) and large (L21, L28, L30) ribosomal subunits, proteins involved in utilization of various substrates, and some flagellin components (FlgL, FlgK, FlaD). Among proteins synthesized under stress conditions in lower amounts in relation to the control conditions were other flagellin components (FlaA, FlaB, FlaC, FlgE), nodulation regulator NolR1, proteins involved in siderophore synthesis, as well as those engaged in phosphate and nitrogen metabolism. Furthermore, 103 proteins were identified, whose synthesis was induced and/or repressed by low temperature stress; e.g., membrane proteins, glycosyltransferases involved in the synthesis of various polysaccharides (LpsB i LpcA), proteins engaged in replication (DnaA) and chromosome segregation (ScpA).

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

Skład mikrobiomu bakteryjnego ryzosfery konopi siewnych (*Cannabis sativa* L.) uprawianych w glebie zanieczyszczonej metalami i traktowanych biostymulantami

Karolina Jaros¹, Jolanta Jaroszuk-Ściśel², Anna Marzec-Grządziel³, Piotr Sugier⁴, Anna Słomka², Anna Gałązka³, Jaco Vangronsveld^{1,5}, Małgorzata Wójcik¹

¹Katedra Fizjologii Roślin i Biofizyki, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

²Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

⁴Katedra Botaniki, Mykologii i Ekologii, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

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

⁵Environmental Biology Centre for Sciences, Hasselt University, Belgium

W glebie ryzosferowej (R) konopi uprawianych w 3 wariantach: (1) kontrola (CR), (2) jeden biostymulant-kwasy huminowe (HR) i (3) dwa biostymulanty: (H) i grzyby endomykoryzowe (M)-HMR na poletkach o wysokiej zawartości metali obok hałdy odpadów cynkowo-ołowiowych najliczniejsze były Acidobacteria, Proteobacteria i Actinobacteria oraz rodzaje *Sphingomonas* i *Stenotrophobacter*. Skład mikrobiomu był zależny od wariantu i etapu wegetacji (lipiec i wrzesień). W lipcu dominowało aż 14 rodzajów, m.in. *Pedococcus*, *Anaerocolumna*, *Myxococcus*, *Lacunisphaera*, *Acinetobacter*, *Sphingobacterium*, *Hydrogenophaga*, *Delftia*, a we wrześniu trzy: *Planococcus*, *Rhizorhapis* i *Fluviicola*. We wrześniu w HR było znacznie więcej Firmicutes, Nitrospirae, Acidobacteria, Chloroflexi, Chlamydiae, Armatimonadetes niż w HMR a w HMR było istotnie więcej Planctomycetes, Proteobacteria, Actinobacteria, Latescibacteria, Gemmatimonadetes, Bacteroidetes, Verrucomicrobia niż w HR.

Bacterial microbiome composition of the rhizosphere of hemp (*Cannabis sativa* L.) grown in metal-contaminated soil and treated with biostimulants

In rhizosphere soil (R) of hemp grown in 3 variants: (1) control (CR), (2) one biostimulant-humic acids (HR) and (3) two biostimulants: (H) and endomycorrhizal fungi (M)-HMR in plots with high metal content next to the zinc-lead waste heap the most abundant were Acidobacteria, Proteobacteria and Actinobacteria and the genera *Sphingomonas* and *Stenotrophobacter*. The composition of the microbiome depended on the variant and vegetation stage (July and September). As many as 14 genera dominated in July, including *Pedococcus*, *Anaerocolumna*, *Myxococcus*, *Lacunisphaera*, *Acinetobacter*, *Sphingobacterium*, *Hydrogenophaga*, *Delftia*, and three in September: *Planococcus*, *Rhizorhapis* and *Fluviicola*. In September there were significantly more Firmicutes, Nitrospirae, Acidobacteria, Chloroflexi, Chlamydiae, Armatimonadetes in HR than in HMR and significantly more Planctomycetes, Proteobacteria, Actinobacteria, Latescibacteria, Gemmatimonadetes, Bacteroidetes, Verrucomicrobia in HMR than in HR.

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

α -Bioróżnorodność mikrobioty środowiska glebowego z uprawy rzepaku i pszenicy

Katarzyna Kagan¹, Anna Kruczyńska¹, Agnieszka Kuźniar¹, Sara Jurczyk², Andrzej Słomczewski³, Jacek Podlewski³, Agnieszka Wolińska¹

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

²Katedra Sztucznej Inteligencji, Wydział Nauk Przyrodniczych i Technicznych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1H, 20-708 Lublin

³CGFP Sp. z o.o. Grupa Fundacja Potulicka, Wojnowo 5, 86-014 Sicienka

Celem badań była analiza α -bioróżnorodności mikroorganizmów (m.in. indeks *observed_species*, *chao1*, *Shannon* oraz *Simpsona*), co umożliwiło określenie wpływu zróżnicowanego poziomu nawożenia azotowego na bogactwo mikrobioty środowiska glebowego.

Próbki gleby pobrano dwukrotnie (przed siewem i po zbiorze) z pól, na których uprawiano rzepak oraz pszenicę w systemie pasowym typu *strip-till* w sezonie wegetacyjnym 2022/2023. Zastosowano nawożenie azotowe z trzema poziomami: 100%, 80%, 60%, a za próbę kontrolną przyjęto glebę z pola nienawożonego (0%). Mikrobiotę glebową (bakterie i grzyby) analizowano technikami sekwencjonowania nowej generacji (NGS).

Analiza α -bioróżnorodności wykazała spadek rozpatrywanych indeksów oraz ilości zaobserwowanych gatunków bakterii i grzybów w próbach po zbiorze obu upraw na wszystkich poziomach nawożenia. Zmniejszenie względnej obfitości mikroorganizmów jest najbardziej widoczne wobec mikrobioty grzybowej w glebach po zbiorze rzepaku.

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).

Microbial α - biodiversity of the soil environment from rapeseed and wheat cultivation

The research goal was to analyze the α -diversity of microorganisms (including *observed_species*, *chao1*, *Shannon* and *Simpson's* index) to determine the effect of varying levels of nitrogen fertilization on the microbial richness of the soil environment.

Soil samples were taken twice (pre-sowing and post-harvest) from fields where rapeseed and wheat were cultivated under a strip-till system during the 2022/2023 season. Three levels of nitrogen fertilization were applied: 100%, 80%, 60%. Soil from an unfertilized field was used as a control sample (0%). The soil microbiota (bacteria and fungi) was analyzed using New Generation Sequencing (NGS) techniques.

The α -diversity analysis revealed a decrease in the examined indexes and in the number of bacterial and fungal species observed in post-harvest samples of both crops across all fertilization levels. The reduction of the microbial relative abundance is most pronounced for the fungal microbiota in post-harvest soils of rapeseed.

Wpływ fosforu na wrażliwość temperaturową gleb leśnych

Beata Klimek, Marta Chmielowiec, Maria Niklińska

Wydział Biologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

Dekompozycja glebowej materii organicznej (OM) zależy od temperatury i może nasilać globalne zmiany klimatyczne poprzez pozytywne sprzężenie zwrotne. Celem badań było stwierdzenie, jak fosfor dodany do gleb pochodzących z suchego boru sosnowego i buczyny żyźnej, o różnych właściwościach fizykochemicznych i biologicznych, wpływa na ich wrażliwość temperaturową. Tempo respiracji gleby wzrastało z temperaturą inkubacji (5°C, 15°C, 30°C), malało w trakcie eksperymentu i różniło się pomiędzy typami lasów. Tempo respiracji gleby negatywnie korelowało z początkową zawartością P i stosunkiem C:P w glebie, ale zastosowany dodatek P (K_2PO_4 lub P_2O_5) nie wpływał na tempo respiracji. Wrażliwość temperaturowa gleby, wyrażana jako współczynniki Q_{10} , była większa dla niższego (2,77) niż dla wyższego zakresu temperatur (1,88). Q_{10} malało w trakcie eksperymentu, rosło wraz ze stosunkiem C:P w glebie, podobnie w obu typach lasu i dodatków fosforu. Różnorodność α bakterii (Chao1, 16S RNA, Illumina) była większa w buczynie niż w borze. Dominowały Actinobacteria, Acidobacteria, Verrucomicrobiota, Proteobacteria i Firmicutes. Większy udział Verrucomicrobiota i Proteobacteria w buczynie był dodatnio skorelowany z pH i zawartością P w glebie. Udział Actinobacteriota był ujemnie skorelowany z pH i zawartością P w glebie, był większy pod sosną. Wykazano wzrost tlenowej chemoheterotrofii pod sosną i wzrost celulozy w buczynie. Bakterie glebowe są istotnym składnikiem reakcji gleby na temperaturę, modyfikowaną dodatkiem biogenów.

Effect of phosphorus on forest soil temperature sensitivity

Decomposition of soil organic matter (OM) depends on temperature and can exacerbate global climate change through positive feedback. The purpose of study was to determine how phosphorus added to soils from dry pine forest and fertile beech with different physicochemical and biological properties affects their temperature sensitivity. Soil respiration rates increased with incubation temperature (5°C, 15°C, 30°C), decreased over the course of the experiment and differed between forest types. The rate of soil respiration correlated negatively with the initial P content and C:P ratio of the soil, but the P additives used (K_2PO_4 and P_2O_5) did not affect the rate of respiration. The temperature sensitivity of the soil, expressed as Q_{10} coefficients, was higher for the lower (2.77) than for the higher temperature range (1.88). Q_{10} decreased over the course of the experiment, increasing with soil C:P ratio, similarly for both forest types and phosphorus additions. Bacterial α diversity (Chao1, 16S RNA, Illumina) was higher in beech than in forest. Actinobacteria, Acidobacteria, Verrucomicrobiota, Proteobacteria and Firmicutes were dominant. The higher proportion of Verrucomicrobiota and Proteobacteria in beechwood was positively correlated with pH and soil P content. The proportion of Actinobacteriota was negatively correlated with pH and soil P content was higher under pine. An increase in aerobic chemoheterotrophy under pine and an increase in cellulolysis in beech have been demonstrated. Soil bacteria are an important component of the soil response to temperature, modified by the addition of nutrients.

Wpływ mikroplastiku na mikroorganizmy gleb leśnych

Beata Klimek, Magdalena Majda, Milena Angerman-Zielińska, Maria Niklińska

Wydział Biologii, Uniwersytet Jagielloński

Mikroplastik w środowisku jest poważnym problemem środowiskowym. W eksperymencie laboratoryjnym badano wpływ polietylenowych cząstek mikroplastiku (MP) na mikroorganizmy w glebach zebranych w 3 typach lasu umiarkowanej strefy klimatycznej: suchym borze sosnowym, buczynie żywej oraz łągu jesionowym, różniących się wieloma właściwościami fizykochemicznymi i biologicznymi. Zastosowane MP o dwóch wielkościach cząstek (60 μm and 140 μm) nie wpływały na tempo respiracji gleby w porównaniu do zabiegów kontrolnych. Biomasa mikroorganizmów glebowych mierzona za pomocą fosfolipidowych kwasów tłuszczowych nie zmieniała się znacząco pod wpływem MP, jednakże wykazywała pewną tendencję malejącą. MP wpływał na strukturę zespołów mikroorganizmów, zwiększając udział bakterii w zespole o około 12% dla mniejszego MP (60 μm) i około 9% dla większego MP (140 μm). Efekt obserwowano dla wszystkich typów lasów i nasilał się on z czasem trwania eksperymentu (2 miesiące). Wyniki sugerują, że w obecności MP w środowisku glebowym bakterie glebowe mogą odnosić korzyści kosztem grzybów. Wyniki wskazują na możliwość zmian relacji między głównymi grupami mikroorganizmów glebowych przy skażeniu MP.

Microplastic effect on forest soil microorganisms

Microplastic pollution is a problem of global concern. This study is based on a laboratory experiment conducted to investigate how soil-added polyethylene microplastic particles (MP) affect soil microorganisms in three types of temperate forests that differ greatly in a number of physicochemical and biological properties: dry pine forest, beech-dominated forest and ash-dominated riparian forest. The two MP sizes applied (60 μm and 140 μm) had no direct effect on soil respiration rate comparing to controls. Soil microbial biomass measured by the phospholipid fatty acid method did not change significantly under MP treatment (however tended to decrease). MP did affect microbial community structure, increasing the proportion of bacteria in the community by about 12% for the smaller MP size used (60 μm) and by about 9% for the larger MP size used (140 μm). The effect occurred for each forest type, and became more pronounced with the experiment duration (up to 2 months). These results suggest that soil bacteria may be beneficial for MP at the expense of fungi. Our results provide a new perspective on how soil bacteria and fungi interact under common MP pollution.

Spadek liczebności grzybowych patogenów roślinnych po przejściu przez przewód pokarmowy dżdżownicy z gatunku *Alternaria caliginosa* Sav.

Angelika Kliszcz¹, Agnieszka Kuźniar², Agnieszka Wolińska², Sara Jurczyk²,
Anna Kruczyńska², Joanna Puła¹

¹Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie

²Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II w Lublinie

Przewód pokarmowy dżdżownicy to środowisko specyficzne w glebie (beztlenowe lub z niewielką ilością tlenu, wilgotne, nasycone enzymami trawiennymi), w którym dochodzi do fizycznego rozrąbania i strawienia komórek grzybowych, w tym również komórek patogenów roślin uprawnych. Celem badań była ocena zmian w strukturze patogennych grzybów glebowych zachodząca w przewodzie pokarmowym dżdżownicy.

Wyniki badań wskazują na spadek liczebności grzybowych patogenów *Alternaria* sp. do 1,09% względnej liczebności (-1,13 log₂FC), *Talaromyces* sp. do 0,93% (-1,22 log₂FC) oraz dla *Microdochium novae-zelandiae* do 0,43% (-1,87 log₂FC). Ponadto statystycznie istotnej redukcji uległa liczebność ważnego patogenu z rodziny Leptosphaeriaceae *Plenodomus biglobosus* (spadek do 0,24%, -2,37 log₂FC, p=0,041), a także patogenu *Hymenula cerealis* wywołującego chorobę u roślin zbożowych (spadek z 5,56% do 2,50%, -1,84 log₂FC, p=0,0492).

Badania ukazują jeden z agroekologicznych mechanizmów ograniczających pojawienie się patogenów w glebie pod uprawami roślin rolniczych, który wpisuje się w zasady rolnictwa regeneratywnego i zrównoważonego.

Reduction of fungi plant pathogens abundance after passing through the digestive tract of the *Alternaria caliginosa* Sav. earthworm

The digestive tract of an earthworm is a specific environment in the soil (anaerobic or with a small amount of oxygen, moist, saturated with digestive enzymes), in which fungal cells, including cells of crop pathogens, are physically crushed and digested. The aim of the study was to assess changes in the structure of pathogenic soil fungi occurring in the earthworm's digestive tract.

The research results indicate a decrease in the number of fungal pathogens of the following genera: *Alternaria* sp. to 1.09% of the relative abundance (-1.13 log₂FC), *Talaromyces* sp. to 0.93% (-1.22 log₂FC) and to 0.43% (-1.87 log₂FC) for *Microdochium novae-zelandiae*. Moreover, the number of an important pathogen from the Leptosphaeriaceae family *Plenodomus biglobosus* was statistically significantly reduced (decrease to 0.24%, -2.37 log₂FC, p=0.041), as well as the pathogen *Hymenula cerealis* causing disease in cereal plants (decrease from 5.56% to 2.50%, -1.84 log₂FC, p=0.0492).

The research shows one of the agroecological mechanisms limiting the appearance of pathogens in the soil under agricultural crops, which is consistent with the principles of regenerative and sustainable agriculture.

Analiza transkryptomu *Agrobacterium tumefaciens* C58 i jego mutantu defektywnego w syntezie fosfatydyloetanolaminy (C58 Δ pssA) w warunkach stresu środowiskowego

Iwona Komaniecka, Kamil Żebracki, Piotr Koper, Andrzej Mazur, Anita Swatek, Adam Choma

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

Agrobacterium tumefaciens C58 to fitopatogen infekujący głównie rośliny dwuliścienne, odpowiedzialny za wywoływanie choroby zwanej guzowatością. Choroba ta powstaje w wyniku transformacji genetycznej tkanek rośliny-gospodarza. Za transformację nowotworową tkanek odpowiadają geny *vir* zlokalizowane na plazmidzie pTi *Agrobacterium*. Indukcja ekspresji tych genów następuje pod wpływem czynników środowiskowych, takich jak niskie pH, cukry proste oraz specyficznego induktora – acetosyringonu. Kluczowe znaczenie w interakcji bakterii z rośliną mają lipidy błonowe *A. tumefaciens*. Przeprowadzono analizę transkryptomu *A. tumefaciens* C58 oraz jego mutantu pozbawionego zdolności do syntezy fosfatydyloetanolaminy (C58 Δ pssA), w warunkach stresu środowiskowego (niskie pH, obecność glukozy oraz acetosyringonu). Adnotacja funkcjonalna genów, których ekspresja była znacząco zmieniona (DEGs, ang. *differentially expressed genes*) w szczepie dzikim oraz w mutancie C58 Δ pssA do kategorii COG obejmujących geny związane z metabolizmem podstawowym, transkrypcją i transdukcją sygnałów, wskazuje na istotne zmiany, jakie zachodzą w komórkach *Agrobacterium* w odpowiedzi na warunki stresowe.

Badania sfinansowane ze środków projektu NCN Opus nr 2018/31/B/NZ9/01755.

Transcriptome analysis of *Agrobacterium tumefaciens* C58 and its mutant defective in phosphatidylethanolamine synthesis (C58 Δ pssA) under environmental stress conditions

Agrobacterium tumefaciens C58 is a phytopathogen that primarily infects dicotyledonous plants. It is responsible for causing a disease characterized by tumor formation, resulting from the genetic transformation of host plant tissues. The *vir* genes, located on the pTi plasmid of *Agrobacterium*, are responsible for this tumorigenic transformation. The expression of *vir* genes is induced by environmental factors, such as low pH, simple sugars, and the presence of a specific inducer – acetosyringone. The composition of membrane lipids in *A. tumefaciens* cells is also crucial for interaction with the host plant. We analyzed the transcriptome of the wild-type *A. tumefaciens* C58 and its mutant (C58 Δ pssA), which is unable to synthesize phosphatidylethanolamine, under environmental stress conditions including low pH, the presence of glucose, and acetosyringone. The functional annotation of differentially expressed genes (DEGs) in both the wild-type strain and the mutant into COG categories comprising genes related to basic metabolism, transcription, and signal transduction indicates significant changes that occur in agrobacterial cells in response to stress conditions.

This work was supported by the NCN OPUS grant no. 2018/31/B/NZ9/01755.

Poszukiwanie potencjalnych zmian w składzie dziecięcej mikrobioty jelitowej po rozszerzaniu diety

Elwira Komoń-Janczara, Małgorzata Ostrowska, Kinga Woźniak, Piotr Jarocki

Katedra Biotechnologii, Mikrobiologii i Żywienia Człowieka, Wydział Nauk o Żywności i Biotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Badanie koncentruje się na analizie różnic w składzie mikrobioty jelitowej u dzieci podczas karmienia piersią i/lub mieszanką mleka modyfikowanego oraz w okresie wprowadzania urozmaiconej diety. Celem pracy było zbadanie wpływu rozszerzania diety na mikrobiotę jelitową niemowląt, uwzględniając dodatkowe czynniki wpływające na rozwój dziecka, takie jak warunki życiowe, ewentualne uwarunkowania genetyczne czy antybiotykoterapię i wprowadzanie innych leków. Wstępne wyniki badań wskazują na znaczące zmiany w kompozycji mikrobioty w trakcie tego przejściowego okresu, co sugeruje, że jest to kluczowy moment dla interwencji żywieniowych mających na celu optymalizację zdrowia jelit i ogólnego rozwoju dziecka. W każdym z badanych przypadków stwierdzono znaczne zmiany w składzie mikrobioty jelitowej w krótkim czasie po rozpoczęciu rozszerzania diety w stosunku do składu mikrobioty w czasie, kiedy dziecko było karmione wyłącznie mlekiem matki lub mieszanką mlekozastępczą.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu PRELUDIUM nr 2018/29/N/NZ9/02421 pt.: „Molekularna i fizjologiczna charakterystyka cech prozdrowotnych nowo wyizolowanych szczepów bakterii z rodzaju Bifidobacterium pochodzących z przewodu pokarmowego niemowląt i dzieci do 3. roku życia”.

Looking for potential changes in the children’s gut microbiota after dietary expansion

The study focuses on the analysis of differences in the composition of the intestinal microbiome in children during breastfeeding and/or a mixture of modified milk and during the introduction of a varied diet. The study’s goal was to investigate the impact of extending the diet on infants’ intestinal microbiota, taking into account additional factors affecting the child’s development, such as living conditions, possible genetic conditions, antibiotic therapy, and the introduction of other medications. Preliminary results indicate significant changes in the composition of the microbiome during this transitional period, suggesting that this is a key moment for nutritional interventions aimed at optimising intestinal health and the overall development of the baby. In each case, significant changes were observed in the composition of the intestinal microbiome shortly after expansion of the diet, compared to the microbiota composition at a time when the child was fed exclusively with mother’s milk or a milk substitute mixture.

Research funded by the National Science Centre in the framework of the project PRELUDIUM No. 2018/29/N/NZ9/02421 entitled “Molecular and physiological characterization of pro-health traits of newly isolated Bifidobacterium strains from the gastrointestinal tract of infants and children up to 3 years old.”

Zależność pomiędzy mikrobiomem kaptownika zbożowca (*Rhyzopertha dominica* F.) a jego rozwojem i żerowaniem

Olga Kosewska, Sebastian Wojciech Przemieniecki, Mariusz Nietupski

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

Rhyzopertha dominica jest odpowiedzialna za poważne straty ekonomiczne przechowywanych zbóż. Dowiedziono, że mikrobiom przewodu pokarmowego u owadów odgrywa kluczową rolę w ich rozwoju, metabolizmie, odporności i trawieniu. Celem tej pracy było sprawdzenie, czy odmienne właściwości chemiczne różnych odmian ziarna pszenicy i jęczmienia powodują zaburzenia w żerowaniu owada oraz reorganizację w strukturze mikrobiomu *R. dominica*. Analizy wykazały, że ziarno różnych gatunków zbóż, takich jak pszenica i jęczmień oraz ich poszczególne odmiany, wywierają różny wpływ na mikrobiom i jego metabolizm oraz zachowanie żywieniowe kaptownika. Te odkrycia otwierają możliwości wykorzystania selekcji odpornych odmian jako strategii ograniczającej stosowanie środków chemicznych w magazynowaniu ziarna. Wyniki badań wskazują na to, że przez manipulację właściwościami chemicznymi ziaren można wpływać na mikrobiom *R. dominica*, co z kolei może prowadzić do zakłóceń w ich naturalnych zachowaniach żerowania oraz adaptacji do środowiska magazynowego. Zrozumienie tego mechanizmu jest kluczem do rozwoju nowych, bardziej zrównoważonych metod zwalczania *R. dominica*.

Praca sfinansowana przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu nr. UMO-2021/41/N/NZ9/00364.

Relation between the microbiome of the lesser grain borer (*Rhyzopertha dominica* F.) and the development and its foraging

Rhyzopertha dominica is responsible for serious economic losses of stored cereals. It has been proven that the gastrointestinal microbiome in insects plays a crucial role in their development, metabolism, resistance and digestion. This work aimed to test whether the different chemical properties of different wheat and barley grain cultivars cause disturbances in insect foraging and rearrangements in the structure of the *R. dominica* microbiome. The analyses showed that grains of different cereal species, such as wheat and barley, and their respective cultivars, have different effects on the microbiome and its metabolism and feeding behaviour of *R. dominica*. These findings open up the possibility of using the selection of resistant cultivars as a strategy to reduce the use of chemicals in grain storage. The results indicate that by manipulating the chemical properties of the grains, the *R. dominica* microbiome can be influenced, which can lead to disruptions in their natural foraging behaviour and adaptation to the storage environment. Understanding this mechanism is key to developing new, more sustainable methods of controlling *R. dominica*.

The study was supported by the Polish National Science Centre under the project no. UMO-2021/41/N/NZ9/00364.

Wpływ bakterii kwasu mlekowego na wzrost grzybów patogenicznych w warunkach *in vitro*

Beata Kowalska, Magdalena Szczech

Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy

Bakterie kwasu mlekowego (LAB) pozyskano z fermentowanych produktów spożywczych. Na podstawie badań skryningowych wybrano 15 najbardziej aktywnych izolatów LAB wobec kilkunastu grzybów patogenicznych. Przeprowadzono szczegółową ocenę wpływu tych izolatów na wzrost 3 różnych izolatów *Botrytis cinerea* (pozyskanych z marchwi, pomidora i cyklamenu), *Sclerotinia sclerotiorum*, *Pythium ultimum*, *Verticillium dahliae* oraz *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. W teście na antagonizm na pożywce MRS określano intensywność wzrostu grzybów w obecności bakterii. Następnie badano wpływ supernatantów otrzymanych po wzroście wybranych bakterii LAB jako dodatek do pożywki PDB zaszczerpionej izolatami grzybów.

Stwierdzono, że izolaty LAB w różnym stopniu hamują wzrost patogenów. W teście na antagonizm najbardziej wrażliwymi grzybami były *S. sclerotiorum* oraz *B. cinerea*. Najbardziej opornym grzybem był *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici*. Do testów z płynem pohodowlanym wybrano 4 izolaty LAB (LAB 2; LAB 4; LAB 6 i LAB 8). Aktywność supernatantów pozyskanych z bakterii LAB zależała od ich stężenia. Wszystkie izolaty istotnie ograniczały wzrost grzybni *S. sclerotiorum*, *P. ultimum*, *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* oraz *V. dahliae*.

Badania wykonane w ramach projektu BioHortiTech, finansowanego przez NCBiR w ramach programu SusCrop ERA-NET.

Effect of lactic acid bacteria on the growth of pathogenic fungi *in vitro*

Lactic acid bacteria (LAB) were obtained from fermented products. Based on screening, the 15 most active LAB isolates were selected against a dozen pathogenic fungi. A detailed evaluation of these isolates on the growth of three different isolates of *Botrytis cinerea* (extracted from carrot, tomato and cyclamen), *Sclerotinia sclerotiorum*, *Pythium ultimum*, *Verticillium dahliae* and *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* was carried out. In an antagonism test on MRS medium, the intensity of fungal growth in the presence of bacteria was determined. Subsequently, the effect of the supernatants obtained after the growth of selected LAB bacteria was studied as an addition to PDB medium inoculated with fungal isolates.

The LAB isolates were found to inhibit the growth of pathogens on the plates to varying degrees. In the antagonism test, the most sensitive fungi were *S. sclerotiorum* and *B. cinerea*. The most resistant fungus was *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici*. Based on the results obtained, four isolates (LAB 2; LAB 4; LAB 6 and LAB 8) were selected for testing with LAB culture supernatant. The activity of the supernatants depended on their concentration. All isolates significantly reduced the mycelial growth of *S. sclerotiorum*, *P. ultimum*, *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* and *V. dahliae*.

Research carried out as part of the BioHortiTech project, funded by NCBiR under the SusCrop ERA-NET programme.

Zróżnicowanie genetyczne szczepów bakterii z rodzaju *Azotobacter* wyizolowanych z różnych gleb Polski

Monika Kozieł, Anna Gałązka

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

Bakterie tlenowe należące do rodzaju *Azotobacter* reprezentują zróżnicowaną grupę wolno żyjących diazotrofów powszechnie występujących w glebie. Aktualnie na świecie znanych jest 8 gatunków bakterii w obrębie rodzaju *Azotobacter*, a gatunek *A. chroococcum* jest najszerszej rozpowszechniony w glebach całego świata.

W badaniach wykorzystano 56 szczepów wyizolowanych z różnych gleb metodą rozcieńczeń płytkowych. Do oceny zróżnicowania genetycznego badanych izolatów *Azotobacter* spp. zastosowano technikę ITS-PCR z analizą restrykcyjną produktu. Spośród 56 badanych szczepów 36 charakteryzowało się takim samym genotypem w analizach ITS-PCR/RFLP jak szczepy referencyjne *A. chroococcum* DSM 281 i DSM 2286, co wyraźnie wskazywało na ich przynależność do gatunku *Azotobacter chroococcum*. W celu molekularnej identyfikacji izolatów przeprowadzono amplifikację genu 16S rRNA w oparciu o reakcję PCR ze starterami 27F i 1492R. Uzyskane produkty o wielkości około 1500 pz zsekwencjonowano w firmie Genomed SA w Warszawie. Na podstawie sekwencjonowania genu 16S rRNA badane izolaty zidentyfikowane zostały do gatunku *Azotobacter chroococcum*.

Opracowanie przygotowane zostało w ramach zadania 1.7 dotacji celowej MRiRW w 2024 r. pt. „Preparaty mikrobiologiczne”.

Genetic diversity of *Azotobacter* strains isolated from various soils of Poland

Free-living nitrogen-fixing bacteria belonging to the genus *Azotobacter* are microorganisms commonly occurring in soil. The genus *Azotobacter* includes 8 species, with *Azotobacter chroococcum* most commonly inhabiting many soils all over the world. In this study, 56 strains were isolated from various soils of Poland, using the dilution-pour plates method. Restriction analysis of the bacterial Internal Transcribed Spacer (ITS) region was used for the characterization and differentiation of the isolated strains. Restriction analysis of ITS region indicated that the studied isolates were not identical. Among the 56 tested strains, 36 were characterized by the same genotype in ITS-PCR/RFLP analyzes as the reference strains *A. chroococcum* DSM 281 and DSM 2286. For molecular identification of the isolates, the 16S rRNA gene was amplified using 27f and 1495r primers and PCR products were sequenced. These results indicate that the analyzed isolates from Polish soils belong to one species, namely *Azotobacter chroococcum*.

Sekwencjonowanie genomów bakteriofagów powodujących lizę roślinnych i ludzkich szczepów *Kosakonia cowanii*

Krzysztof Krawczyk, Weronika Zenelt, Anna Hoffmann, Katarzyna Sadowska

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

Kosakonia cowanii (syn. *Enterobacter cowanii*) to bardzo konkurencyjna bakteria, która współżyje z organizmami roślinnymi, owadami, rybami, ptakami i ludźmi. Jest patogenna dla niektórych roślin i patogenem oportunistycznym u ludzi. Wyizolowano, zsekwencjonowano i scharakteryzowano 9 nowych wirusów, które lizują patogenne dla roślin szczepy oraz/lub ludzkie szczepy *K. cowanii*. Kc166A to nowy kayfunavirus, Kc261 to nowy bonnellvirus, a Kc318 to nowy cronosvirus (wszystkie Autographiviridae). Kc237 to nowy sortsnevirus, natomiast Kc166B i Kc283 należą do nowych rodzajów w obrębie Podoviridae. Kc304 to nowy winklervirus, a Kc263 i Kc305 to nowe myowirusy. Wirusy różnią się specyficznością gospodarza, fenotypem plakietki i kinetyką lizy. Niektóre z nich mogą być również odpowiednio stosowane do kontroli patogenów.

The sequencing of genomes of bacteriophages causing lysis in plant and human strains of *Kosakonia cowanii*

Kosakonia cowanii (syn. *Enterobacter cowanii*) is a highly competitive bacterium that lives with plant, insect, fish, bird, and human organisms. It is pathogenic on some plants and an opportunistic pathogen of human. Nine novel viruses that lyse plant pathogenic strains and/or human strains of *K. cowanii* were isolated, sequenced, and characterized. Kc166A is a novel kayfunavirus, Kc261 is a novel bonnellvirus, and Kc318 is a new cronosvirus (all Autographiviridae). Kc237 is a new sortsnevirus, but Kc166B and Kc283 are members of new genera within Podoviridae. Kc304 is a new winklervirus, and Kc263 and Kc305 are new myoviruses. The viruses differ in host specificity, plaque phenotype, and lysis kinetics. Some of them should be suitable also as pathogen control agents.

Struktura Bacteroidota w obliczu nawożenia mineralnego i zróżnicowanej wilgotności gleby

Anna Kruczyńska¹, Agnieszka Kuźniar¹, Sara Jurczyk², Andrzej Słomczewski³, Jacek Podlewski³, Agnieszka Wolińska¹

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

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

³CGFP Sp. z o.o., Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

Celem badań była analiza struktury Bacteroidota oraz jej względnej obfitości w obliczu stosowania różnych dawek nawożenia mineralnego w dwóch systemach uprawy kukurydzy: orkowym (P) i bezorkowym (NT) na przestrzeni dwóch sezonów wegetacyjnych. Próby pobierano dwukrotnie podczas jednego sezonu wegetacyjnego: przed siewem kukurydzy (bez nawożenia) i po zbiorze plonów (cztery różne dawki nawożenia). Strukturę mikrobiomu zidentyfikowano w oparciu o technikę NGS.

Ustalono, że Bacteroidota może być wrażliwa na stosowanie nawozu N, o czym świadczył spadek bogactwa większości rodzajów (w tym m.in. *Flavobacterium*, *Ferruginibacter*, *Pedobacter*, *Mucilaginibacter*), reprezentujących analizowaną populację po dwóch sezonach wegetacyjnych oraz w dwóch systemach uprawy. Stwierdzono ponadto, że Bacteroidota może preferować warunki niskiej wilgotności gleby, co z kolei mogło się przełożyć na wzrost bogactwa tych bakterii, odnotowany po zbiorze plonów w 2022 r.

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.

Bacteroidota structure in the face of mineral fertilization and varying soil moisture

The aim of the study was to analyze the structure of Bacteroidota and its relative abundance in the face of the application of different doses of mineral fertilization in two systems of maize cultivation: plowed (P) and no-till (NT) over two growing seasons. Samples were taken twice during one growing season: before maize sowing (without fertilization) and after harvesting the crop (four different doses of fertilization). The structure of the microbiome was identified using the NGS technique.

It was found that Bacteroidota may be sensitive to the application of N fertilizer, as evidenced by the decrease in richness of most genera (including *Flavobacterium*, *Ferruginibacter*, *Pedobacter*, *Mucilaginibacter*, among others), representing the analyzed population after two growing seasons and in the two cropping systems. The observation also suggests that Bacteroidota may prefer low soil moisture conditions, which in turn could have contributed to the increase in the relative abundance of these bacteria recorded after the 2022 harvest.

Kształtowanie aktywności metanotroficznej gleb przez nawożenie azotowe

Adam Kubaczyński¹, Adrianna Rafalska¹, Marcelina Borkowska²,
Anna Walkiewicz¹, Agnieszka Wolińska²

¹Institut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

²Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1 I; 20-708 Lublin

Intensyfikacja rolnictwa związana z powszechnym stosowaniem nawozów azotowych jest jednym z kluczowych czynników umożliwiających wzrost produktywności upraw. Jednak nasilenie zabiegów agrotechnicznych wraz z postępującymi zmianami klimatycznymi niesie za sobą ryzyko pogorszenia warunków glebowych, spadku bioróżnorodności i aktywności mikrobiologicznej. W pracy uwzględniono wpływ nawożenia azotowego na proces utleniania metanu (CH₄) i emisję ditlenku węgla (CO₂). Materiał badawczy stanowiła gleba spod uprawy kukurydzy w monokulturze. Wykazano, iż redukcja nawożenia azotowego odmiennie reguluje metanotrofię, zależnie od dawki nawozu i sposobu uprawy. Wychodząc naprzeciw postępującym zmianom klimatu, a jednocześnie wymaganiom UE w zakresie redukcji nawożenia azotowego, badania różnych gleb w zaproponowanym zakresie są warte kontynuacji.

Praca powstała częściowo w wyniku realizacji projektu ReLive (CIRCULARITY/61/ReLive/2022) współfinansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju (Program ERA-NET 2021 Joint Call on Circularity) oraz programu Ministra Edukacji i Nauki pod nazwą „Nauka dla Społeczeństwa” nr projektu NdS/531260/2021/2021.

Shaping soil methanotrophic activity by nitrogen fertilization

Agricultural intensification, with the common use of nitrogen fertilisers, has been a key factor in increasing crop productivity. Nevertheless, the intensification of agricultural treatments, along with the effects of climate change, poses a risk of deterioration in soil physicochemical properties, as well as a decline in soil biodiversity and microbiological activity. The study considered the effects of nitrogen fertilisation on methane (CH₄) oxidation and carbon dioxide (CO₂) emissions. The research material was soil under monoculture cultivation of maize. A reduction in nitrogen fertilisation was shown to regulate methanotrophy differently, depending on the fertiliser dose and the cultivation method. In view of climate change and the EU's requirements to reduce nitrogen fertilisation, the study of various soils in the proposed area is worth continuing.

This work was partly conducted under the ReLive project (CIRCULARITY/61/ReLive/2022) which was cofinanced by the National Centre for Research and Development (ERA-NET 2021 Joint Call on Circularity Program) and program of the Ministry of Education and Science named "Science for the Society" project number NdS/531260/2021/2021.

Od satelitarnej do rdzeniowej mikrobioty gleb charakterystycznej dla kukurydzy w różnych systemach uprawy

Agnieszka Kuźniar¹, Anna Kruczyńska¹, Sara Jurczyk², Weronika Goraj¹,
Andrzej Słomczewski³, Jacek Podlewski³, Agnieszka Wolińska¹

¹ Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów, Wydział Medyczny,
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 11, 20-708 Lublin

² Katedra Sztucznej Inteligencji, Wydział Nauk Przyrodniczych i Technicznych,
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 Sicienka

Przedmiotem badań były analizy mikrobioty rdzeniowej i satelitarnej (szczególnie bakterii i grzybów) wpływającej na wielofunkcyjność ekosystemu glebowego. Próbkę gleby pobrano z uprawy kukurydzy w systemie orkowym i bezorkowym prowadzonej w następujących kombinacjach stężenia azotu 150, 200 i 250 kg⁻¹·ha⁻¹·rok⁻¹. W badaniu wykonano również kontrolę, gdzie nie stosowano nawożenia azotowego. Eksperymenty prowadzono w dwóch sezonach wegetacyjnych: 2021/2022 i 2022/2023 roku. Mikrobiotę glebową pod kątem bakterii i grzybów wyznaczono, stosując technikę sekwencjonowania następnej generacji ampliconów 16S i ITS (MiSeq Illumina). Określono główne role ekologiczne mikrobioty rdzeniowej i satelitarnej w utrzymywaniu złożonych powiązań między taksonami bakterii i grzybów ich związkami z krążeniem wielu składników odżywczych.

Podsumowując, zróżnicowane stosowanie azotu może zmieniać sieć mikrobioty gleby uprawnej, co może sugerować, że skład mikrobioty rolniczej jest ekologicznie współzależny od substratów zwartych w glebie, szczególnie od azotu.

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

From satellite to core soil microbiota specific to maize in different cropping systems

The focus of the study was to analyze the core and satellite microbiota (especially bacteria and fungi) affecting the multifunctionality of the soil ecosystem. Soil samples were taken from maize cultivation in a plowing and no-till system carried out in the following combinations of nitrogen concentrations of 150, 200 and 250 kg⁻¹·ha⁻¹·yr⁻¹. The study also included a control, where no nitrogen fertilization was applied. The experiments were conducted in two growing seasons: 2021/2022 and 2022/2023. The soil microbiota in terms of bacteria and fungi was determined using the Next-Generation sequencing technique of 16S and ITS amplicons (MiSeq Illumina). The main ecological roles of core and satellite microbiota in maintaining the complex interrelationships between bacterial and fungal taxa of their relationships with the circulation of many nutrients were determined. In summary, differential application of nitrogen rates can alter the microbial network of arable soils, suggesting that the composition of the agricultural microbiota is ecologically interdependent on soil-dense substrates, particularly nitrogen.

Charakterystyka molekularna bakterii z rodzaju *Salmonella* izolowanych od dzikich ptaków w Polsce

Anna Lalak, Renata Kwit, Magdalena Skarżyńska, Magdalena Zając,
Emilia Mikos-Wojewoda, Ewelina Skrzypiec, Weronika Koza, Dariusz Wasyl

Zakład Mikrobiologii, Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy

Dzikie ptaki ciągle stanowią nie w pełni poznany rezerwuuar *Salmonella*. Celem badania była charakterystyka molekularna *Salmonella* spp. pochodzących od wolno żyjących ptaków.

Szczepy *Salmonella* (n=16) zostały wyizolowane ze 150 próbek pobranych od dzikich ptaków w latach 2020-2023. Wszystkie izolaty *Salmonella* spp. poddano badaniom wrażliwości na substancje przeciwdrobnoustojowe metodą mikrorozcieńczeń w bulionie (MIC – minimalne stężenie antybiotyków hamujące wzrost bakterii) z użyciem panelu EUVSEC3 (Trek D. S.). Wyniki interpretowano przy użyciu epidemiologicznych wartości odcięcia (ECOFF) rekomendowanych przez EUCAST. Sekwencjonowanie genomowe wykonano z wykorzystaniem platformy Illumina.

Izolaty należały do 7 różnych serowarów *Salmonella*, w tym tych najczęściej odpowiadające za zachorowania ludzi, tj. *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium*, czy *S. Infantis*. Pomimo niskiego odsetka szczepów opornych potwierdzono, że część izolatów była oporna na chinolony. Analiza WGS wykazała, że wszystkie *S. Enteritidis* należą do typu sekwencyjnego ST11 i posiadają mutacje punktowe w genach *gyrA* (S83Y) warunkujące oporność na chinolony. Z kolei *S. Isaszeg* zakwalifikowano do nowego typu sekwencyjnego, w którym zidentyfikowano nowe warianty genów *sucA* oraz *thrA*.

Molecular characterization of *Salmonella* bacteria isolated from wild birds in Poland

Wild birds still constitute a not well-recognized reservoir of *Salmonella*. The aim of the study was the molecular characterization of *Salmonella* spp. originating from wild birds.

Salmonella strains (n=16) were isolated from 150 samples collected from wild birds between 2020 and 2023. Antimicrobial susceptibility testing was performed using the MIC (minimum inhibitory concentration) method using the EUVSEC3 panel (Trek D. S.). Results were interpreted using epidemiological cut-off values (ECOFF) recommended by EUCAST. Whole genome sequencing was performed using the Illumina platform.

The isolates belonged to 7 different *Salmonella* serovars, including those most frequently responsible for human diseases, i.e. *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium*, or *S. Infantis*. Despite a low proportion of resistant strains, it was confirmed that some of the isolates were resistant to quinolones. WGS analysis showed that all *S. Enteritidis* belong to the ST11 sequence type and have point mutations in the *gyrA* genes (S83Y) conferring resistance to quinolones. In turn, *S. Isaszeg* was classified as a new sequence type, in which new variants of the *sucA* and *thrA* genes were identified.

Charakterystyka genomowa oraz ocena wrażliwości na środki przeciwdrobnoustrojowe *Salmonella* Enteritidis izolowanych od drobiu w latach 1980-1986 – wyniki wstępne

Anna Lalak, Magdalena Zając, Magdalena Skarżyńska, Renata Kwit,
Emilia Mikos-Wojewoda, Ewelina Skrzypiec, Dominika Wojdat, Dariusz Wasyl

Zakład Mikrobiologii, Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy

Utrzymujący się poziom zakażeń u zwierząt i zatruc pokarmowych u ludzi wywołanych przez *Salmonella* Enteritidis wskazuje na pandemiczny charakter ekspansji tego serowaru.

Celem prowadzonych badań było wyjaśnienie przyczyn sukcesu epidemiologicznego *S. Enteritidis* poprzez określenie stopnia zmienności genomowej i wrażliwości na środki przeciwdrobnoustrojowe 29 szczepów *S. Enteritidis* pochodzących od drobiu, z kolekcji zgromadzonej w Zakładzie Mikrobiologii PIWet-PIB, w latach 1980-1986. Badanie wrażliwości na substancje przeciwdrobnoustrojowe przeprowadzono metodą MIC (minimalne stężenie antybiotyków hamujące wzrost bakterii) z użyciem panelu EUVSEC3 (Trek D. S.). Wyniki interpretowano przy użyciu epidemiologicznych wartości odciążenia (ECOFF) rekomendowanych przez EUCAST. Sekwencjonowanie genomowe wykonano z wykorzystaniem platformy Illumina.

Analizy wykazały duże zróżnicowanie szczepów *S. Enteritidis* oraz klonalne szerzenie się określonych typów sekwencyjnych u badanych gatunków drobiu. Występowanie licznych wysp patogenności świadczy o wysokim potencjale zoonotycznym badanych szczepów. Potwierdzeniem tego może być również obecność replikonów plazmidowych związanych z przenoszeniem genów oporności i wirulencji. Niski status oporności wskazuje na ograniczone nabywanie oporności przez szczepy tego serowaru.

Genomic characterization and assessment of antimicrobial susceptibility of *Salmonella* Enteritidis isolated from poultry in 1980-1986 – preliminary results

Sustained level of infections in animals and food poisoning in humans caused by *Salmonella* Enteritidis indicates the pandemic nature of the expansion of this serovar. The study aimed to explain the causes of the epidemiological success of *S. Enteritidis* by determining the degree of genomic variability and sensitivity to antimicrobials of 29 strains of *S. Enteritidis* originating from poultry, from the collection gathered at the Department of Microbiology, PIWet-PIB, in the years 1980-1986.

Antimicrobial susceptibility testing was performed with the MIC (minimum inhibitory concentration) method using the EUVSEC3 panel (Trek D. S.). Results were interpreted using epidemiological cut-off values (ECOFF) recommended by EUCAST. Whole genome sequencing was performed using the Illumina platform. The analyzes showed a high diversity of *S. Enteritidis* strains and clonal spread of specific sequence types in the studied poultry species. The occurrence of numerous pathogenicity islands indicates the high zoonotic potential of the tested strains. This may also be confirmed by the presence of plasmid replicons associated with the transfer of resistance and virulence genes. The low resistance status indicates limited acquisition of resistance by strains of this serovar.

Znikający azot w rzece na obszarze silnie zurbanizowanym – czy badania metataksonomiczne składu populacji bakterii i grzybów pomogą go odnaleźć?

Anna Lenart-Boroń¹, Anna Bojarczuk², Piotr Boroń³, Natalia Czernecka⁴

¹Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

²Zakład Hydrologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

³Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

⁴Sekcja Mikrobiologii Koła Naukowego Biotechnologów HELISA, Uniwersytet Rolniczy Kraków

Wody powierzchniowe obszarów zurbanizowanych poddawane są silnej antropopresji, przejawiającej się wysokimi stężeniami zanieczyszczeń chemicznych. Badania przeprowadzono na rzece Drwince płynącej wzdłuż Niepołomickiej Strefy Inwestycyjnej, gdzie analizy hydrochemiczne wykazały nietypowo niskie stężenia biogenów (często poniżej limitu detekcji), zwłaszcza jonów NO₃, NO₂ i PO₄, wskazując na obecność zjawisk przyczyniających się do ich zmniejszenia. Dla czterech lokalizacji przeprowadzono sekwencjonowanie NGS rejonu V3-V4 16S rDNA dla populacji bakterii i ITS dla grzybów. Najwyższy udział wśród bakterii miały *Exiguobacterium* i *Acinetobacter* spp., mające zdolność do wydajnej denitryfikacji i redukcji azotu. Stwierdzono obecność bakterii wiążących azot (*Luteobacter*, *Bacillus*, *Rhodococcus*, *Flavobacterium*), denitryfikatorów (*Paracoccus*, *Pseudorhodobacter*) i nityfikatorów (*Nitrosomonas*). Wśród grzybów dominowały *Acremonium stromaticum*, *Cladosporium delicatulum* i *Ustilago filiformis*, tj. saprotrofy, pleśnie i pasożyty roślin. Wyniki sugerują konieczność poszerzenia zakresu analiz NGS 16S rDNA o dodatkowe lokalizacje.

Badania sfinansowano: MINIATURA DEC-2023/07/X/ST10/00297 i Program Strategiczny Inicjatywa Doskonałości, Wydział Geografii i Geologii UJ.

Nitrogen disappearing in a river of a highly urbanized area – will metataxonomic studies of bacterial and fungal populations find it?

In urbanized areas surface water is subject to strong anthropogenic pressure, manifested by significant concentrations of chemical pollutants. This study was carried out on the Drwinka river, which flows along the Niepołomice Investment Zone. Hydrochemical analyzes showed unusually low concentrations of biogenic ions (NO₃, NO₂ and PO₄), suggesting phenomena that contribute to their reduction. NGS-based analysis of V3-V4 16S rDNA was performed for bacterial population and ITS – for fungi. Among bacteria, the highest share had *Exiguobacterium* and *Acinetobacter* spp., capable of efficient denitrification and nitrogen reduction. We also found nitrogen fixers (*Luteobacter*, *Bacillus*, *Rhodococcus*, *Flavobacterium*), denitrifiers (*Paracoccus*, *Pseudorhodobacter*) and nitrifiers (*Nitrosomonas*). The dominant fungi were *Acremonium stromaticum*, *Cladosporium delicatulum* and *Ustilago filiformis* (saprotrophs, molds and plant parasites). Our results suggest the need to expand the scope of NGS 16S rDNA analyzes to additional locations.

This research was financed: MINIATURA No. DEC-2023/07/X/ST10/00297; Strategic Programme Excellence Initiative at Faculty of Geography and Geology Jagiellonian University.

Rany zwierząt towarzyszących jako siedlisko antybiotykoopornych bakterii. Badania hodowlane, proteomiczne i molekularne

Anna Lenart-Boroń¹, Klaudia Bulanda², Natalia Czernecka³, Anna Ratajewicz³,
Klaudia Stankiewicz¹

¹Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

²Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

³Sekcja Mikrobiologii Koła Naukowego Biotechnologów HELISA, Uniwersytet Rolniczy Kraków

Celem badań była identyfikacja patogenów najpowszechniej infekujących rany zwierząt towarzyszących, oznaczenie ich lekooporności i wykrycie w ich DNA genów antybiotykooporności, w oparciu o badania hodowlane, molekularne i proteomiczne. Wyizolowano 136 szczepów bakterii z wymazów z ran zwierząt. Ich identyfikację gatunkową oparto na hodowli na podłożach chromogennych i spektrometrii MALDI-TOF. Najczęściej wykrywano *S. pseudintermedius* (9.56%), *E. coli* (8.09%) i *E. faecalis* (8.09%). Oporność na antybiotyki oznaczono metodą dyfuzyjno-krażkową. *Enterobacterales* były głównie odporne na amoksyliny z kwasem klawulanowym (63%), wszystkie szczepy *Enterococcus* były odporne na imipenem, a u *Staphylococcus* dominowała oporność na klindamycynę (39.2%). Technikę PCR wykorzystano aby wykryć geny lekooporności. Najczęściej wykrywano geny *strA*, *sul3* i *blaTEM* (oporność na streptomycynę, sulfonamidy i beta-laktamazy o rozszerzonym spektrum substratowym).

Badania sfinansowano ze środków budżetu państwa, przyznanych przez Ministra Edukacji i Nauki w ramach Programu „Studenckie koła naukowe tworzą innowacje” – „Badania skuteczności innowacyjnych bionanokompozytów hialuronu z nanokapsułkowaną ozonowaną oliwą z oliwek, grafenem i nanosrebrem przeciw bakteriom infekującym rany psów i kotów” (Umowa Nr SKN/SP/569551/2023).

Wounds of companion animals as a habitat of antibiotic resistant bacteria. Culture-based, proteomic and molecular studies

The aim of this study was to identify the most common bacterial pathogens infecting wounds of companion animals, to determine their antimicrobial resistance and detect 12 genetic determinants of antibiotic resistance in their DNA, using culture-based, molecular and proteomic analyses. A total of 136 bacterial strains were isolated from wound swabs, and species identification was based on chromogenic media followed by MALDI-TOF spectrometry. *S. pseudintermedius*, *E. coli* and *E. faecalis* (9.56% and 8.09%) were the most common. Antimicrobial resistance was assessed using disc-diffusion method. *Enterobacterales* were mostly resistant to amoxicillin/clavulanic acid (63%), all *Enterococcus* were imipenem-resistant and staphylococci were most commonly resistant to clindamycin (39.2%). PCR tests were applied to detect the resistance genes and *strA*, *sul3* and *blaTEM* (resistance to streptomycin, sulfonamides and extended-spectrum beta-lactamases) were most frequently detected.

Identyfikacja mikroorganizmów jako komponentów bionawozów ograniczających straty składników mineralnych w glebie

Anna Lisek, Paweł Trzciniński, Lidia Sas-Paszt, Sławomir Głuszek

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

Nadmierne nawożenie mineralne i aplikacja chemicznych środków ochrony roślin oraz organiczne odpady pochodzące z rolnictwa zanieczyszczają glebę, wodę i powietrze poprzez wymywanie jonów azotanowych, fosforanowych i innych składników mineralnych do wód powierzchniowych i gruntowych oraz emisję amoniaku i gazów cieplarnianych do atmosfery. Zjawiska te są niekorzystne dla upraw ogrodniczych i rolniczych, pogarszają jakość gleb oraz przyczyniają się do eutrofizacji wód. Wyselekcjonowano i zidentyfikowano 10 szczepów bakterii z rodzajów *Bacillus*, *Priestia*, *Streptomyces*, *Pseudomomas*, *Klebsiella* udostępniających roślinom fosfor, żelazo oraz inne makro- i mikroelementy i biodegradujących materię organiczną. Scharakteryzowane i zidentyfikowane szczepy pożytecznych bakterii są komponentami 6 konsorcjów mikrobiologicznych, przeznaczonych do stymulacji wzrostu i plonowania roślin uprawnych oraz biodegradacji materii organicznej, których zastosowanie przyczyni się do ograniczania strat składników mineralnych z gleby do wód powierzchniowych i wód gruntowych oraz do atmosfery.

Projekt EcoNutri „Innowacyjna koncepcja i ekologicznie zrównoważone technologie nawożenia w rolnictwie, zapobiegające i ograniczające zanieczyszczenia gleby, wód i powietrza”, otrzymał dofinansowanie przez Komisję Europejską w ramach programu Horyzont Europa, nr projektu 101081858.

Identification of microorganisms as components of biofertilizers that limit the losses of minerals in the soil

Excessive mineral fertilization and the application of chemical plant protection products, as well as organic waste from agriculture pollute the soil, water and air by leaching nitrate, phosphate and other mineral ions into surface and groundwater and by emitting ammonia and greenhouse gases into the atmosphere. These phenomena are unfavorable for horticultural and agricultural crops, deteriorate soil quality and contribute to water eutrophication. Ten strains of bacteria from the genera *Bacillus*, *Priestia*, *Streptomyces*, *Pseudomomas*, *Klebsiella* were selected and identified, with the properties of providing plants with phosphorus, iron and other macro- and microelements and degrading organic matter. The characterized and identified strains of beneficial bacteria are components of six microbiological consortia intended to stimulate the growth and yield of crop plants and the biodegradation of organic matter, the use of which will contribute to limiting the losses of minerals from the soil to surface and groundwater waters and to the atmosphere.

The EcoNutri project “Innovative concept and ecologically sustainable fertilization technologies in agriculture, preventing and reducing soil, water and air pollution,” received funding from the European Commission under the Horizon Europe program, project number 101081858.

Wrażliwość *Neosartorya* spp. (teleomorfa *Aspergillus* spp.) na wybrane związki cykliczne

Wiktorija Maj, Giorgia Pertile, Magdalena Frąć

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, Polska

Neosartorya spp. (teleomorfa *Aspergillus* spp.) są znane ze swojej odporności na obróbkę ciepłą, co czyni je istotnym zagrożeniem dla bezpieczeństwa żywności [1]. Biorąc pod uwagę ich właściwości, zrozumienie wrażliwości tych grzybów na substancje chemiczne ma ogromne znaczenie dla przetwórstwa żywności. W niniejszym badaniu określono wpływ 11 związków cyklicznych na wzrost i aktywność metaboliczną *Neosartorya* spp. Dziesięć izolatów grzybów hodowano w optymalnych warunkach i wykorzystano do wytworzenia zawiesin komórkowych do inokulacji mikroplitek Biolog® PM21-25. Wyniki wskazują, że po 144 godzinach inkubacji prometazyna, wodzian dichlorowodorku metylo-wiologenu hamowały wzrost testowanych grzybów, podczas gdy inne związki cykliczne (cykloheksymid, chlorowodorek doksycykliny i chlorek berberyny) stymulowały ich wzrost. Badanie to nie tylko wzbogaca wiedzę na temat *Neosartorya* spp., ale także zapewnia wgląd w potencjalne strategie zwalczania grzybów.

[1] Yaguchi, T., Imanishi, Y., Matsuzawa, T., Hosoya, K., Hitomi, J., & Nakayama, M. (2012). Method for identifying heat-resistant fungi of the genus *Neosartorya*. *Journal of food protection*, 75(10), 1806-1813.

Praca została zrealizowana przy wsparciu finansowym Narodowego Centrum Nauki, Preludium Bis-2, 2020/39/O/NZ9/03421.

***Neosartorya* spp. (teleomorph of *Aspergillus* spp.) sensitivity to selected cyclic compounds**

Neosartorya spp. (teleomorph of *Aspergillus* spp.) are renowned for their resilience to heat treatments, making them a significant concern in food safety [1]. Given the impact of these fungi, understanding their sensitivity to chemicals is paramount for food production. In this study, the influence of 11 cyclic compounds was tested (e.g. caffeine, benzamidine, cycloheximide) on the growth and metabolic activity of *Neosartorya* spp. Ten fungal isolates were cultured in optimal growth conditions and used to obtain cell suspensions for inoculation of Biolog® PM21-25 microplates. Our findings delineate that after 144 hours of incubation, promethazine, methyl viologen dichloride hydrate impeded the growth of tested fungi, while other cyclic substances (cycloheximide, doxycycline hydrochloride and berberine chloride) stimulated it. This investigation not only enriches our comprehension of *Neosartorya* spp. but also provides insights into potential strategies for fungal management.

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

Charakterystyka społeczności mikroorganizmów zasiedlających endosferę hiperakumulatorów

Oliwia Malinowska, Karolina Kardys, Agata Goryluk-Salmonowicz

Katedra Biochemii i Mikrobiologii, Instytut Biologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Rośliny zdolne do akumulowania wysokich stężeń metali, zwane hiperakumulatorami, występują w różnych strefach klimatycznych na całym świecie. Co ciekawe, znanych jest ponad 750 gatunków hiperakumulatorów, a tylko dla kilku gatunków zbadano mikrosocjetyczność endofityczną. Celem niniejszej pracy była charakterystyka genetyczna i fenotypowa bakterii endofitycznych pozyskanych z wewnętrznych tkanek rośliny *Armeria maritima* subsp. *halleri* (Wallr.) Rothm.

Wyniki wskazują, iż wśród bakterii hodowlanych zasiedlających *Armeria maritima* dominują gatunki rodzaju *Pseudomonas*. Pozyskane szczepy wykazały liczne właściwości promujące wzrost roślin (m.in. produkcja IAA, sideroforów, upłynnianie Pb). W następnym etapie prac zostanie rozpoznana społeczność mikroorganizmów endofitycznych techniką Sekwencjonowania Nowej Generacji. Technikę NGS w badaniu mikrobiomu hiperakumulatorów zastosowano jak dotąd dla takich roślin, jak: *Commelina communis*, *Miscanthus sinensis* czy *Noccaea caerulea*. Mikrobiom endofityczny badanych roślin zdominowany był przez Actinobacteriota (35-55%) i α -Proteobacteria (10-20%), podczas gdy w glebie pozaryzosferowej dominowały bakterie typu Bacteroidota (26%). Co ciekawe, wykazano, iż wyższa zawartość metali ciężkich (Cd, Cu, Pb, Zn) nie wpływa na skład społeczności endofitów zasiedlających badane rośliny, w przeciwieństwie do składu społeczności bakterii ryzosferowych i pozaryzosferowych.

Characteristics of the microbial community inhabiting hyperaccumulating plant endosphere

Plants that accumulate high metal concentrations are called hyperaccumulators. They grow in different climatic zones all over the world. Interestingly, more than 750 species of hyperaccumulators are known but endophytic community has been investigated for a few plant species only. The aim of this study was the genetic and phenotypic analysis of endophytic bacteria isolated from internal tissues of *Armeria maritima* subsp. *halleri* (Wallr.) Rothm. The results showed that the dominant genus of culturable endophytes inhabiting *Armeria maritima* was *Pseudomonas*. Bacterial strains had plant growth promoting properties, like IAA and siderophore production and Pb solubilization. The Next Generation Sequencing analysis will be performed in further researches. The NGS technique has been used for studying hyperaccumulator's endosphere of such plants as *Commelina communis*, *Miscanthus sinensis* and *Noccaea caerulea*. The endophytic microbiome of the studied plants was dominated by Actinobacteriota (35-55%) and α -Proteobacteria (10-20%) while in the bulk soil Bacteroidota (26%) was the dominant phylum. Noteworthy, it has been shown that increase of heavy metals (Cd, Cu, Pb, Zn) do not influence on microbial community structure in the endosphere of tested plants, in contrast to the rhizosphere and bulk soil.

Mikrobiom glebowy pod lupą: funkcjonalna analiza zbiorowisk bakterii w uprawach współrzędnych zbóż i roślin bobowatych

Mateusz Mącik¹, Dominika Siegieda¹, Agata Gryta¹, Jacek Panek¹,
Beata Feledyn-Szewczyk², Giacomo Pietramellara³, Shamina Imran Pathan³, Magdalena Frąć¹

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

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

³University of Florence, Piazza San Marco 4, Florence 50121, Włochy

Uprawy współrzędne zbóż i roślin bobowatych zyskują coraz większą popularność w obszarze zrównoważonego rolnictwa. Celem badań była analiza profilu funkcjonalnego zbiorowisk bakterii w różnych systemach uprawy zbóż i roślin bobowatych w doświadczeniu polowym zlokalizowanym w Stacji Doświadczalnej Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa w Osinach. Próbkę gleby pobierano z głębokości 15-30 cm, 30-60 cm oraz 60-90 cm. Różnorodność funkcjonalną zbiorowisk bakterii określono za pomocą sekwencjonowania następnej generacji (NGS), narzędzia PICRUST2 oraz bazy danych KEGG. Największą liczbę funkcjonalnych sekwencji przypisano do procesów związanych z metabolizmem i przetwarzaniem informacji genetycznej. W organicznych i zintegrowanych systemach uprawy zanotowano obniżenie liczby sekwencji w warstwie 30-60 cm oraz zwiększenie w warstwie 60-90 cm. W porównaniu do konwencjonalnej metody uprawy liczba funkcjonalnych sekwencji wzrosła w warstwie 15-30 cm w organicznym współrzędnym oraz zintegrowanych systemach uprawy.

Soil microbiome under scrutiny: functional analysis of bacterial communities in cereal-legume intercropping systems

Cereal-legume intercropping systems are gaining increasing popularity in the field of sustainable agriculture. The aim of the research was to analyze the functional profile of bacterial communities in various cereal-legume intercropping systems in a field experiment located at the Experimental Station of the Institute of Soil Science and Plant Cultivation in Osiny. Soil samples were collected from depths of 15-30 cm, 30-60 cm and 60-90 cm. The functional diversity of bacterial communities was determined using Next Generation Sequencing (NGS), the PICRUST2 tool and the KEGG database. The highest number of functional sequences was assigned to processes related to metabolism and genetic information processing. In organic and integrated cropping systems, a decrease in the number of sequences was observed in the 30-60 cm layer, while an increase was noted in the 60-90 cm layer. Compared to the conventional farming system, the number of functional sequences increased in the 15-30 cm layer in organic intercropping as well as integrated cropping systems.

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

Mutagenesa wybranych genów potencjalnie zaangażowanych w aktywność przeciwgrzybową endofitycznego szczepu z rodzaju *Pseudomonas*

Dawid Męcik, Katarzyna Hupert-Kocurek

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

Bakterie endofityczne wykazują antagonistyczne oddziaływania wobec wielu patogennych grzybów, pełniąc ważną rolę w biologicznej ochronie roślin. Celem prowadzonych badań była próba inaktywacji wybranych genów szczepu *P. fluorescens* BRZ63 wykazujących podwyższony poziom ekspresji w obecności grzybowych fitopatogenów. Na podstawie analizy genomu szczepu BRZ63, dla każdego z genów, zaprojektowano pary starterów warunkujące amplifikację fragmentów znajdujących się powyżej oraz poniżej modyfikowanej sekwencji, homologicznych do danego genu oraz genu oporności na antybiotyki. Zaprojektowano również startery do amplifikacji genu oporności na tetracyklinę. Do połączenia uzyskanych fragmentów zastosowano metodę klonowania Gibsona, a skonstruowane kasety wprowadzono bezpośrednio do kompetentnych komórek szczepu BRZ63. W wyniku przeprowadzonych badań uzyskano kasety genowe specyficzne dla każdego z wybranych genów. Mutację insercyjną wygenerowano jedynie w genie *bglX* kodującym β -glukozydazę, enzym zaangażowany w hydrolityczny rozkład β -glukanu stanowiącego jeden ze składników ściany komórkowej grzybów.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki (grant nr UMO-2020/39/B/NZ9/00491).

Mutagenesis of selected genes potentially involved in the antifungal activity of an endophytic strain of the genus *Pseudomonas*

Endophytic bacteria exhibit antagonistic interactions against many fungal pathogens and can play a pivotal role in the biological protection of plants. The aim of the work was to inactivate the selected genes of the *P. fluorescens* BRZ63 exhibiting elevated expression in the presence of fungal phytopathogens. For each of the selected genes pairs of primers were designed, determining the amplification of fragments located up and down of the modified sequence, homologous to the target gene and the antibiotic resistance gene. The primers for amplification of the *tet^R* gene were also designed. Gibson cloning method was used to fuse the obtained fragments, and the constructed cassettes were directly introduced into competent cells of BRZ63 strain. As a result, gene cassettes specific to each of the selected genes were obtained. An insertion mutation was generated only in the *bglX* gene encoding β -glucosidase, an enzyme involved in the hydrolytic degradation of β -glucan, which is one of the components of the fungal cell wall.

This research was funded by the National Science Centre, Poland (grant number UMO-2020/39/B/NZ9/00491).

Odpowiedź mikrobiomu gleby replantowanej w szkółce drzew owocowych na skutek biofumigacji

Alicja Niewiadomska¹, Agnieszka Wolna-Maruwka¹, Adrianna Kubiak¹,
Robert Wieczorek², Zofia Zydlik²

¹Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu,
ul. Szydlowska 50, 60-656 Poznań

²Katedra Roślin Ozdobnych, Dendrologii i Sadownictwa, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu,
ul. Wojska Polskiego 28, 60-637 Poznań

Jednym z podstawowych wskaźników występowania ARD (Apple Replant Disease) jest zakłócenie równowagi mikrobiomu w glebie. Zabieg biofumigacji daje możliwość jej przywrócenia. W pracy wykonano analizę różnorodności taksonomicznej i funkcjonalnej zbiorowisk bakterii w glebie replantowanej (ARD), replantowanej z przedplonem z aksamitki rozpierzchłej (*Tagetes patula* L.), gorzycy białej (*Sinapis alba*) i rzodkwi oleistej (*Raphanus sativus* L. var. *oleifera*) oraz w glebie rolniczej. Zabieg biofumigacji z wykorzystaniem roślin fitosanitarnych zmienił strukturę i liczebność mikrobiomu gleby replantowanej w szkółce drzewek owocowych. Wzrosła liczebność jednostek taksonomicznych OTU typów Proteobacteria, Bacteroidota, Patescibacteria, Chloroflexi, Verrucomicrobiota, a spadła typów Firmicutes, Acidobacteriota i Actinobacteriota. W wyniku biofumigacji w glebie replantowanej wzrosła zawartość niektórych dominujących rodzajów bakterii, takich jak *Flavobacterium*, *Massila*, *Sphingomonas*, *Arenimonas*, czy *Devosia*. Ich obecność w glebie może przyczynić się do poprawy wzrostu roślin, indukować ich odporność systemiczną, a tym samym poprawiać właściwości produkcyjne gleby z ARD. Zastosowanie roślin fitosanitarnych w produkcji szkółkarskiej może stanowić skuteczną alternatywę dla chemicznej fumigacji gleby.

Response of the microbiome of soil replanted in a fruit tree nursery as a result of biofumigation

The imbalance of the soil microbiome is a primary indicator of ARD (Apple Replant Disease). Biofumigation is a treatment that enables the restoration of the microbiome balance. This study involved an analysis of the taxonomic and functional diversity of bacterial communities in replanted soil (ARD), in replanted soils with forecrops of French marigold (*Tagetes patula* L.), white mustard (*Sinapis alba*), and oilseed radish (*Raphanus sativus* L. var. *oleifera*), and in agricultural soil. The biofumigation treatment with phytosanitary plants changed the structure and abundance of the replanted soil microbiome in a fruit tree nursery. The count of operational taxonomic units (OTU) of the Proteobacteria, Bacteroidota, Patescibacteria, Chloroflexi, and Verrucomicrobiota phyla increased, whereas the count of the Firmicutes, Acidobacteriota, and Actinobacteriota phyla decreased. Biofumigation caused an increase in the content of some dominant bacterial genera, such as *Flavobacterium*, *Massila*, *Sphingomonas*, *Arenimonas*, and *Devosia* in the replanted soil. Their presence in the soil may improve the growth of plants, induce their systemic resistance, and thus improve the production properties of soil with ARD. The research results concluded that using phytosanitary plants in nursery production can be an effective alternative to the chemical fumigation of soil.

Zastosowanie analizy mykobiomu w zaburzeniach metabolicznych

Małgorzata Ostrowska, Elwira Komoń-Janczara, Karolina Nowosad

Katedra Biotechnologii, Mikrobiologii i Żywności Człowieka, Wydział Nauk o Żywności i Biotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Choroby metaboliczne stanowią wyzwanie dla współczesnej medycyny ze względu na ich wpływ na metabolizm i ogólny stan zdrowia pacjenta. Fenylketonuria (PKU) jest dziedziczną chorobą metaboliczną charakteryzującą się niedoborem enzymu hydroksylazy fenylalaniny, co prowadzi do akumulacji fenylalaniny w organizmie. Nieleczona może skutkować poważnymi uszkodzeniami neurologicznymi. Celem niniejszego badania było określenie wpływu diety na mykobiom oraz wskazanie różnic w składzie mykobiomu między grupą PKU oraz grupą kontrolną. Zsekwencjonowano regiony grzybowego genu ITS1 przy użyciu aparatu iSeq100 (Illumina). Różnorodność mykobiomu przeanalizowano przy użyciu oprogramowania QIIME 2 (DADA2, ANCOM, Shannon). Analiza mykobiomu jamy ustnej wykazała obecność taksonów: *Neoscochyta* (PKU 6%), *Leotiomycetes* sp. (PKU 6%; kontrola 44%), *Candida* (PKU 2%), *Sarocladium* (PKU 3%), *Fusarium* (PKU 5%), *Nectriaceae* (PKU 5%), *Mycena* (PKU 55%), *Antrodia* (PKU 18%, kontrola 7%) i *Mortierella* (PKU 15%, kontrola 7%). Badania wstępne wskazują na znaczące różnice w składzie mykobiomu między pacjentami z PKU a grupą kontrolną. Wyniki te sugerują konieczność dalszych badań, które mogą przyczynić się do lepszego zrozumienia roli mykobiomu w PKU oraz potencjalnego rozwoju nowych metod diagnostycznych i terapeutycznych.

Badania finansowane przez NCN nr projektu 2022/06/X/NZ9/00519 oraz MEiN/UP, nr projektu VKT/MN-7/TŻ/21.

Application of mycobiome analysis in metabolic disorders

Metabolic diseases pose a significant challenge to modern medicine due to their impact on a patient's metabolism and overall health. Phenylketonuria (PKU) is an inherited metabolic disease characterised by a deficiency of the enzyme phenylalanine hydroxylase, which leads to the accumulation of phenylalanine in the body. Left untreated, it can result in severe neurological damage. The aim of the present study was to determine the effect of diet on the mycobiome and to identify differences in mycobiome composition between the PKU group and the control group. The regions of the fungal ITS1 gene were sequenced using an iSeq100 instrument (Illumina). Mycobiome diversity was analysed using QIIME 2 software (DADA2; ANCOM, Shannon). Analysis of the oral mycobiome indicated the presence of the following taxa: *Neoscochyta* (PKU 6%), *Leotiomycetes* sp. (PKU 6%; control 44%), *Candida* (PKU 2%), *Sarocladium* (PKU 3%), *Fusarium* (PKU 5%), *Nectriaceae* (PKU 5%), *Mycena* (PKU 55%), *Antrodia* (PKU 18%, control 7%), and *Mortierella* (PKU 15%, control 7%). Preliminary studies indicate significant differences in the composition of the mycobiome between PKU patients and controls. These findings suggest the need for further studies that may contribute to a better understanding of the role of the mycobiome in PKU and the potential development of new diagnostic and therapeutic approaches.

Research funded by NSC Poland, project no: 2022/06/X/NZ9/00519 and MES/ULS project no. VKT/MN-7/TŻ/21.

Potencjał biologiczny bakterii z rodzaju *Bacillus* na podstawie analizy funkcjonalnej genomu wybranych izolatów

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

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

Głównym celem przeprowadzonych badań było określenie potencjału biologicznego bakterii z rodzaju *Bacillus* poprzez analizę funkcjonalną genomu wybranych izolatów pozyskanych z ryzosfery jabłoni. Nadrzędne założenie podjętych zagadnień dotyczyło natomiast wyjaśnienia zdolności izolatów *Bacillus* do interakcji z otoczeniem, szczególnie w kontekście oceny możliwości wykorzystania tych mikroorganizmów do kontroli gorzkiej zgnilizny jabłek (ang. Bull's Eye Rot, BER), wywoływanej przez grzyby z rodzaju *Neofabraea* (syn. *Pezicula*, *Phlyctema*). W związku z tym wykonano analizę sekwencjonowania całych genomów trzech izolatów *Bacillus* spp. zgodnie z protokołem Illumina® MiSeq v3 (2x300). Zanotowano wysokie podobieństwo genetyczne badanych izolatów. Za pomocą narzędzia KofamKOALA – KEGG Orthology Search odnotowano kompletność genomu badanych izolatów *Bacillus* spp. m.in. w zakresie oksydacyjnej fosforylacji, degradacji węgla, metabolizmu azotu, metabolizmu siarki, asymilacji siarki, biosyntezy aminokwasów, fermentacji kwasów mieszaných. Mimo że dla badanych izolatów wykazano aktywność antagonistyczną, wobec izolatów grzybów z rodzaju *Neofabraea*, w ich genomie nie wykazano obecności genów kodujących produkcję chitynaz i β -glukanaz. To świadczy o tym, że najprawdopodobniej badane izolaty wykorzystują inne mechanizmy działania antagonistycznego. Dodatkowo przy użyciu narzędzia Resistance Gene Identifier (RGI) w genomie wykryto jedynie nieliczne potencjalne geny odporności na antybiotyki, co ma znaczenie w kontekście zastosowania tych szczepów w warunkach sadowniczych.

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

Biological potential of bacteria from the genus *Bacillus* based on functional genome analysis of selected isolates

The research aimed to explore the biological potential of *Bacillus* bacteria from apple tree rhizospheres, focusing on their interaction capabilities and potential use in controlling Bull's Eye Rot (BER) caused by *Neofabraea* fungi. Accordingly, whole-genome sequencing analysis of three *Bacillus* spp. isolates was performed using the Illumina® MiSeq. High genetic similarity among the tested isolates was observed. Using the KofamKOALA tool, the completeness of the gens of the tested *Bacillus* spp. isolates was noted. Despite showing antagonistic activity against *Neofabraea*, the *Bacillus* isolates lacked genes for chitinase and β -glucanase production, suggesting alternative antagonistic mechanisms. Additionally, using the Resistance Gene Identifier (RGI) tool, only a few potential antibiotic resistance genes were detected in the genome, which is important in the context of using these strains in orchard conditions.

Mikrobiom endosymbiotyczny grzybów *Serendipita indica*

Jacek Panek¹, Daria Barańska¹, Dominika Siegieda¹, Giorgia Pertile¹, Krzysztof Sikorski², Katarzyna Turnau², Magdalena Frąc¹

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

²Institut Nauk o Środowisku, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie, ul. Gronostajowa 7, 30-387 Kraków

Serendipita indica jest grzybem endofitycznym zasiedlającym korzenie roślin. Liczne badania wykazały pozytywny wpływ kolonizacji korzeni roślin przez *S. indica* na ich wzrost i rozwój. Ponadto zaobserwowano występowanie bakterii w strzępkach *S. indica* – zjawisko endosymbiozy.

Celem prac badawczych było zidentyfikowanie i scharakteryzowanie mikrobiomu endosymbiotycznego *S. indica* z wykorzystaniem technik metagenomicznych.

Przeprowadzono sekwencjonowanie hybrydowe metagenomowe typu shotgun z zastosowaniem technik Illumina Miseq z wykorzystaniem odczynników v3 2x300 pz oraz Oxford Nanopore Technologies MinION z wykorzystaniem odczynników v14 i flow cell R10.4.1.

Uzyskane sekwencje złożono z wykorzystaniem assemblera SPAdes oraz metaSPAdes, następnie przeprowadzono kontrolę z wykorzystaniem QUAST. Otrzymane contigi zidentyfikowano z wykorzystaniem algorytmu BLAST przeciwko bazie RefSeq organizmów prokariotycznych oraz eukariotycznych. Badania pozwoliły na identyfikację dominujących składowych mikrobiomu *S. indica* – bakterii należących do rodzaju *Lysobacter*.

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

Endosymbiotic microbiome of *Serendipita indica* fungi

Serendipita indica is an endophytic fungus that colonizes the roots of plants. Numerous studies have shown the positive effect of colonization of plant roots by *S. indica* on their growth and development. In addition, the occurrence of bacteria in *S. indica* mycelium – the endosymbiosis mechanism – has been observed.

The aim of the study was to identify and characterize the endosymbiotic microbiome of *S. indica* using metagenomic techniques.

Hybrid shotgun metagenomic sequencing was performed using Illumina Miseq technique using v3 2x300 bp reagents and Oxford Nanopore Technologies MinION using v14 and flow cell R10.4.1 reagents. The obtained sequences were assembled using SPAdes and metaSPAdes assemblers, followed by QUAST inspection and benchmarking. The obtained contigs were identified using the BLAST algorithm against the RefSeq database of prokaryotic and eukaryotic organisms. The study identified the dominant components of the *S. indica* microbiome – bacteria belonging to the genus *Lysobacter*.

The study was funded by the Polish National Science Centre (NCN), under the project OPUS-23, Project Number: 2022/45/B/NZ9/04254.

Różnorodność mikroorganizmów w glebie spod uprawy soi

Elżbieta Patkowska, Elżbieta Mielniczuk

Katedra Ochrony Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

W środowisku glebowym występuje duża różnorodność mikroorganizmów, pomiędzy którymi zachodzą różne interakcje wpływające na liczebność ich populacji. Przeprowadzone badania polowe i laboratoryjne miały na celu określenie składu ilościowego i jakościowego mikroorganizmów zasiedlających glebę spod uprawy soi. Przedmiotem badań była gleba ryzosferowa soi odm. ‘Mazovia’ oraz gleba pozaryzosferowa. Doświadczenie założono na glebie płowej utworzonej z lessów, stanowiącej drugi kompleks rolniczej przydatności (pszenny dobry). W laboratorium wykonano roztwory glebowe, które posłużyły do określenia ogólnej liczby bakterii, liczebności bakterii *Bacillus* spp. i *Pseudomonas* spp. oraz ogólnej liczby grzybów w 1 g s.m. badanych prób gleby. Uzyskane izolaty bakterii oraz grzybów saprotroficznych rodzajów *Clonostachys*, *Penicillium* i *Trichoderma* użyto do określenia ich antagonistycznego oddziaływania względem takich grzybów patogenicznych, jak: *Botrytis cinerea*, *Fusarium culmorum*, *F. oxysporum* f. sp. *glycines*, *F. solani*, *Rhizoctonia solani* i *Sclerotinia sclerotiorum*. Średnia liczebność *Bacillus* spp. w glebie ryzosferowej i pozaryzosferowej była zbliżona. Liczebność *Pseudomonas* spp. w glebie ryzosferowej była wyższa, aniżeli w glebie pozaryzosferowej. Udział grzybów chorobotwórczych w glebie pozaryzosferowej był prawie dwukrotnie wyższy, aniżeli w ryzosferze soi. W obrębie mikroorganizmów antagonicznych występowały bakterie *Bacillus* spp., *Pseudomonas* spp. i grzyby *Clonostachys* spp., *Penicillium* spp., *Trichoderma* spp.

Diversity of microorganisms in the soil under soybean cultivation

In the soil there is a big diversity of microorganisms between which various interactions affecting their population occur. The presented field and laboratory studies were aimed to establish the quantitative and qualitative composition of microorganisms colonizing the soil under soybean cultivation. The object of the studies was the rhizosphere soil of soybean ‘Mazovia’ cv. and the non-rhizosphere soil. The experiment was set up on grey brown podzolic soil composed of loesses, the second complex of agricultural usefulness (good wheat complex). Soil solutions were prepared in the laboratory. They served to determine the total population of bacteria *Bacillus* spp. and *Pseudomonas* spp. in addition to the total population of fungi in 1 g of d.w. of the investigated soil samples. The obtained isolates of bacteria and saprophytic fungi from genera *Clonostachys*, *Penicillium* and *Trichoderma* were used to establish their antagonistic effect towards such pathogenic fungi as *Botrytis cinerea*, *Fusarium culmorum*, *F. oxysporum* f. sp. *glycines*, *F. solani*, *Rhizoctonia solani* and *Sclerotinia sclerotiorum*. The mean population of *Bacillus* spp. in the rhizosphere and the non-rhizosphere soil was similar. The population of *Pseudomonas* spp. in the rhizosphere soil was bigger than in the non-rhizosphere soil. The share of pathogenic fungi in the non-rhizosphere soil was almost twice as high as in the rhizosphere of soybean. Bacteria *Bacillus* spp. and *Pseudomonas* spp. and fungi *Clonostachys* spp., *Penicillium* spp. and *Trichoderma* spp. occurred within antagonistic microorganisms.

Analiza wolnego pozakomórkowego DNA o pochodzeniu bakteryjnym u pacjentów z zaawansowanym czerniakiem poddanych immunoterapii anty-PD-1

Bernadeta Pietrzak¹, Katarzyna Tomela², Łukasz Galus³, Jacek Mackiewicz³, Agnieszka Olejnik-Schmidt¹, Andrzej Mackiewicz^{2,4}, Mariusz Kaczmarek^{2,4}, Marcin Schmidt¹

¹Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

²Katedra Biotechnologii Medycznej, Uniwersytet Medyczny w Poznaniu

³Klinika Onkologii Klinicznej i Doświadczalnej, Instytut Onkologii, Uniwersytet Medyczny w Poznaniu

⁴Zakład Diagnostyki i Immunologii Nowotworów, Wielkopolskie Centrum Onkologii, Poznań

Ostatnie badania wykazały obecność wolnego pozakomórkowego DNA o pochodzeniu mikrobiologicznym (mcfDNA), głównie bakteryjnym, w osoczu krwi osób zdrowych i chorych, w tym pacjentów onkologicznych. Zaobserwowano również istotne różnice w jego składzie i różnorodności pomiędzy tymi grupami, sugerując potencjał mcfDNA jako biomarkera do wczesnej diagnostyki nowotworów i kontrolowania efektów leczenia. W obecnym badaniu przeanalizowano skład mcfDNA wyizolowanego z próbek osocza krwi (n=78) pacjentów z zaawansowanym czerniakiem poddanych immunoterapii anty-PD-1 z wykorzystaniem sekwencjonowania nowej generacji. Badanie wykazało odmienne profile mcfDNA u pacjentów odpowiadających i nieodpowiadających na leczenie przed rozpoczęciem i w trakcie immunoterapii. Otrzymane wyniki sugerują wartość mcfDNA jako czynnika predykcyjnego oraz narzędzia do monitoringu stanu pacjentów w trakcie leczenia.

Projekt finansowany ze środków Narodowego Centrum Nauki (nr grantu 2017/25/B/NZ5/01949).

An analysis of the circulating microbial cell-free DNA in advanced melanoma patients receiving the anti-PD-1 immunotherapy

Recent studies demonstrated the presence of circulating microbial cell-free DNA (mcfDNA), mostly bacterial in origin, in the blood plasma samples of healthy and diseased individuals, including cancer patients. There were also observed significant differences in the composition and diversity of mcfDNA between those groups, suggesting its potential as a biomarker for early cancer detection and monitoring of treatment efficacy. In the present study, the composition of mcfDNA isolated from blood plasma samples (n=78) from advanced melanoma patients undergoing anti-PD-1 immunotherapy was analysed with the next-generation sequencing technique. There were found distinct microbial profiles between responders and non-responders before and during immunotherapy. These findings suggest the mcfDNA value as a biomarker for response prediction and monitoring of patient state.

This study was supported by the National Science Centre, Poland (grant number 2017/25/B/NZ5/01949).

Charakterystyka frakcji mikrobioty jelitowej związanej z wydzielniczymi immunoglobulinami A (SIgA) u pacjentów z zaawansowanym czerniakiem poddanych immunoterapii anti-PD-1

Bernadeta Pietrzak¹, Katarzyna Tomela², Łukasz Galus³, Jacek Mackiewicz³, Agnieszka Olejnik-Schmidt¹, Andrzej Mackiewicz^{2,4}, Mariusz Kaczmarek^{2,4}, Marcin Schmidt¹

¹Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

²Katedra Biotechnologii Medycznej, Uniwersytet Medyczny w Poznaniu

³Klinika Onkologii Klinicznej i Doświadczalnej, Instytut Onkologii, Uniwersytet Medyczny w Poznaniu

⁴Zakład Diagnostyki i Immunologii Nowotworów, Wielkopolskie Centrum Onkologii, Poznań

Ostatnie badania wykazały związek mikrobioty jelitowej z odpowiedzią na immunoterapię u pacjentów onkologicznych. Celem badania było scharakteryzowanie frakcji mikrobioty jelitowej związanej z wydzielniczymi immunoglobulinami A (SIgA) u pacjentów z zaawansowanym czerniakiem poddanych immunoterapii anti-PD-1 z wykorzystaniem sekwencjonowania nowej generacji (n=64). SIgA są dominującymi przeciwciałami występującymi w śluzie jelitowym, odpowiadającymi za utrzymanie homeostazy i regulującymi skład mikrobioty jelitowej. W badanej grupie zaobserwowano istotnie wyższe stężenie SIgA w kale pacjentów, którzy uzyskali korzyść kliniczną z leczenia, w porównaniu z pacjentami, u których nastąpiła progresja choroby. Analiza frakcji mikrobioty związanej z SIgA wykazała charakterystyczne wzorce u pacjentów odpowiadających i nieodpowiadających na leczenie. Dodatkowo zidentyfikowane taksony korelowały ze wskaźnikami czasu wolnego od progresji i przeżycia. Otrzymane wyniki wskazują znaczenie odporności śluzówkowej w kształtowaniu przeciwnowotworowej odpowiedzi immunologicznej.

Projekt finansowany ze środków Narodowego Centrum Nauki (nr grantu 2017/25/B/NZ5/01949).

The characteristics of secretory immunoglobulin A (SIgA)-bound stool microbiota in advanced melanoma patients receiving the anti-PD-1 immunotherapy

Recent studies demonstrated the association between the gut microbiota and response to immunotherapy in cancer patients. The present study aimed to characterize the SIgA-bound stool microbiota composition in advanced melanoma patients receiving anti-PD-1 immunotherapy (n=64) with the next-generation sequencing technique. SIgA is the dominant antibody in the mucosal secretions, which provides homeostasis and regulates the gut microbiota composition. In the study cohort, there was significantly higher fecal SIgA concentration in patients, who clinically benefited from the therapy versus those, who progressed. Analysis of SIgA-bound stool microbiota fraction showed unique microbial signatures in responders and non-responders. Moreover, identified taxa correlated with survival outcomes. These findings suggest that intestinal immunity plays a crucial role in shaping the anticancer immune responses.

Wpływ nawożenia pozostałościami po produkcji owadów gospodarskich na ryzobiotę roślin uprawnych

Sebastian Wojciech Przemieniecki

Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa, Uniwersytet Mazursko-Warmiński w Olsztynie

Nawozy organiczne, w tym te pochodzące z pozostałości po produkcji owadów, odgrywają kluczową rolę w zrównoważonym rozwoju rolnictwa, przyczyniając się do poprawy jakości gleby, zdrowia roślin i efektywności produkcji. Frass, czyli nawóz pochodzący z odchodów owadów, jest bogatym źródłem składników odżywczych (N, P, K, Mg) i substancji organicznej, co sprawia, że stanowi cenny użyźniacz gleby w aspekcie zrównoważonego rolnictwa.

Wyniki badań 16S rRNA wykazały, że aplikacja frassu z produkcji mącznika młynarka zwiększyła udział wielu gatunków bakterii promujących wzrost roślin, zwiększała się udział bakterii amonifikacji, ale nie zwiększał się udział bakterii wiążących azot. Wyniki analizy struktury grzybów ryzosferowych pszenicy zwyczajnej ujawniły wzrost udziału grzybów saprotroficznych, ale też potencjalnych fitopatogenów po zastosowaniu frassu z produkcji mącznika młynarka. W uprawie warzyw lepszy wpływ na ryzobiom zaobserwowano po aplikacji frass z drewnojada niż z mącznika młynarka lub nawet wermikompostu. Podsumowując, można stwierdzić, że frass owadzi wpływa pozytywnie na aktywność mikrobioty ryzosferowej, ale wpływ frassu może być różny w zależności od pochodzenia czy gatunku owada.

Impact of fertilization with residues from insect production on rhizosphere microbiota of cultivated plants

Organic fertilizers, including those derived from residues of insect production, play a key role in sustainable agricultural development, contributing to the improvement of soil quality, plant health, and production efficiency. Frass, the fertilizer derived from insect excrement, is a rich source of nutrients (N, P, K, Mg) and organic matter, making it a valuable soil enricher in the context of sustainable agriculture.

The 16S rRNA analysis results showed that the application of frass from flour moth production increased the proportion of many plant growth-promoting bacterial species, increased the proportion of ammonifying bacteria, but did not increase the proportion of nitrogen-fixing bacteria. Analysis of the structure of wheat rhizosphere fungi revealed an increase in the proportion of saprotrophic fungi as well as potential phytopathogens after the application of frass from flour moth production. Better effects on rhizobium in vegetable cultivation were observed after the application of frass from woodlice than from flour moth or even vermicompost production. In summary, it can be concluded that insect frass has a positive impact on rhizosphere microbiota activity, but the effect of frass may vary depending on the origin or species of the insect.

Wpływ bakterii szczepów *Lactococcus lactis* i *Bacillus velezensis* na plonowanie wybranych odmian pomidora

Arnika Przybylska, Beata Wielkopolan, Krzysztof Krawczyk,
Aleksandra Obrepalska-Stęplowska

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, ul. W. Węgorzka 20, 60-318 Poznań

Preparaty zawierające bakterie promujące wzrost roślin, takie jak np. *Lactococcus lactis* i *Bacillus velezensis*, mogą być obiecującą alternatywą dla nawozów sztucznych i chemicznych środków ochrony roślin w uprawach rolniczych i ogrodniczych. Celem pracy była ocena wpływu bakterii szczepów *L. lactis* i *B. velezensis* na plonowanie roślin pomidora odmian Hector oraz San Marzano.

Rośliny uprawiane były w kontrolowanych warunkach szklarniowych. Do gleby podawano zawiesinę bakterii badanych szczepów w dwóch punktach czasowych. Ilość bakterii w glebie oznaczano za pomocą techniki real-time PCR ze starterami specyficznymi dla analizowanych szczepów bakterii. Dojrzałe owoce pomidorów ważono i liczone, a parametry te porównywano pomiędzy roślinami inokulowanymi bakteriami i kontrolnymi.

W wyniku badań zaobserwowano wpływ bakterii obu szczepów na zwiększenie wydajności plonów roślin pomidora obu odmian. Zaobserwowano także większą średnią masę owocu w przypadku pomidorów odmiany Hector inokulowanych bakteriami *L. lactis* w stosunku do kontroli i do pomidorów inokulowanych *B. velezensis*. Uzyskane wyniki wskazują na pozytywny wpływ bakterii *L. lactis* i *B. velezensis* na plonowanie roślin pomidora.

Badania finansowano z grantu Narodowego Centrum Nauki: 2022/45/B/NZ9/01993.

The influence of bacterial strains *Lactococcus lactis* and *Bacillus velezensis* on the yield of selected tomato cultivars

Plant growth-promoting bacteria formulations, containing such strains as *Lactococcus lactis* and *Bacillus velezensis*, may represent a promising alternative to synthetic fertilizers and chemical plant protection agents in agricultural and horticultural production. This study aimed to assess the impact of bacterial strains *L. lactis* and *B. velezensis* on the yield of tomato plants of the Hector and San Marzano cultivars.

The plants were cultivated under controlled greenhouse conditions. A suspension of bacteria from the tested strains was applied to the soil at two time points. The bacterial populations in the soil were quantified using a real-time PCR. Tomato fruits were weighed and counted, and results were compared between the plants inoculated with bacteria and the control group.

The research findings revealed the positive impact of tested bacterial strains on the yield of tomato plants of both cultivars. Additionally, a higher average fruit mass was observed in tomatoes of the Hector cultivar inoculated with *L. lactis* compared to the control and those inoculated with *B. velezensis*. The obtained results indicate a positive influence of *L. lactis* and *B. velezensis* bacteria on the yield of tomato plants.

The study was supported by the project from the Polish National Center of Science: 2022/45/B/NZ9/01993.

Wpływ uprawy współrzędnej pszenicy wraz z mieszanką trawy i koniczyny na bioróżnorodność zbiorowisk bakterii w podpowierzchniowych warstwach gleby w rolnictwie ekologicznym

Michał Pylak¹, Dominika Siegieda¹, Agata Gryta¹, Jacek Panek¹,
Beata Feledyn-Szewczyk², Shamina Imran Pathan³, Giacomo Piertamellara³, Magdalena Frąć¹

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

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

³Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali,
Università degli Studi di Firenze, Florencia, Włochy

Wykorzystanie uprawy współrzędnej w uprawie zbóż to praktyka stosowana od wielu lat, lecz wciąż nieciesząca się dużą popularnością. Uprawy rolne stanowią istotny czynnik kształtujący mikrobiom glebowy. Jednakże wpływ konkretnych mieszanek roślin uprawianych w ramach uprawy współrzędnej na bioróżnorodność mikroorganizmów podpowierzchniowych warstw gleby jest nadal słabo rozumiany. Wstępne wyniki sugerują istotne różnice w strukturze i składzie bakteryjnego mikrobiomu podpowierzchniowych warstw gleby w uprawie współrzędnej oraz w monouprawie w ekologicznym systemie produkcji. Zrozumienie tych różnic może być kluczowe dla opracowania strategii uprawowych mających na celu utrzymanie lub zwiększenie bioróżnorodności glebowej, co może przyczynić się do zrównoważonego zarządzania glebą i poprawy wydajności upraw.

Badania przeprowadzone w ramach Programu Horyzont Europa finansowanego przez Unię Europejską, numer umowy: Projekt 101082289 — LEGUMINOSE.

The impact of wheat/clover/grass intercropping on the biodiversity of bacterial communities in subsurface soil layers in organic farming

Application of intercropping in grain cultivation is a practice that has been used for many years but still lacks widespread popularity. Agricultural practices are significant factors shaping soil microbiomes. However, the impact of specific crop mixtures used in intercropping on the biodiversity of microorganisms in subsurface soil layers remains poorly understood. Preliminary results suggest significant differences in the structure and composition of the bacterial microbiome of subsurface soil layers between intercropping and monocropping in organic production system. Understanding these differences could be crucial for developing cultivation strategies aimed at maintaining or enhancing soil biodiversity, which could contribute to sustainable soil management and improved crop yield.

Research funded under the Horizon Europe Program financed by the European Union, contract number: Project 101082289 – LEGUMINOSE.

Aktywność mikrobiologiczna gleb pod uprawą wybranych roślin rolniczych

Adrianna Rafalska, Adam Kubaczyński, Anna Walkiewicz

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

Aktywność mikrobiologiczna gleb rolniczych jest ściśle powiązana z ich jakością oraz żyznością. Do jednych z najczęściej badanych parametrów mikrobiologicznych gleb należą: ocena biomasy mikroorganizmów (Cmic) oraz aktywności dehydrogenaz (DHA). Cmic odzwierciedla aktywność metaboliczną całej społeczności mikroorganizmów glebowych, natomiast DHA jest enzymem wykorzystywanym jako wskaźnik ogólnej aktywności mikrobiologicznej gleby, ponieważ występuje wewnątrz wszystkich żywych komórek mikroorganizmów. Celem badań było oznaczenie Cmic i DHA w glebach rolniczych pod uprawą różnych roślin i o zróżnicowanym nawożeniu, a także porównanie uzyskanych wyników z dostępną literaturą naukową. Rezultaty badań wskazują, że parametry fizykochemiczne gleby, regulowane rodzajem nawożenia oraz typem uprawy, istotnie modyfikują aktywność mikrobiologiczną gleb. Rośliny kształtują warunki glebowe poprzez różne zapotrzebowanie na wodę i składniki pokarmowe. Lepsze poznanie czynników wpływających na aktywność mikrobiologiczną gleb ma kluczowe znaczenie dla rozwoju praktyk rolniczych wspierających zachowanie wysokiej bioróżnorodności i poprawę jakości gleb.

Praca powstała częściowo w wyniku realizacji projektu ReLive (CIRCULARITY/61/ReLive/2022) współfinansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju (Program ERA-NET 2021 Joint Call on Circularity).

Microbial activity of soils under selected agricultural crops

The microbial activity of agricultural soils is closely linked to their quality and fertility. Some of the most commonly studied soil microbial parameters are the assessment of soil microbial biomass C (Cmic) and dehydrogenase activity (DHA). Cmic reflects the metabolic activity of the entire soil microbial community, while DHA is an enzyme used as an indicator of the overall microbial activity of the soil, as it occurs within all living microbial cells. The aim of this study was to determine Cmic and DHA in agricultural soils under different crops and fertilization, and to compare the results obtained with the available scientific literature. The results of the study indicate that soil physicochemical parameters, influenced by the type of fertilization and the type of crop, significantly modify the microbial activity of soils. Plants regulate soil conditions through different water and nutrient requirements. A better understanding of the factors influencing the microbial activity of soils is crucial for the development of agricultural practices that support the maintenance of high biodiversity and the improvement of soil quality.

This work is partly the result of the ReLive project (CIRCULARITY/61/ReLive/2022) co-funded by the National Centre for Research and Development (ERA-NET 2021 Joint Call on Circularity Programme).

Niskocząsteczkowe fosfatazy tyrozynowe *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* – heterologiczna nadprodukcja, oczyszczanie i ocena aktywności *in vitro*

Kamila Rusek, Aleksandra Drabik, Martyna Moryl, Małgorzata Marczak

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

Fosforylacja tyrozyny jest modyfikacją potranslacyjną białek odgrywającą kluczową rolę w regulacji procesów komórkowych. U Proteobakterii występują fosfatazy należące do grupy białek określanych jako białkowe fosfatazy tyrozynowe o niskiej masie cząsteczkowej (LMW-PTP). Sekwencjonowanie genomu *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* TA1 (*RITA1*) pozwoliło na identyfikację 3 genów kodujących hipotetyczne fosfatazy LMW-PTP. Celem badań była ocena aktywności fosfatazowej rekombinowanych białek QJS29739, QJS28269 oraz QJS26037. Odpowiednie geny szczepu *RITA1* zostały sklonowane do wektora ekspresyjnego, a białka nadprodukowane i oczyszczone. W celu zbadania aktywności białek przeprowadzono test enzymatyczny z wykorzystaniem fosforanu 4-nitrofenylu. Wykazano, że białka QJS29739 i QJS28269 są zdolne do efektywnej hydrolizy substratu, podczas gdy aktywność białka QJS26037 *in vitro* jest znikoma. Analogiczne eksperymenty przeprowadzono w celu określenia aktywatorów i inhibitorów białek oraz ustalono optimum pH. Dalsze badania pozwolą na dokładniejsze poznanie mechanizmów działania tych białek, ich specyficznych substratów oraz roli w fizjologii bakterii w stanie wolno żyjącym i symbiotycznym.

Low-Molecular-weight tyrosine phosphatases of *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* – heterologous overexpression, purification and *in vitro* activity assay

Tyrosine phosphorylation is a post-translational protein modification that plays a key role in regulating cellular processes. In Proteobacteria, phosphatases are belonging to the group of proteins known as low molecular weight protein tyrosine phosphatases (LMW-PTP). Sequencing of the genome of *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* TA1 (*RITA1*) allowed for the identification of three genes encoding hypothetical LMW-PTP phosphatases. The aim of the study was to evaluate the phosphatase activity of the recombinant proteins QJS29739, QJS28269 and QJS26037. The appropriate genes of the *RITA1* strain were cloned into an expression vector, and the proteins were overproduced and purified. To investigate the activity of the proteins, an enzymatic test was performed using 4-nitrophenyl phosphate. It was shown that the proteins QJS29739 and QJS28269 are capable of effective substrate hydrolysis, while the activity of the protein QJS26037 *in vitro* is negligible. Similar experiments were carried out to determine protein activators and inhibitors, and the optimum pH was established. Further research will allow for a more detailed understanding of the mechanisms of action of these proteins, their specific substrates, and their role in the physiology of bacteria in both free-living and symbiotic states.

Analiza funkcjonalna genów kodujących hipotetyczne kinazy i fosfatazy tyrozynowe *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii*

Kamila Rusek, Marcelina Łukasik, Małgorzata Marczak

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

Rizobia to bakterie glebowe zdolne do oddziaływań symbiotycznych z roślinami bobowatymi. Taka drastyczna zmiana warunków życia z formy wolno żyjącej do symbiotycznej wymaga współdziałania złożonego układu czynników, do których należą egzopolisacharydy (EPS). EPS syntetyzowane są w szlaku Wzx/Wzyzależnym, a jednym z kluczowych elementów tego procesu jest tzw. kopolimeraza (PCP), która wykazuje aktywność autokinazy tyrozynowej. Celem badań była analiza funkcjonalna genu kodującego kinazę QJS31448 oraz genu kodującego fosfatazę QJS26037. W związku z tym skonstruowano mutanty, w których ciągłość genów została przerwana, a następnie poddano je testom fenotypowym. Analiza wzrostu w różnych pożywkach (pełne/minimalne) nie wykazała znaczących różnic pomiędzy mutantami a szczepem dzikim. Badanie ilości produkowanych egzopolisacharydów oraz analiza rozkładu ich mas cząsteczkowych wykazały niewielkie różnice ilościowe oraz istotne zmiany w stopniu polimeryzacji EPS w obu mutantach. Rozszerzenie badań o analizę fosfoproteomiczną i transkryptomiczną umożliwi identyfikację potencjalnych substratów badanej kinazy i fosfatazy oraz ich powiązań z różnymi szlakami metabolicznymi w komórce.

Functional analysis of genes encoding putative tyrosine kinases and phosphatases of *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii*

Rhizobia are soil bacteria capable of symbiotic interactions with legumes. Such a drastic change in living conditions from free-living to symbiotic form requires the cooperation of a complex system of factors, including exopolysaccharides (EPS). EPS are synthesized in the Wzx/Wzy-dependent pathway, and one of the key elements of this process is the so-called copolymerase (PCP), which exhibits tyrosine autokinase activity. The study aimed to functionally analyze the gene encoding kinase QJS31448 and the gene encoding phosphatase QJS26037. For this purpose, mutants were constructed in which the continuity of the genes was disrupted and then subjected to phenotypic tests. Analysis of growth in different media (full/minimal) showed no significant differences between the mutants and the wild-type strain. Investigation of the amount of exopolysaccharides produced and analysis of their molecular weight distribution showed minor quantitative differences and significant changes in the degree of EPS polymerization in both mutants. Extending the research to include phosphoproteomic and transcriptomic analysis will allow the identification of potential substrates of the studied kinase and phosphatase and their links to various metabolic pathways in the cell.

Analiza zmian składu mikrobioty pszczoły miodnej (*Apis mellifera* L.) w trakcie suplementacji pożywienia ekstraktami *n*-butanolowymi ze *Scleranthus perennis* L. i *Hottonia palustris* L.

Ewa Sajnaga¹, Monika E. Jach², Agnieszka Kalwasińska³, Adrian Wiater⁴, Michał Tomczyk⁵, Katarzyna Jakimiuk⁵, Jakub Strawa⁵, Agnieszka Rokita², Aneta Ptaszyńska⁶

¹Katedra Biomedycyny i Badań Środowiskowych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

²Katedra Biologii Molekularnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

³Katedra Mikrobiologii Środowiskowej i Biotechnologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

⁴Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

⁵Zakład Farmakognozji, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku

⁶Katedra Immunobiologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

Jedną ze strategii wzmocnienia odporności pszczoł na patogeny może być podawanie im wbranych ekstraktów roślinnych. Analizy dowiodły, że dodatek do pożywienia ekstraktów *n*-butanolowych z *Hottonia palustris* (okrężnica bagienna) i *Scleranthus perennis* (czerwiec trwały) powodował wydłużenie życia pszczoł oraz zmniejszenie ich podatności na zakażenie *Nosema* spp. Celem przedstawionych badań było określenie, czy suplementacja pożywienia pszczoł ww. ekstraktami wywołuje zmiany w składzie ich mikrobioty. Badaniami objęto pszczoły niesuplementowane (kontrolne) oraz suplementowane, zarówno niezakażone, jak i zakażone *Nosema* spp. Analiza uzyskanych danych metataksonomicznych, wykazała znaczne zmiany składu mikrobioty pomiędzy pszczołami zdrowymi a zakażonymi, przy jednoczesnym braku zmian w obrębie grup różniących się suplementacją. Wyniki te sugerują, że u podłoża zwiększonej żywotności i odporności pszczoł na patogeny nie leżała ukierunkowana modyfikacja struktury ich mikrobioty.

Badania były finansowane z grantu KUL na działalność naukową (2023).

Analysis of changes in honey bee (*Apis mellifera* L.) microbiota composition during dietary supplementation with *n*-butanol extracts from *Scleranthus perennis* L. and *Hottonia palustris* L.

Supplementation of bees with plant extracts may be a strategy to improve their resistance to pathogens. Analyses have shown that bees supplemented with *n*-butanol extracts of the plants *Hottonia palustris* (water violet) and *Scleranthus perennis* (perennial knawel) had a longer lifespan and were less susceptible to *Nosema* spp. infection. The aim of this study was to determine whether supplementation of the bees with these extracts induces changes in the composition of their microbiota. Non-supplemented (control) and supplemented bees, both uninfected and infected with *Nosema* spp. were included in the study. Analysis of the metataxonomic data obtained showed significant changes in microbiota composition between healthy and infected bees, however with no changes within groups that differed in supplementation. These results suggest that the increased viability and resistance of the bees to pathogens was not underpinned by targeted modifications of the structure of their microbiota.

Analiza zmian mikrobioty jelitowej myszy polnej, *Apodemus agrarius*, w zależności od stopnia zurbanizowania środowiska

Ewa Sajnaga¹, Rafał Łopucki¹, Agnieszka Kalwasińska², Ignacy Kitowski³, Daniel Klich⁴

¹Katedra Biomedycyny i Badań Środowiskowych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

²Katedra Mikrobiologii Środowiskowej i Biotechnologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

³Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Chełmie

⁴Katedra Genetyki i Ochrony Zwierząt, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Szeroko rozpowszechniona w Polsce mysz polna jest gatunkiem, który dobrze zaadaptował się do życia w środowisku przekształconym przez człowieka. Wcześniejsze analizy dowiodły, że urbanizacja silnie wpływa na mikrobiom dzikich zwierząt, zaś ukierunkowane zmiany jego składu mogą być jednym z decydujących czynników pozwalających na zaadaptowanie się do nowego środowiska życia. Celem przeprowadzonych badań było określenie, w jaki sposób mikrobiota jelitowa myszy polnej zmienia się w zależności od stopnia zurbanizowania otoczenia. Próbkę kału pobrano od myszy zamieszkujących 7 różnych siedlisk, obejmując tereny wiejskie oraz małe, średnie i duże miasta. Wyizolowane DNA zostało poddane metagenomowemu sekwencjonowaniu fragmentu genu kodującego 16S rRNA. Analiza uzyskanych danych wykazała, że mikrobiota jelitowa badanych populacji myszy różni się znacząco, jednak różnice te były zdeterminowane głównie przez lokalne czynniki, a nie przez wielkość miasta, w którym bytowały. Wydaje się że, zaobserwowana oporność mikrobioty myszy polnej na zmiany związane z urbanizacją może wynikać z roli, jaką pełnią dla fauny miejskiej tereny zielone, zapewniające dostęp do nieantropogenicznych źródeł pożywienia.

Badania były finansowane z grantu KUL na działalność naukową (2023).

The effect of urbanisation on gut microbiota changes in the striped field mouse, *Apodemus agrarius*

The field mouse, which is widespread in Poland, is a species that has adapted well to living in a human-altered environment. Previous studies have shown that the microbiome of wild animals is strongly influenced by urbanization and that targeted changes in its composition may be one of the key factors enabling adaptation to a new habitat. The aim of this study was to determine how the gut microbiota of the field mouse changes in relation to the degree of urbanization of the environment. Fecal samples were collected from mice living in seven different habitats covering rural areas and small, medium and large cities. The isolated DNA was subjected to metagenomic sequencing of the 16S rRNA gene fragment. The data obtained showed that the gut microbiota of the mouse populations studied differed significantly, but that these differences were mainly determined by local factors and not by the size of the city in which they lived. It seems that the observed resistance of the striped field mouse microbiota to urbanization-related changes may result from the role that green spaces play for urban fauna, which provide animals with access to non-anthropogenic food sources.

Potencjał stosowania pofermentu, kompostu, toryfikatu do regeneracji gleb – Projekt Lider XII, INNO-MIK

Sylvia Siebielec¹, Małgorzata Woźniak¹, Aleksandra Ukalska-Jaruga², Andrzej Lewicki³, Jakub Pulka³, Szymon Szufa⁴, Piotr Piersa⁴, Łukasz Adrian⁴, Grzegorz Siebielec²

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

²Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

³Pracownia Ekotechnologii, Katedra Inżynierii Biosystemów,

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Wojska Polskiego 50, 60-627 Poznań,

⁴Wydział Inżynierii Procesowej i Ochrony Środowiska, Politechnika Łódzka, ul. Wólczańska 213, 93-005 Łódź

Jednym z ważniejszych elementów zrównoważonego użytkowania gleby jest utrzymanie odpowiedniego poziomu materii organicznej (SOM z ang. soil organic matter). Materia organiczna posiada kluczową rolę w utrzymaniu zdolności gleby do pełnienia funkcji produkcyjnych, regulacyjnych i ekologicznych. Decyduje o takich właściwościach jak zdolności sorpcyjne i buforowe gleby oraz o aktywności biologicznej związanej z mikrobiomem i mykobiomem glebowym. Stabilizuje strukturę gleby oraz zwiększa jej odporność na zagęszczenie i degradację w wyniku erozji wodnej i wietrznej. Zachowanie zasobów próchnicy glebowej jest również istotne z punktu widzenia roli gleb w wiązaniu dwutlenku węgla z atmosfery. Duży udział gleb mało zasobnych w materię organiczną w połączeniu z niedoborami obornika w niektórych regionach Polski stanowi poważny problem utrzymania zdolności gleby do pełnienia funkcji produkcyjnych i środowiskowych. W związku z powyższym wykorzystanie egzogennych źródeł materii organicznej w rolnictwie może stanowić element efektywnego gospodarowania odpadami oraz regeneracji zdrowia gleby.

Projekt finansowany w ramach konkursu Lider XII Narodowego Centrum Badań i Rozwoju; Nr LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021.

The potential of using digestate, compost and biochar for soil regeneration – Project Lider XII, INNO-MIK

One of the most important issues in sustainable soil use is maintaining an appropriate level of soil organic matter (SOM). Organic matter plays a key role in maintaining the soil's ability to perform production, regulatory and ecological functions. It determines properties such as sorption and buffering capacity of the soil as well as biological activity related to the soil microbiome and mycobiome. It stabilizes the soil structure and increases its resistance to compaction and degradation through water and wind erosion. Preserving SOM resources is also important from the perspective of binding carbon dioxide from the atmosphere. The large share of soils low in organic matter combined with manure shortages in some regions of Poland poses a serious problem in maintaining the ability of the soil to perform production and environmental functions. Therefore, the use of exogenous sources of organic matter in agriculture may be an element of effective waste management and regeneration of soil health.

Głębokość czy rodzaj uprawy? Co ma większy wpływ na różnorodność mikrobiomów bakteryjnych i grzybowych w glebie?

Dominika Siegieda¹, Jacek Panek¹, Vaclovas Boguzas², Zita Kriaučiūnienė²,
Jerzy Weber³, Magdalena Frąć¹

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

²Vytautas Magnus University, Agriculture Academy, Kaunas, Lithuania

³Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Norwida 25, 50-375 Wrocław

Różnorodność mikroorganizmów zarówno grzybowych, jak i bakteryjnych w środowisku glebowym ma niezaprzeczalny wpływ na jakość i plonowanie upraw rolniczych.

Celem badań było określenie różnic w składzie mikrobiomu bakteryjnego oraz grzybowego gleby w długoterminowym eksperymencie polowym z zastosowaniem: (A) uprawy bezorkowej, (B) uprawy bezorkowej z zastosowaniem roślin okrywowych, (C) uprawy orkowej oraz (D) uprawy orkowej z zastosowaniem resztek słomy na przyoranie. Doświadczenie polowe zostało założone 22 lata temu na Litwie w Noreikiskes.

Analiza α - oraz β -różnorodności zbiorowisk mikroorganizmów grzybowych oraz bakteryjnych wykazała istotne różnice w składzie mikrobiomów bakteryjnych oraz grzybowych, co jest niezwykle istotne w świetle rolnictwa zrównoważonego i regeneracyjnego.

Projekt finansowany przez NCBiR w ramach programu European Joint Programme EJP SOIL: Towards climate-smart sustainable management of agricultural soils Umowa nr: EJPSOIL/I/78/SOM-PACS/2022.

Depth or type of cultivation? Which has bigger impact on diversities of bacterial and fungal metacommunities in the soil?

The diversity of both fungal and bacterial microorganisms in the soil environment has an undeniable impact on the quality and yield of agricultural crops.

The aim of this study was to determine the differences in the composition of the soil bacterial and fungal microbiome in a long-term field experiment including: (A) no-tillage cultivation, (B) no-tillage with catch crops, (C) conventional tillage and (D) conventional tillage with straw leftover. A field experiment was set up 22 years ago in Lithuania in Noreikiskes.

The α - and β -diversity analysis of the fungal and bacterial microbial communities showed significant differences in the composition of the bacterial and fungal microbiomes, which is extremely important in the light of sustainable agriculture.

Projekt finansowany przez NCBiR w ramach programu European Joint Programme EJP SOIL: Towards climate-smart sustainable management of agricultural soils Umowa nr: EJPSOIL/I/78/SOM-PACS/2022

Struktura społeczności grzybów terenów porośniętych przez mchy na płonącej hałdzie pogórnicy

Karolina Solska, Mariusz Wierzgoń, Zofia Piotrowska-Seget, Piotr Siupka

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

Hałdy pogórnicy są antropologicznymi formacjami geologicznymi powstałymi z nagromadzenia odpadowego materiału skalnego związanego z aktywnością górniczą. W wyniku procesów geochemicznych obecne w hałdach powęglowych związki organiczne oraz piryt mogą ulec samozapłonowi, tworząc płonąca hałdę. Środowisko takich hałd jest heterogennym i ekstremalnym środowiskiem, które oprócz wysokich temperatur cechuje wysokie zasolenie, niskie pH, wysokie stężenie metali ciężkich czy obecność toksycznych związków organicznych. Pomimo niesprzyjających warunków na hałdzie zachodzi sukcesja wtórna i obserwuje się pojawianie roślin, w tym mchów. Ich wzrost uzależniony jest od aktywności bakterii i grzybów oraz szeregu interakcji zachodzących pomiędzy nimi. Celem naszych badań była charakterystyka struktury społeczności grzybów terenów porośniętych mszakami na płonącej hałdzie pogórnicy. Strukturę społeczności grzybów opisano w oparciu o sekwencjonowanie następnej generacji fragmentu regionu ITS DNA wyizolowanego z badanych prób. Próby stanowiły kępi mchów z przylegającym do nich materiałem hałdy oraz opłukane rośliny. Analizy taksonomiczne przeprowadzono z wykorzystaniem pakietu Qiime2. Uzyskane wyniki umożliwiły poznanie społeczności grzybów w różnym stopniu związanych z mszakami.

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

Structure of fungal communities of area with moss presence on smouldering coal-waste dump

Coal-waste dumps are anthropological geological formations resulting from accumulation of coal mining activity. The waste material might bear significant amount of organics as well as pyrite which via geochemical processes might undergo self-combustion leading to smouldering coal waste dump. Environment of these formations is heterogenous, and extreme. Beside high temperature, high salinity and low pH values are common. Moreover, high concentration of heavy metals as well as toxic organic compounds is present. Still, the secondary succession of plants occurs on the dumps, and one the first evidence of that is the appearance of moss. Plant colonization, including moss, of particular area depends on the presence of microorganisms and their interactions with higher organisms. In our study we have attempted to characterize structure of fungal community of smouldering coal-waste dumps where moss plants are present. This was done by next generation sequencing of ITS fragment in DNA isolated from collected material and subsequent bioinformatic analysis. It allowed to gain insights into fungal community interacting with moss plants at different levels, the fungi present in moss proximity as well as these more associated with plants.

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

Analiza metataksonomiczna wody na etapach produkcji sztucznego śniegu w stacjach narciarskich

Klaudia Stankiewicz¹, Justyna Prajsnar², Anna Lenart-Boroń¹

¹Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie

²Instytut Katalizy i Fizykochemii Powierzchni im. Jerzego Habera Polskiej Akademii Nauk w Krakowie

Celem badań była ocena występowania mikrozanieczyszczeń oraz struktury populacji bakteryjnej w próbkach wody pobranych z rzek i zbiorników retencyjnych oraz sztucznego śniegu, który został z nich wytworzony. Analizowano próbki wody z stacji narciarskiej położonej w sąsiedztwie Tatrzańskiego Parku Narodowego (A) oraz z stacji narciarskiej w Białce Tatrzańskiej (B). Przeprowadzono analizę metataksonomiczną populacji bakterii z wykorzystaniem techniki NGS oraz oceniono występowanie bakterii kałowych, genów lekooporności oraz antybiotyków celem oszacowania poziomu antropopresji w badanych miejscach. W stacji narciarskiej A w potoku i zbiorniku dominowały bakterie z rodzaju *Flavobacterium* (76,21% i 78,75%), natomiast w śniegu bakterie z rodziny Alcaligenaceae (70,77%). W potoku i zbiorniku występowały geny lekooporności *TetK* i *CTX-M*, a w śniegu wykryto antybiotyk cefoksytynę w stężeniu 225,19 ng/L. W stacji narciarskiej B w rzece Białce dominowały bakterie *Acinetobacter* (38,45%), a w zbiorniku i śniegu *Flavobacterium* (15,91% i 66,11%). W rzece wykryto geny lekooporności *CTX-M*, *TetK* i *Str* oraz klindamycynę (1,33 ng/L). W zbiorniku występowały geny *TetK* i *Str* oraz enrofloksacyna (3,20 ng/L), podczas gdy w śniegu wykryto cefoksytynę w stężeniu 86,32 ng/L.

Metataxonomic analysis of water at different stages of artificial snow production in ski resorts

The aim of this study was to assess the occurrence of micropollutants and bacterial community composition in water sampled from rivers, retention reservoirs, and artificial snow produced thereof. Water samples were analyzed from ski stations located in the vicinity of the Tatra National Park (A) and in Białka Tatrzańska (B). Metataxonomic analysis of bacterial population was performed using NGS and the occurrence of fecal bacteria, antibiotics and antibiotic resistance genes was examined to assess the level of anthropogenic pressure put on the study sites. In ski station A, bacteria of the genus *Flavobacterium* predominated in the stream and reservoir (76.21% and 78.75%), and bacteria from the Alcaligenaceae family dominated in snow (70.77%). Genes *TetK* and *CTX-M* were detected in the stream and reservoir, and the antibiotic cefoxitin was detected in snow at a concentration of 225.19 ng/L. In ski station B, the genus *Acinetobacter* predominated in the Białka river (38.45%), while *Flavobacterium* prevailed in the reservoir and snow (15.91% and 66.11%, respectively). Genes *CTX-M*, *TetK* and *Str* as well as clindamycin (1.33 ng/L) were detected in the river. *TetK* and *Str* genes, and enrofloxacin (3.20 ng/L) were present in the reservoir, while cefoxitin was detected in the snow at a concentration of 86.32 ng/L.

Ocena wpływu wybranych nawozów naturalnych i sztucznych na mikroflorę bakteryjną gleby

Marcin Sysa, Agnieszka Godela, Robert Biczak

Katedra Biochemii, Biotechnologii i Ekotoksykologii, Wydział Nauk Ścisłych, Technicznych i Przemysłowych, Uniwersytet Jana Długosza w Częstochowie

Na mocy ustawy z 1967 roku w Polsce rolnicy zostali zobowiązani do stosowania nawozów celem uzyskania odpowiedniego wzrostu plonów. Już wtedy posiadano odpowiednią wiedzę, która pozwalała stwierdzić konieczność wzbogacenia gleby o odpowiednie mikroelementy, jak również inne związki korzystnie wpływające na mikroflorę glebową. Istotne z punktu widzenia produkcji rolniczej było odpowiednie dobranie dawki nawozu, gdyż zarówno zbyt niskie, jak i zbyt wysokie stężenie niektórych składników negatywnie wpływało nie tylko na sam proces wzrostu rośliny, ale również na stanowiło zagrożenie dla innych organizmów, w tym bakterii i grzybów. Celem niniejszej pracy była ocena wpływu wybranych nawozów zarówno pochodzenia naturalnego, jak i sztucznych na natywną mikroflorę glebową. Poprzez ocenę zmian w liczebności ogólnej, jak również poszczególnych grup bakterii glebowych badano potencjalny wpływ tych nawozów na przyszły skład jakościowy i ilościowy gleby. Badania pozwoliły stwierdzić brak istotnego statystycznie wpływu nawozów naturalnych na liczebności bakterii glebowych, podczas gdy nawozy sztuczne powodowały wraz z upływem czasu ubytek zarówno ilościowy, jak i jakościowy w populacji bakteryjnej.

Assessment of the impact of selected natural and artificial fertilizers on the soil bacterial microflora

Under the Act of 1967, farmers in Poland were obliged to use fertilizers to obtain an appropriate increase in yields. It was already known that there was the necessity to enrich the soil with appropriate microelements, as well as other compounds that have a beneficial effect on soil microflora. From the point of view of agricultural production, it was important to select the appropriate fertilizer dose, because both too low and too high concentrations of some ingredients negatively affected not only the plant growth process itself, but also posed a threat to other organisms, including bacteria and fungi. The aim of this study was to assess the impact of selected fertilizers of natural and artificial origin on native soil microflora. By assessing changes in the total number as well as individual groups of soil bacteria, the potential impact of these fertilizers on the future qualitative and quantitative composition of the soil was examined. The research showed that there was no statistically significant effect of natural fertilizers on the number of soil bacteria, while artificial fertilizers caused both a quantitative and qualitative decline in the bacterial population over time.

Mikrobiom bakterii w zamierających dębach na terenie Płyty Krotoszyńskiej

Miłosz Tkaczyk, Katarzyna Sikora

Instytut Badawczy Leśnictwa, Zakład Ochrony Lasu, ul. Braci leśnej 3, 05-090 Sękocin Stary

Acute Oak Decline (AOD) jest wieloczynnikową chorobą dębów, która doprowadza do osłabienia drzew w wielu krajach Europy, w tym i w Polsce. Głównymi organizmami odpowiedzialnymi za ten proces są bakterie *Brenneria goodwinii*, *Gibbsiella quercinecans*, *Rahnella victoriana* i *Lonsdalea quercina*. Bakterie te powodują zatykanie wiązek przewodzących u drzew, co doprowadza do zaburzeń w transporcie substancji odżywczych. Celem przedstawionego badania było porównanie składu mikrobiomu bakteryjnego pomiędzy drzewami osłabionymi a drzewami zdrowymi. Badania prowadzono na terenie Nadleśnictwa Krotoszyn będącego centrum tzw. Płyty Krotoszyńskiej. Na terenie Nadleśnictwa wytypowano fragment drzewostanu, w którym obserwuje się pogarszający stan zdrowotny drzew. Z powierzchni tej pobrano do analiz fragmenty drewna z 5 drzew z widocznymi objawami oraz 5 drzew bezobjawowych. Materiał genetyczny izolowano z liofilizowanych fragmentów tkanek, a następnie region barkodowy V3-V4 podjednostki 16S rRNA poddano analizie metagenomowej na platformie MiSeq Illumina. Uzyskane wyniki poddano analizie bioinformatycznej, której wyniki wskazują na pewne różnice pomiędzy mikrobiomem drzew zdrowych i tych z objawami AOD. Może to wskazywać, że proces osłabienia drzew na terenie Płyty Krotoszyńskiej jest zjawiskiem bardziej złożonym niż sądzono do tej pory.

Bacterial microbiome in dying oaks on the Krotoszyn Plate

Acute Oak Decline (AOD) is a multifactorial oak disease that leads to the weakening of trees in many European countries, including Poland. The main organisms responsible for this process are the bacteria *Brenneria goodwinii*, *Gibbsiella quercinecans*, *Rahnella victoriana* and *Lonsdalea quercina*. These bacteria cause the clogging of vascular channels in trees, which leads to disturbances in nutrient transport. The aim of the present study was to compare the composition of the bacterial microbiome between weakened and healthy trees. The study was carried out in the Krotoszyn Forest District, which is the centre of the so-called Krotoszyn Plate. In the Forest District, a fragment of the forest stand was selected in which a deterioration in the health of the trees was observed. Wood fragments from five trees with visible symptoms and five symptomless trees were taken from this area for analysis. Genetic material was isolated from the freeze-dried tissue fragments and then the V3-V4 barcode region of the 16S rRNA subunit was subjected to metagenomic analysis on the MiSeq Illumina platform. The results obtained were subjected to bioinformatic analysis, the results of which indicate some differences between the microbiome of healthy trees and those with AOD symptoms. This may indicate that the process of weakening of trees on the Krotoszyn Plate is a more complex phenomenon than previously thought.

Skład mikrobiomu tkanek okołowierzchołkowych zęba leczonego endodontycznie z zapoczątkowanym procesem ropnym

Anna Turska-Szewczuk, Dorota Samborska, Katarzyna Dworaczek

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

Zęby pozornie prawidłowo przeleczone endodontycznie, bez obserwowalnych objawów klinicznych, ale ze zmianami okołowierzchołkowymi i torbielami stanowią istotne źródło infekcji w rozwoju choroby odogniskowej. Celem pracy było określenie zmian w składzie mikrobiomu bakteryjnego tkanek okołowierzchołkowych zęba przeleczonego endodontycznie z zapoczątkowanym procesem ropnym, w zależności od czasu hodowli preparatu w warunkach beztlenowych. Badanie struktury metagenomicznej populacji bakterii zostało wykonane techniką wysokopręstowego sekwencjonowania NGS (MiSeq Illumina) hiperzmiennego regionu V3-V4 genu dla 16S rRNA. Analizę bioinformatyczną ampikonów wykonano z wykorzystaniem oprogramowania MiSeq Reporter (MSR) v2.6 oraz QIIME 2 w oparciu o sekwencje referencyjne zdeponowane w bazie Silva 138. Wyjściową mikrobiotę tkanek okołowierzchołkowych zęba stanowili przedstawiciele rzędów Enterobacterales, Bacteroidales i Peptostreptococcales-Tissierellales. Zauważalny był także udział Lachnospirales i Coriobacterales. Z kolei liczebność reprezentantów Lactobacillales, Eubacterales oraz Veillonellales-Selenomonadales była zdecydowanie niższa. Pasaż zmienił strukturę mikrobioty promując wzrost drobnoustrojów rzędu Lactobacillales, należących do rodzaju *Lactobacillus* i *Streptococcus*, których ilość dorównywała Enterobacterales.

The composition of the microbiome of periapical tissues of an endodontically treated tooth with an initiated purulent process

Teeth that have apparently been properly endodontically treated without observable clinical symptoms and those with periapical lesions and cysts are an important source of infection in the development of focal disease. The aim of the study was to determine changes in the composition of the bacterial microbiome of periapical tissues of an endodontically treated tooth with an initiated purulent process, depending on the time of culture of the specimen in anaerobic conditions. The study of the metagenomic structure of the bacterial population was performed using high-throughput NGS sequencing (MiSeq Illumina) of the hypervariable region V3-V4 of the 16S rRNA gene. Bioinformatics analysis of amplicons was performed using MiSeq Reporter (MSR) v2.6 and QIIME 2 software based on reference sequences deposited in the Silva 138 database. The initial microbiota of tooth periapical tissues consisted of representatives of the orders Enterobacterales, Bacteroidales, and Peptostreptococcales-Tissierellales. The contribution of Lachnospirales and Coriobacterales was also noticeable. In turn, the number of representatives of Lactobacillales, Eubacterales, and Veillonellales-Selenomonadales was significantly lower. The passage changed the structure of the microbiota, promoting the growth of microorganisms of the order Lactobacillales, belonging to the genera *Lactobacillus* and *Streptococcus*, the number of which was equal to that of Enterobacterales.

Identyfikacja specyficznych czynników regulujących aktywność mikroorganizmów w glebach rolniczych i leśnych

Anna Walkiewicz, Adrianna Rafalska, Adam Kubaczyński, Piotr Bulak

¹Institut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

Aktywność mikroorganizmów glebowych jest silnie zależna od jej parametrów fizykochemicznych, regulowanych przez czynniki naturalne i antropogeniczne. Niezależnie od użytkowania terenu istotny wpływ mają warunki pogodowe, co skutkuje zmianami sezonowymi aktywności. Nasze badania wykazały najniższą aktywność dehydrogenaz (DHA) najczęściej zimą. W glebach uprawnych specyficznymi czynnikami są zabiegi agrotechniczne jak dawka i rodzaj nawożenia, stosowanie ciężkich maszyn i sposób uprawy, zmieniających pH, zagęszczenie gleby i dostępność składników pokarmowych. Analizy gleb wykazały spadek biomasy mikroorganizmów w glebie nawożonej. Wypas zwierząt skutkuje podwyższoną lokalnie zawartością azotu i większym zagęszczeniem gleby, co powodowało wyższą DHA na pastwiskach. W ekosystemie leśnym znaczący jest skład gatunkowy i wiek drzew, wycinka, właściwości i grubość ściółki. Badania różnych typów lasów wykazały najwyższą DHA w glebie z młodego lasu liściastego, a najniższą w dojrzałym lesie liściastym, mieszanym i iglastym niezależnie od wieku. Identyfikacja czynników specyficznych dla danego ekosystemu, obok typu gleby, jest pomocna do interpretacji analiz mikrobiologicznych.

Praca powstała częściowo w wyniku realizacji projektów ReLive (CIRCULARITY/61/ReLive/2022) oraz GHG-Manage (ERA-GAS/I/GHG-MANAGE/01/2018) współfinansowanych przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju.

Identification of specific factors regulating microbial activity in agricultural and forest soils

Soil microbial activity is strongly dependent on physicochemical parameters, regulated by natural and anthropogenic factors. Regardless of land use, soil microorganisms are significantly influenced by weather conditions, resulting in seasonal changes in the activity. Our study showed the lowest dehydrogenase (DHA) activity most often in winter. In cultivated soils, specific factors are agrotechnical treatments such as the dose and type of fertiliser, the use of heavy machinery and the way the soil is cultivated, changing the pH and soil compaction, and nutrient availability. Soil analyses have shown a decrease in microbial biomass in fertilised soil. Livestock grazing resulted in locally increased nitrogen content and higher soil compaction, which resulted in higher DHA in pasture. In a forest ecosystem, important are the species composition and age of the trees, cutting and the properties and thickness of the litter. Studies of different forest types showed the highest DHA in soil from young deciduous forest and the lowest in mature deciduous forest and mixed and coniferous forest regardless of age. The identification of ecosystem-specific factors, in addition to soil type, is helpful for interpreting microbiological analyses.

This work was partly conducted under the ReLive (CIRCULARITY/61/ReLive/2022) and GHG-Manage (ERA-GAS/I/GHG-MANAGE/01/2018) projects which were cofinanced by the National Centre for Research and Development.

Różnorodność mikroorganizmów w znamionach słupka w kwiatach zagrożonego holopasożyta *Phelipanche arenaria* (Orobanchaceae)

Karolina Wiśniewska¹, Sebastian Wojciech Przemieniecki², Magdalena Błaszak³,
Sylwia Dagmara Czarnomska⁴, Ireneusz Ochmian⁵, Renata Piwowarczyk¹

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

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

³Katedra Bioinżynierii, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie,
ul. Słowackiego 17, 71-434 Szczecin

⁴Muzeum i Instytut Zoologii Polskiej Akademii Nauk, ul. Nadwiślańska 108, 80-680 Gdańsk

⁵Katedra Ogródnictwa, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie,
ul. Słowackiego 17, 71-434 Szczecin

Przeprowadzone badania obrazują różnorodność i znaczenie mikroorganizmów w znamieniu słupka, organie zaledwie kilkumilimetrowym, efemerycznym, ale o kluczowym znaczeniu dla reprodukcji roślin. Wykorzystując technikę sekwencjonowania (NGS), w znamionach słupka *Phelipanche arenaria* zidentyfikowano głównie *Pantoea* spp. (50,8%), *Pseudomonas* spp. (9,9%) i *Luteibacter* spp. (6%). W mikrobiomie grzybowym zanotowano głównie *Capnodiales* (45%), *Alternaria* spp. (12,8%), *Mycosphaerella* sp. (9,7%) oraz *Aureobasidium* sp. (8%). Profil bakteryjny niedojrzałych znamion zawierał unikalne mikroorganizmy (21 z najliczniejszych OTU), których nie potwierdzono w przypadku tych dojrzałych. Wśród bakterii odnotowano wiele związanych z ryzosferą, a w profilu grzybowym licznie występowały drożdże mogące wykazywać zdolność do biokontroli.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki (nr 2021/05/X/NZ8/01154), Uniwersytet Jana Kochanowskiego w Kielcach (nr SUPB.RN.23.244 i 24.207) i Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie (nr 30.610.011-110).

Diversity of microorganisms in the pistil stigmas in flowers of the endangered holoparasite *Phelipanche arenaria* (Orobanchaceae)

The conducted research illustrates the diversity and importance of microorganisms in the stigma, an organ only a few millimeters long, ephemeral, but crucial for plant reproduction. Using the sequencing technique (NGS), mainly *Pantoea* spp. (50.8%), *Pseudomonas* spp. (9.9%) and *Luteibacter* spp. (6%) were identified in the pistil stigmas of *Phelipanche arenaria*. In the fungal microbiome, mainly *Capnodiales* (45%), *Alternaria* spp. (12.8%), *Mycosphaerella* sp. (9.7%) and *Aureobasidium* sp. (8%) were recorded. The bacterial profile of immature stigmas contained unique microorganisms (21 of the most abundant OTUs) that were not confirmed in the case of mature ones. Among the bacteria, many associated with the rhizosphere were recorded, and the fungal profile included numerous yeasts that may have the ability to biocontrol.

The research funded by the National Science Centre (No. 2021/05/X/NZ8/01154), Jan Kochanowski University (No. SUPB.RN.23.244 and 24.207) and University of Warmia and Mazury in Olsztyn (No. 30.610.011-110).

***Mortierella* – metagenomiczny indykator redukcji nawożenia azotowego w glebach monokulturowych spod uprawy kukurydzy**

Agnieszka Wolińska¹, Anna Kruczyńska¹, Agnieszka Kuźniar¹, Sara Jurczyk¹,
Anna Sochaczewska¹, Andrzej Słomczewski², Jacek Podlewski²

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

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

Mortierella jest najbardziej rozpowszechnionym grzybem nitkowatym w glebach na całym świecie. Rosnące zainteresowanie szczepami *Mortierella* wynika z ich pozytywnego wpływu na uprawy i ochrony przed niekorzystnymi warunkami, a także redukcją ilości stosowanych nawozów chemicznych i pestycydów.

Celem badań było testowanie efektywności zmniejszonego nawożenia azotowego (o 20 i 40% w stosunku do dawki dedykowanej uprawie kukurydzy) i wykazanie jego wpływu na względną obfitość rodzaju *Mortierella*. Glebę pobierano przed siewem i po zbiorze kukurydzy w 2022 i 2023 roku. Sekwencjonowanie następczej generacji prowadzono w technologii MiSeq Illumina (Genomed SA, Warszawa). Klasyfikację taksonomiczną wykonano w oparciu o bazę UNITE v8. Wykazano wrażliwość *Mortierella* na 20% redukcję nawożenia w systemie bezorkowym (w obu sezonach wegetacyjnych), zaś w systemie orkowym względna ich obfitość spadła po zbiorze w 2023 r., podczas gdy w 2022 roku. notowano wzrost obfitości tego rodzaju. Sugeruje to wpływ zarówno systemu uprawy jak i warunków atmosferycznych na liczebność *Mortierella* i powiązane jest z faktem wystąpienia suszy w 2022 roku.

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.

***Mortierella* – a metagenomic indicator of reduced nitrogen fertilization in monoculture soils under maize cultivation**

Mortierella is the most widespread filamentous fungus in soils around the world. The growing interest in *Mortierella* strains is due to their positive effects on crops and protection from adverse conditions, as well as the reduction of chemical fertilizers and pesticides.

The aim of the study was to test the effectiveness of reduced nitrogen fertilization (by 20 and 40% compared to the dose dedicated to the maize crop) and to demonstrate its effect on the *Mortierella* abundance. Soil was sampled before sowing and after harvesting in 2022 and 2023. Next-generation sequencing was conducted using MiSeq Illumina technology (Genomed SA, Warsaw, Poland). Taxonomic classification was performed based on the UNITE v8 database. *Mortierella* was shown to be sensitive to 20% reduction in fertilization in the no-till system (in both growing seasons), while in the plowing system their relative abundance decreased after the 2023 harvest, while an increase in abundance of this genus was recorded in 2022. This suggests an impact of both the cropping system and weather conditions on *Mortierella* abundance, and is linked to the fact that there was a drought in 2022.

Wpływ nośników w postaci krzemionki i ligniny na różnorodność mikrobiomu bakteryjnego oraz wydajność fermentacji metanowej

Agnieszka Wolna-Maruwka¹, Agnieszka A. Pilarska², Alicja Niewiadomska¹,
Jarosław Grządziel³, Adrianna Kubiak¹, Katarzyna Panasiewicz⁴

¹Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu,
ul. Szydlowska 50, 60-656 Poznań

²Katedra Inżynierii Wodnej i Sanitarnej, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Piątkowska 94A, 60-649 Poznań

³Katedra Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut
Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

⁴Katedra Agronomii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Dojazd 11, 60-632 Poznań

Celem badań była ocena wpływu dodatku dwóch nośników krzemionki/ligniny (S/L) na wydajność fermentacji metanowej, całkowitą liczbę bakterii beztlenowych, aktywność dehydrogenaz oraz skład jakościowy i ilościowy mikrobiomu bakteryjnego fermentu składającego się z wafli odpadowych (WF) oraz układu kosubstratu – wafli odpadowych i sera (WFC), w połączeniu z osadem ściekowym. Doświadczenie prowadzono w laboratorium w warunkach mezofilnych, w trybie okresowej pracy bioreaktorów. Wykazano wzrost ilości wyprodukowanego biogazu w próbkach z nośnikami S/L, odpowiednio o 18,18% w przypadku wariantu WF + S/L oraz o 17,49 % w obiekcie WFC + S/L. Najwyższą liczbę bakterii oraz aktywność dehydrogenaz odnotowano w układzie WFC + S/L, natomiast bioróżnorodność mikrobiologiczną w próbkach z dodatkiem sera z lub bez dodatku nośników. We wszystkich obiektach doświadczalnych dominowały trzy typy bakterii: Firmicutes, Proteobacteria i Actinobacteria.

The influence of silica and lignin carriers on the diversity of the bacterial microbiome and the efficiency of methane fermentation

The aim of the study was to assess the impact of the addition of two silica/lignin (S/L) carriers on the efficiency of methane fermentation, the total number of anaerobic bacteria, the activity of dehydrogenase and the qualitative and quantitative composition of the bacterial microbiome of the ferment consisting of waste wafers (WF) and the co-substrate system – waste wafers and cheese (WFC), combined with sewage sludge. The experiment was conducted in the laboratory under mesophilic conditions, with periodic operation of bioreactors. An increase in the amount of biogas produced in samples with the S/L carriers was demonstrated, by 18.18% in the WF + S/L variant and by 17.49% in the WFC + S/L facility, respectively. The highest number of bacteria and dehydrogenase activity were recorded in the WFC + S/L system, while microbial biodiversity was recorded in samples with the addition of cheese with or without the addition of a carriers. In all experimental objects, three types of bacteria dominated: Firmicutes, Proteobacteria and Actinobacteria.

Izolacja i molekularna identyfikacja ryzobakterii – potencjalnych komponentów biopreparatów

Małgorzata Woźniak¹, Sylwia Siebielec¹, Grzegorz Siebielec²

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

²Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa –
Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Zarządzanie skutkami związanymi z jednym z najbardziej destrukcyjnych czynników stresogennych, tj. z suszą, wymaga różnych strategii adaptacyjnych i łagodzących, w których mikroorganizmy ryzosferowe odgrywają kluczową rolę. Dlatego też celem niniejszych badań była izolacja i molekularna identyfikacja najefektywniejszych pod kątem promowania wzrostu i rozwoju roślin, rodzimych szczepów bakterii ryzosferowych. W związku z tym dokonano izolacji materiału genetycznego bakterii, wykorzystując komercyjnie dostępny zestaw Bead-Beat Micro AX Gravity kit. Na matrycy bakteryjnego DNA dokonano amplifikacji fragmentu genu 16S rRNA z wykorzystaniem uniwersalnych starterów 27F oraz 1492R. Sekwencjonowanie metodą Sanger'a zostało wykonane na zlecenie w laboratorium Genomed SA w Warszawie. Na podstawie analizy porównawczej *in silico* ze szczepami referencyjnymi przy użyciu algorytmu BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) wstępnie zidentyfikowano 15 izolatów bakteryjnych. Szczepy bakterii podzielono na 5 różnych typów: Firmicutes, Pseudomonadota, Bacillota, Actinomycetota i Protoeobacteria.

Projekt finansowany w ramach konkursu Lider XII Narodowego Centrum Badań i Rozwoju; Nr LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021.

Isolation and molecular identification of rhizobacteria – potential components of biopreparations

Managing the effects of one of the most destructive stressors, i.e. drought, requires various adaptation and mitigation strategies in which rhizosphere microorganisms play a key role. Therefore, the aim of this research was the isolation and molecular identification of the most effective native strains of rhizosphere bacteria in promoting plant growth and development. For this purpose, bacterial genetic material was isolated using the commercially available Bead-Beat Micro AX Gravity kit. A fragment of the 16S rRNA gene was amplified on a bacterial DNA template using universal primers 27F and 1492R. Sanger sequencing was performed on request at the Genomed SA laboratory, in Warsaw. Based on *in silico* comparative analysis with reference strains using the BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) algorithm, 15 bacterial isolates were initially identified. Bacterial strains were divided into 5 different phyla: Firmicutes, Pseudomonadota, Bacillota, Actinomycetota and Protoeobacteria.

Project financed by the LIDER XII (The National Center for Research and Development); No. LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021.

Odkryj tajemnice mikrobiomów glebowych: czy rośliny bobowate selektywnie filtrują nierizobiowe endofity (NRE) zasiedlające ich brodawki korzeniowe?

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

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

Symbioza rizobiów z roślinami bobowatymi jest procesem specyficznym, w którym określone gatunki bakterii zakażają określone gatunki roślin. Do niedawna uważano, że rizobia są jedynymi bakteriami zasiedlającymi brodawki korzeniowe roślin bobowatych: obecnie wiadomo, że mikrobiota brodawki to nie tylko specyficzne rizobia, ale również inne bakterie określane jako endofity nierizobiowe (ang. *non-rhizobial endophytes*, NRE), które stanowią ważny element fitomikrobioty, wywierając duży wpływ na efektywność symbiozy i wpływając korzystnie na „fitness” roślin.

Celem pracy było sprawdzenie, czy rośliny mogą dokonywać selektywnego filtrowania NRE pod kątem zmaksymalizowania korzyści płynących z obecności określonych gatunków tych bakterii w brodawkach korzeniowych.

Profilowanie składu mikrobioty brodawek korzeniowych, gleby ryzosferowej oraz tzw. gleby masowej (ang. *bulk soil*) koniczyny białej (KB) i łąkowej (KC) z wykorzystaniem sekwencjonowania NGS hiperzmiennego regionu V5–V7 16S rRNA wykazało dużą bioróżnorodność badanych środowisk. Zawartość bakterii z klas Actinobacteriota, Gemmatimonadota, Nitrospirota, Planctomycetota, Entotheonellaeota była istotnie wyższa w brodawkach KB w porównaniu do KC. Uzyskane wyniki nie wykluczają istnienia mechanizmu selektywnego filtrowania NRE przez rośliny.

Sfinansowano ze środków projektu badawczego NCN MINIATURA 6, nr 2022/06/X/NZ9/01323.

Unravel the mysteries of the soil microbiome: do legumes filter the non-rhizobial endophytes that colonize their root nodules?

The symbiosis between rhizobia and legumes is specific, meaning that certain bacterial species can infect certain plant species. Until recently, rhizobia were considered to be the only bacteria inhabiting the root nodules of legumes: it is now known that the nodule microbiota includes not only specific rhizobia, but also other bacteria, known as non-rhizobial endophytes (NREs), which are an important part of the phytomicrobiota and have a strong impact on the effectiveness of the symbiosis and positively influence the “fitness” of the plants. The aim of this work was to verify if plants can selectively filter NREs to maximize the benefits of the presence of specific bacterial species in the nodules. Profiling the microbiota composition of root nodules, rhizosphere soil and bulk soil of white (KB) and red clover (KC) using NGS sequencing of the V5-V7 hypervariable region of 16S rRNA revealed a high biodiversity of the studied environments. The content of bacteria belonging to the classes Actinobacteriota, Gemmatimonadota, Nitrospirota, Planctomycetota, Entotheonellaeota was significantly higher in KB nodules than in KC. The results do not exclude the existence of a mechanism of selective filtering of NREs by the plants.

Odpowiedź mikrobiomu gleby na indywidualną i połączoną toksyczność bisfenolu A i cynku

Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski

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

Zwiększająca swój zasięg produkcja szerokiej palety związków organicznych, w tym bisfenolu A (BPA), uznanego za jeden z najniebezpieczniejszych komponentów plastyfikatorów, wzbudza niepokój społeczny. Wynika to głównie z wysokiej częstotliwości występowania bisfenolu A w glebach w kompilacji z zanieczyszczeniami, do których należy cynk (Zn^{2+}), a jej konsekwencją jest ingerencja w mikrobiom glebowy. Dlatego też skalę zaburzeń gleby poddanej presji indywidualnej i połączonej toksyczności BPA i Zn^{2+} zweryfikowano na podstawie aktywności enzymatycznej, mikrobiologicznej oraz strukturalnej różnorodności mikrobiomu gleby.

BPA w kompilacji z metalem ciężkim oddziaływał szczególnie niekorzystnie na mikrobiom gleby oraz aktywność enzymatyczną. Najwrażliwsze na presję zanieczyszczeń okazały się dehydrogenazy i ureaza. Niezależnie od rodzaju ksenobiotyku w glebie stwierdzono dominację przedstawicieli phylum Actinobacteriota i Proteobacteria wśród bakterii oraz phylum Ascomycota i Basidiomycota wśród grzybów pleśniowych. Analiza NGS wyodrębniła unikalne rodzaje bakterii dla bisfenolu A: *Novosphingobium*, *Luteibacter*, *Sphingobium*, *Chitinophaga*, *Mucilagnibacter*, dla Zn^{2+} : *Knoellia*, *Lapilicoccus*, *Kribella*, a dla B + Zn^{2+} : *Serratia*, *Enterobacter*, *Rahnella* i *Bordetella*. Spośród grzybów pleśniowych wyłoniono trzy dominujące rodzaje: *Penicillium*, *Fusarium* i *Vishniacozyma*.

Response of the soil microbiome to individual and combined toxicity of bisphenol A and zinc

The expanding production of a wide range of organic compounds, including bisphenol A (BPA), recognized as one of the most dangerous plasticizer components, is causing much public concern. These are mainly due to the high incidence of bisphenol A in soils in compilation with contaminants that include zinc (Zn^{2+}), and its consequent interference with the soil microbiome. Therefore, the magnitude of soil disturbance subjected to individual pressure and the combined toxicity of BPA and Zn^{2+} was verified on the basis of enzymatic activity, microbial activity, and structural diversity of the soil microbiome. BPA in heavy metal compilation had particularly adverse effects on the soil microbiome and enzymatic activity. Dehydrogenases and urease proved to be the most sensitive to contaminant pressure. Irrespective of the type of xenobiotic in the soil, representatives of the phylum Actinobacteriota and Proteobacteria were found to be dominant among bacteria and the phylum Ascomycota and Basidiomycota among moulds. NGS analysis identified unique bacterial genera for bisphenol A: *Novosphingobium*, *Luteibacter*, *Sphingobium*, *Chitinophaga*, *Mucilagnibacter*, for Zn^{2+} : *Knoellia*, *Lapilicoccus*, *Kribella*, and for B + Zn^{2+} : *Serratia*, *Enterobacter*, *Rahnella* and *Bordetella*. Among the mould fungi, three predominant genera emerged: *Penicillium*, *Fusarium*, and *Vishniacozyma*.

Charakterystyka molekularna *Enterococcus faecium* izolowanych ze stad indyków w Polsce

Magdalena Zając¹, Magdalena Skarżyńska¹, Anna Lalak¹, Renata Kwit¹,
Ewelina Skrzypiec¹, Emilia Mikos-Wojewoda¹, Jowita Niczyporuk², Dariusz Wasyl¹

¹Zakład Mikrobiologii, Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy,
Al. Partyzantów 57, 24-100 Puławy

²Zakład Chorób Drobiu, Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy,
Al. Partyzantów 57, 24-100 Puławy

Enterococcus faecium charakteryzuje się znaczną różnorodnością genetyczną, co przyczynia się do jego zdolności adaptacyjnych i możliwości nabywania cech oporności. Celem badania była ocena występowania oraz charakterystyka genomowa izolatów *E. faecium* uzyskanych ze stad indyków. Badanie przeprowadzono na 152 próbkach jelit ślepych. Enterokoki izolowano przy użyciu podłoża BEAA po etapie przednamnażania. Do identyfikacji bakterii wykorzystano MALDI-TOF MS. Sekwencjonowanie całego genomu przeprowadzono przy użyciu platformy Illumina. *E. faecium* został wyizolowany z 18 próbek. Izolaty były oporne głównie na chinuprystynę-dalfoprystynę (87,5%), tetracyklinę (81,2%) oraz erytromycynę (81,2%). Sekwencjonowanie wykazało, że szczepy należały do 7 typów sekwencyjnych, przy czym ST22 występował najczęściej, a dwa typy określono jako nowe. Izolaty posiadały do 6 różnych replikonów plazmidowych, przy czym repUS15 i rep2 identyfikowano najczęściej. Zrozumienie cech genomu *E. faecium* jest kluczowe dla wyjaśnienia jego zmienności, patogenności oraz mechanizmów oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe.

Badania finansowane z projektu JPIAMR-ICONIC (NCN 2021/03/Y/NZ7/00136).

Molecular characterization of *Enterococcus faecium* isolated from turkey flocks in Poland

Enterococcus faecium exhibits considerable genetic diversity contributing to its adaptability and ability to acquire resistance traits. The study aimed to assess the occurrence and genomic characteristics of *E. faecium* isolates obtained from turkey flocks. The study was conducted on 152 cecal samples. Enterococci were isolated using the BEAA medium after the pre-enrichment step. MALDI-TOF MS was used for identification. Whole-genome sequencing was performed using the Illumina platform. The *E. faecium* was isolated from 18 samples. Isolates were mainly resistant to quinupristin-dalfopristin (87.5%), tetracycline (81.2%), and erythromycin (81.2%). The sequencing revealed 7 sequence types with ST22 being the most common and two being the new ones. Isolates carried up to 6 different plasmid replicons with repUS15 and rep2 being the most common. Understanding the characteristics of the *E. faecium* genome is crucial for elucidating its diversity, pathogenicity, and mechanisms of antimicrobial resistance.

Research funded under the JPIAMR-ICONIC project (NCN grant number 2021/03/Y/NZ7/00136).

Analiza genomowa i pokrewieństwo filogenetyczne izolatów *Klebsiella variicola* uzyskanych z próbek od ptaków dzikich

Magdalena Zając, Aleksandra Śmiałowska-Węglińska, Anna Lalak,
Magdalena Skarżyńska, Renata Kwit, Ewelina Skrzypiec, Emilia Mikos-Wojewoda,
Dominika Pastuszka, Dariusz Wasyl

Zakład Mikrobiologii, Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy,
Al. Partyzantów 57, 24-100 Puławy

Klebsiella variicola jest Gram-ujemną bakterią należącą do rodzaju *Klebsiella*, obejmującego kilka gatunków wywołujących choroby zakaźne u ludzi i zwierząt. W ostatnich latach zainteresowanie tym patogenem wzrosło ze względu na jego potencjalne znaczenie kliniczne oraz udział w rozprzestrzenianiu się oporności na substancje przeciwbakteryjne. Celem badania była ocena występowania oraz charakterystyka genomowa izolatów *K. variicola* uzyskanych od dzikich ptaków. Badania przeprowadzono na 135 próbkach kału, wymazów z wola i wypluwek pochodzących od 20 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. Bakterie należące do *K. variicola* subsp. *variicola* wykryto w 5 próbkach (3,7%) pochodzących od żurawi (n=3) oraz bocianów białych (n=2). Analizowane sekwencje charakteryzowały się dużą różnorodnością i należały do 4 typów sekwencyjnych: ST363, ST581, ST1562 i ST6718. We wszystkich izolatach wykryto geny kodujące betalaktamazy LEN. Uzyskane wyniki wskazują na potrzebę dalszych badań nad występowaniem *Klebsiella* u wolno żyjących ptaków.

Genomic analysis and phylogenetic relationship of *Klebsiella variicola* isolated from wild bird samples

Klebsiella variicola is a Gram-negative bacterium belonging to the *Klebsiella* genus, which includes several species causing infectious diseases in humans and animals. In recent years, interest in this pathogen has increased due to its potential clinical significance and the spread of antimicrobial resistance. The study aimed to assess the occurrence and genomic characteristics of *K. variicola* isolates obtained from wild birds. The study was conducted on 135 samples, including feces, crop swabs, and pellets from 20 species of birds. *Klebsiella* was isolated using MacConkey agar and *Klebsiella* Chromagar. MALDI-TOF MS was used for identification. Whole-genome sequencing was performed using the Illumina platform, and analyses were conducted using Kleborate. *K. variicola* subsp. *variicola* isolates were detected in 5 samples (3.7%) from cranes (n=3) and white storks (n=2). The isolates showed a high diversity and belonged to 4 sequence types: ST363, ST581, ST1562, and ST6718. Genes encoding LEN β -lactamases were detected in all isolates. The obtained data highlight the need for further research on the occurrence of *Klebsiella* in free-living birds.

Analiza porównawcza genów odpowiedzialnych za biosyntezę lipopolisacharydów u bakterii z rodzaju *Brucella*, symbiontów roślin bobowatych

Katarzyna Zamłyńska, Kamil Żebracki, Iwona Komaniecka, Adam Choma

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

Brucella cytisi ESC1^T oraz *Brucella lupini* LUP21^T (dawniej *Ochrobactrum*) to Gram-ujemne, symbiotyczne pałeczki, wyizolowane z brodawek korzeniowych odpowiednio *Cytisus scoparius* oraz *Lupinus honoratus*. Wstępne badania strukturalne lipopolisacharydów (LPS) tych bakterii wykazały niemal identyczną strukturę ich części hydrofobowych. Celem badań była analiza porównawcza sekwencji genów biosyntezy lipopolisacharydu (LPS) badanych bakterii. Genom *B. cytisi* ESC1^T poddano pełnemu sekwencjonowaniu, podczas gdy sekwencja genomu *B. lupini* LUP21^T jest dostępna w publicznych bazach danych. Sekwencje przypuszczalnych genów kodujących enzymy wymagane do biosyntezy lipidu A (*lpxA*, *lpxC*, *lpxD*, *lpxH*, *lpxB*, *lpxK*, *kdtA*), a także genów kodujących specyficzne enzymy zaangażowane w modyfikacje strukturalne lipidu A, występujące w przypadku niektórych bakterii (np. klaster *acpXL-lpxXL*), zidentyfikowano w obu genomach. Wysokie podobieństwo sekwencji tych genów odzwierciedla podobną strukturę lipidów A *B. cytisi* ESC1^T i *B. lupini* LUP21^T.

Badania wykonano w ramach projektu finansowanego przez Instytut Nauk Biologicznych Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie (Nr MN/2023/1).

Comparative analysis of genes responsible for the biosynthesis of lipopolysaccharides in bacteria of the genus *Brucella*, symbionts of legumes

Brucella cytisi ESC1^T and *Brucella lupini* LUP21^T (formerly *Ochrobactrum*) are Gram-negative, symbiotic rods isolated from the root nodules of *Cytisus scoparius* and *Lupinus honoratus*, respectively. Preliminary structural studies of the lipopolysaccharides (LPS) of these bacteria showed an almost identical structure of their hydrophobic parts. Therefore, the aim of this study was to compare selected genes responsible for LPS biosynthesis in these bacteria. The genome of *B. cytisi* ESC1^T has been fully sequenced, while the genome sequence of *B. lupini* LUP21^T genome sequence is available in public databases. Genomic analysis identified putative genes encoding enzymes required for the biosynthesis of lipid A (*lpxA*, *lpxC*, *lpxD*, *lpxH*, *lpxB*, *lpxK*, and *kdtA*), as well as those encoding specific enzymes involved in the structural modifications of lipid A found in some bacteria (e.g., the *acpXL-lpxXL* cluster) in both genomes. The high sequence similarity of these genes reflects the similar structure of lipid A in *B. cytisi* ESC1^T and *B. lupini* LUP21^T.

The study was carried out as part of a project financed by the Institute of Biological Sciences of the Maria Curie-Skłodowska University in Lublin, Poland (No MN/2023/1).

Potencjał biologiczny grzybów z rodzaju *Trichoderma* na podstawie analizy funkcjonalnej genów wybranych izolatów

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

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

Badania obejmowały analizę funkcjonalną genomu trzech izolatów grzybów *Trichoderma* spp. pozyskanych z gleby ryzosferowej jabłoni. Celem badań było określenie obecności genów występujących w genomie izolatów *Trichoderma* spp. oraz wskazanie genów istotnych w biokontroli patogenów jabłoni, w tym gorzkiej zgnilizny jabłek (ang. Bull's Eye Rot, BER), wywoływanej przez grzyby z rodzaju *Neofabraea* (syn. *Pezicula*, *Phlyctema*). W związku z tym przeprowadzono analizę sekwencjonowania całych genomów trzech izolatów *Trichoderma* spp. według protokołu Illumina® MiSeq v3. Za pomocą narzędzia KofamKOALA – KEGG Orthology Search odnotowano kompletność genomu badanych izolatów *Trichoderma* spp. m.in. w asymilacji siarki, degradacji glikogenu, glikolizy czy biosyntezy aminokwasów. Wybrane izolaty grzybów z rodzaju *Trichoderma* wykazywały aktywność antagonistsyczną w stosunku do izolatów *Neofabraea* spp. czego potwierdzeniem jest obecność w genomie genów kodujących syntezę chitynaz, β -glukozydazy czy celulaz. Zrozumienie funkcji genów grzybów z rodzaju *Trichoderma* może przyczynić się do ich specyficznego/celowanego wykorzystania w biologicznej ochronie roślin.

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

Biological potential of fungi of the *Trichoderma* genus based on functional analysis of genes of selected isolates

The research included a functional genome analysis of three isolates of the fungus *Trichoderma* spp. obtained from the rhizosphere soil of apple trees. The aim of the study was to determine the presence of genes present in the genome of *Trichoderma* spp. isolates and to identify genes important in the biocontrol of apple pathogens, including Bull's Eye Rot (BER), caused by fungi of the genus *Neofabraea* (syn. *Pezicula*, *Phlyctema*). Therefore, whole-genome sequencing analysis of three *Trichoderma* spp. isolates was performed according to the Illumina® MiSeq v3 protocol. Using the KofamKOALA tool, the completeness of the genes of the tested *Trichoderma* spp. isolates was noted. Selected *Trichoderma* isolates showed antagonistic activity towards *Neofabraea*, which is confirmed by the presence of genes encoding the production of chitinases, β -glucosidases and cellulases. Understanding the functions of *Trichoderma* genes may contribute to their use as biological plant protection agents.

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

MATERIAŁY INFORMACYJNE SPONSORÓW



A&A BIOTECHNOLOGY

innovating life science

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

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

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

A&A Biotechnology is a Polish biotech company that develops and produces innovative tools for the life science industry. It was founded in 1993 by its current CEO Adam Burkiewicz, PhD. The company has its own research laboratories and production facilities. A&A Biotechnology offer includes DNA and RNA isolation kits, PCR and reverse transcription reagents, cloning and transformation reagents, molecular biology reagents and services. The company also have facilities able to produce high volume of molecular biology - grade enzymes. Products and services are mainly used by scientific and diagnostic laboratories at universities, research institutes, veterinary laboratories, health services, laboratories for environmental analyzes, forensic laboratories and other life science companies.



Biomarker Technologies (BMKGENE) is a genomics services provider founded in 2009, with headquarters located in Beijing, China. BMKGENE has been actively engaged in the innovation and development of high-throughput sequencing technologies and bioinformatics for over 15 years.

Our business encompasses science and technology services and BMKCloud bioinformatics platform, we have established long-term collaborations with organizations spanning 84 regions globally. BMKGENE has extensive project experience across diverse research domains with over 3,000 project articles, including hundreds published in international journals such as Nature, Nature Genetics, Cell, Nature Communications, and PNAS.



genXone SA – dynamicznie rozwijająca się firma w branży biotechnologicznej z siedzibą w miejscowości Złotniki (k. Poznania), wykonująca usługę sekwencjonowania w technologii NGS (eng. Next-Generation Sequencing) oraz badania w dziedzinie diagnostyki medycznej. Firma Genxone posiada certyfikację producenta technologii nanoporowej (tj. Oxford Nanopore Technologies), przy użyciu której realizuje badania na potrzeby kontrahentów. Ponad 8-letnie doświadczenie na rynku oraz wyspecjalizowany zespół biologów i bioinformatyków zapewnia wsparcie merytoryczne na każdym etapie współpracy oraz pozwala na wykonywanie kompleksowej usługi od izolacji kwasów nukleinowych, przez sekwencjonowanie do analizy bioinformatycznej, gwarantując uzyskanie kompletnego wyniku o najlepszej jakości.

Firma genXone posiada szeroką ofertę usług, takich jak:

- sekwencjonowanie całogenomowe, w tym bakterii, bakteriofagów, grzybów, zwierząt czy człowieka. Dzięki zastosowaniu technologii nanoporowej możemy z powodzeniem składać genomy de novo oraz analizować: warianty strukturalne, translokacje chromosomowe, haplotypy i geny fuzyjne
- Sekwencjonowanie metagenomowe – w oparciu o sekwencjonowanie genu 16s i/lub ITS, jak również przy wykorzystaniu metody całogenomowego sekwencjonowania materiału genetycznego zawartego w próbce środowiskowej. To drugie podejście umożliwia kompleksową analizę składu i potencjału biologicznego organizmów obecnych w badanym materiale
- Sekwencjonowanie metagenomowe metodą shotgun
- Sekwencjonowanie plazmidowego DNA
- Analiza metylacji DNA
- Analiza bioinformatyczna



Przedsiębiorstwo Usługowo-Handlowe „Chemiroł” sp. z o.o. od przeszło 30 lat dostarcza kompleksowe rozwiązania w rolnictwie, a specjaliści zatrudnieni w Chemirołu potwierdzają pozycję marki w branży, doradzając i sprawnie reagując na potrzeby Klientów. Firma konsekwentnie rozbudowuje portfolio produktów w sektorze środków ochrony roślin, nawozów mineralnych, a ponadto ofertę uzupełnia szeroką gamę komplementarnych biostymulatorów i nawozów dolistnych.

PUH „Chemiroł” sp. z o.o. oferuje sprawdzone, bezpieczne i kompleksowe rozwiązania w obsłudze nowoczesnego rolnictwa, dba o fachowość doradztwa, wdrażając nowe produkty w poszanowaniu dla środowiska i etosu branży. Ponad 900 pracowników potwierdza swoją codzienną pracą, że marka Chemiroł łączy się tylko ze sprawdzonymi, pewnymi i bezpiecznymi rozwiązaniami. PUH „Chemiroł” sp. z o.o. jest fundamentem Grupy Kapitałowej „Chemiroł”, którą tworzą m.in. spółki: Innvigo sp. z o.o., Napena sp. z o.o., Flora sp. z o.o. oraz Agrolex sp. z o.o., a także UNIA sp. z o.o., która uzupełnia działalność grupy o projektowanie i produkcję maszyn oraz urządzeń wykorzystywanych w rolnictwie.

For over 30 years, Chemiroł Trading and Services Company Ltd. has been providing comprehensive solutions for agriculture. The company’s specialists confirm Chemiroł’s position as a leader in the industry, providing expert advice and promptly responding to customer’s needs. The company consistently expands its product portfolio in the plant protection area and mineral fertilizers sector. Its offer is complemented by a wide range of biostimulants and foliar fertilizers.

Chemiroł Trading and Services Company Ltd. offers proven, safe and comprehensive solutions for modern agriculture, taking care of the professionalism of advice, implementing new products in respect for the environment and the ethos of the industry. Over 900 employees confirm with their daily work that the Chemiroł brand is associated only with proven, reliable and safe solutions. Chemiroł Trading and Services Company Ltd. is the foundation of the Chemiroł Capital Group, which includes, among others, Innvigo Sp. z o.o., Napena Sp. z o.o., Flora Sp. z o.o. and Agrolex Sp. z o.o., as well as UNIA Sp. z o.o., which complements the group’s activities with the design and production of machines and devices used in agriculture.



Chemland to firma zajmująca się sprzedażą, produkcją i dystrybucją wyposażenia laboratoryjnego. Oferujemy szeroki asortyment produktów, takich jak szkło podstawowe, miarowe, specjalistyczne i wykonane na zamówienie. Nasze produkty są wykonane z najwyższej jakości materiałów, co zapewnia niezawodność i trwałość. Dodatkowo oferujemy wyposażenie z tworzyw sztucznych i metalu, które jest niezbędne do badań laboratoryjnych. Wszystkie nasze produkty są starannie wykonane i spełniają najwyższe standardy jakości, gwarantując bezpieczeństwo i niezawodność. Posiadamy również szeroki wybór odczynników chemicznych marki PureLand o różnych stopniach czystości. Oferujemy także specjalistyczny sprzęt laboratoryjny niezbędny do prowadzenia badań naukowych i uzyskiwania wiarygodnych wyników. Nasz serwis sprzętu laboratoryjnego zapewnia niezawodność i trwałość urządzeń poprzez naprawy i przeglądy. Jesteśmy pewni, że nasza oferta spełni oczekiwania nawet najbardziej wymagających klientów dzięki wysokiej jakości produktów i profesjonalnej obsłudze.

Chemland is a company engaged in the sale, production, and distribution of laboratory equipment. We offer a wide range of products, such as basic, measuring, specialized, and custom-made glassware. Our products are made of the highest quality materials, ensuring reliability and durability. Additionally, we provide equipment made of plastics and metal, essential for laboratory research. All our products are carefully crafted and meet the highest quality standards, guaranteeing safety and reliability. We also have a wide selection of PureLand brand chemical reagents with various purity grades. We offer specialized laboratory equipment necessary for scientific research and obtaining credible results. Our laboratory equipment service ensures the reliability and durability of devices through repairs and inspections. We are confident that our offer will meet the expectations of even the most demanding customers thanks to the high quality of our products and professional service.



EURx Sp. z o.o. jest prywatną firmą biotechnologiczną o profilu produkcyjno-badawczym, z siedzibą w Gdańsku. Od ponad 25 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.

EURx is a privately held biotechnology company located in Gdańsk, Poland. EURx delivers high quality reagents and services to the molecular biology research community, offers a full line of DNA ladders, modifying enzymes, restriction endonucleases, nucleic acid labeling products, and other ancillary molecular reagents.

With over 200 products spanning our product line, EURx is dedicated to meeting the needs of the research community. EURx has considerable expertise in the areas of fermentation, cloning and protein engineering, purification, nucleic acid amplification, and microplate detection technologies. We apply aggressive research and development in these technologies to sustain our innovative stance in the molecular biology arena.

EURx brings over 25 years of experience to the biotechnology industry. If your company is interested in a collaborative venture, please contact our sales and marketing department: sales@eurx.com.pl



Genomed SA oferuje wszelkiego rodzaju analizy sekwencji DNA, w tym analizę polimorfizmu („Gene Scan”), sekwencjonowanie materiału genetycznego w technologii Sanger’a i NGS, syntezę oligonuklotydów standardowych (wysalanych i oczyszczanych HPLC), oligonukleotydów modyfikowanych oraz znakowanych podwójnie sond.

Oferujemy dwa podejścia do analiz genetycznych o charakterze metagenomowym: metabarcoding 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 SA 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.



ITS SCIENCE Sp. z o.o. jest dostawcą produktów i usług o znaczeniu kluczowym dla klientów z branży Life Science (farmaceutycznej, biofarmaceutycznej), chemicznej, spożywczej, zaawansowanych technologii.

**Autoryzowany dystrybutor urządzeń marki BECKMAN COULTER
na rynku polskim:**

- Analizatory wielkości cząstek metodą dyfrakcji laserowej,
- Liczniki Coultera,
- Liczniki cząstek w powietrzu i w cieczach,
- Wirówki i ultrawirówki laboratoryjne / analityczne,
- Analizatory ilości i żywotności komórek,
- Mikrobioreaktory do prowadzenia hodowli komórek,
- Analizatory zawartości węgla organicznego w wodzie (TOC).

Dystrybutor następujących systemów, urządzeń i materiałów eksploatacyjnych:

- Systemy FMS – monitoring parametrów wytwarzania w pomieszczeniach typu clean room – PHARMAGRAPH,
- Analizatory jakości mikrobiologicznej wody – COLIMINDER,
- Odkurzacze przemysłowe (do farmacji, do pomieszczeń czystych) – DELFIN INDUSTRIAL VACUUMS,
- Materiały eksploatacyjne, wzorce i materiały referencyjne – ERA WATERS.

Firma ITS SCIENCE świadczy **SERWIS** wszystkich oferowanych urządzeń, usługi instalacyjne i kalibracyjne, profesjonalną pomoc aplikacyjną.

www.itsscience.pl



Od lat skupiamy się na współpracy z jednostkami naukowymi i dokładamy wszelkich starań, aby podążać za wymaganiami Klientów. Oferujemy szeroki wybór najwyższej jakości odczynników oraz innowacyjnych rozwiązań do badań naukowych. Zapewniamy profesjonalną obsługę, szybką realizację zamówień, a także wsparcie techniczne i wszelką pomoc merytoryczną.

Jesteśmy przedstawicielem czołowych firm działających na globalnym rynku Life Science – Cell Signaling Technology, New England BioLabs oraz Norgen Biotek.

Do zaferowania mamy m.in.:

- Enzymy restrykcyjne i modyfikujące, polimerazy, ligazy, odwrotne transkryptazy, markery wielkości, zestawy do real-time PCR, klonowania, mutagenyzy, biologii syntetycznej, CRISPR/Cas9.
- Zestawy do przygotowania bibliotek RNA/DNA do sekwencjonowania NGS.
- Zestawy do izolacji i oczyszczania RNA, DNA lub białek .
- Przeciwciała, testy komórkowe i biochemiczne, zestawy ELISA, odczynniki do analiz WB, IHC, IF, ChiP, CUT&RUN.

Także wiele innych odczynników.

Lab-JOT was funded in 1993 and for almost 30 years supplies scientists from academia, research institutes and biopharma industry with reagents and laboratory equipment. We offer wide range of product used in life science, including genomics, biochemistry, cell and molecular biology research. In our portfolio you find antibodies and ELISA kits, restriction and modifying enzymes, molecular cloning kits, reagents for RNA biology, NGS solutions, qPCR and RT-PCR products, nucleic acids and protein isolation and purification kits.

We represent some of world leaders in the discovery and production of reagents for molecular biology applications, such as New England Biolabs and Cell Signaling Technology, but also Norgen Biotek, St. John's Laboratory, ABclonal and Crystal Chem.

We offer reliable, fast and professional service to support and facilitate customer's research goals. Our priority is customer satisfaction and we do our best to meet customers' expectations.



Twój partner w **laboratorium**

Przez ostatnie 25 lat aktywnie działamy w branży laboratoryjnej, rozwijając markę Labo24 na rynkach zarówno krajowym, jak i zagranicznych. Firmę Labo24 wyróżnia zespół wykwalifikowanych pracowników, od podstaw znających procesy chemiczne i posiadających wiedzę o sprzęcie niezbędnym do przeprowadzania badań oraz analiz laboratoryjnych. Nasza oferta skierowana jest do przedstawicieli sfery badawczo-naukowej: uczelnie wyższe, instytuty badawcze i inne. Dostarczamy rozwiązania także do klientów z sektora przemysłowego: chemicznego, farmaceutycznego, spożywczego, kosmetycznego i innych branż. W naszej ofercie znajdują się m.in.: szklana aparatura procesowa, nowoczesne urządzenia wspierające pracę w mikrobiologii i life science, komplementarne materiały zużywalne, sprzęt do badań w dziedzinie biologii molekularnej, liczniki i separatory komórek, inkubatory CO₂, nowoczesne pipety, dozowniki, biurety, titratory, komory laminarne wszystkich klas bezpieczeństwa, myjki i homogenizatory ultradźwiękowe, płyty grzejne, termocyklery, wytrząsarki, vorteksy, wyparki, kontrolery próżni, cieplarki i inkubatory mikrobiologiczne, meble do stref czystych i magazynowych oraz wiele innych.

For the past 25 years, we have been actively engaged in the laboratory industry, developing the Labo24 brand in both domestic and international markets. Labo24 stands out due to its team of skilled professionals who possess a thorough understanding of chemical processes and are knowledgeable about the equipment necessary for conducting laboratory tests and analyses. Our offerings are tailored to the research and academic sector, including universities, research institutes, and others, as well as customers in the industrial sector, such as the chemical, pharmaceutical, food&feed, cosmetic, and other industries. Our product's range includes, among others: glass process apparatus, modern devices supporting work in microbiology and life sciences, complementary consumable materials, equipment for molecular biology research, cell counters and separators, CO₂ incubators, state-of-the-art pipettes, dispensers, burettes, titrators, all-class safety laminar flow cabinets, ultrasonic cleaners and homogenizers, heating plates, thermocyclers, shakers, vortexes, rotary evaporators, vacuum controllers, ovens and microbiological incubators, furniture for clean-rooms and storage areas and many more.

Novogene

Novogene jest wiodącym dostawcą usług i rozwiązań genomicznych, dysponującym najnowocześnieszą wiedzą z zakresu sekwencjonowania nowej generacji i bioinformatyki. Posiadając jedną z wiodących na świecie przepustowości sekwencjonowania NGS, Novogene wykorzystuje doskonałość naukową, zaangażowanie w obsługę klienta i niezrównaną jakość danych, aby pomóc naszym klientom w realizacji ich celów badawczych w szybko rozwijającym się świecie genomiki.

Zatrudniając prawie 2000 pracowników w wielu lokalizacjach na całym świecie, posiadając 62 patenty związane z NGS i ponad 20 000 publikacji w czołowych czasopismach, takich jak „Nature” i „Science”, firma stała się światowym liderem w zakresie usług NGS i zaufanym partnerem w dziedzinie genomiki. Nasze usługi wspierane są przez najnowsze platformy firm Illumina, PacBio i Oxford Nanopore Technology.

Novogene is a leading provider of genomic services and solutions with cutting edge Next Generation Sequencing and bioinformatics expertise. With one of the leading sequencing capacities in the world, Novogene utilises scientific excellence, a commitment to customer service and unsurpassed data quality to help our clients realise their research goals in the rapidly evolving world of genomics.

With almost 2,000 employees, multiple locations around the world, 62 NGS related patents, and over 20,000 publications in top tier journals such as Nature and Science, the company has become a world-leader in NGS services and a trusted genomics partner. Our services are supported by the latest platforms from Illumina, PacBio and Oxford Nanopore Technology.



SARSTEDT od ponad 60 lat projektuje, produkuje i sprzedaje urządzenia oraz materiały jednorazowego użytku dla medycyny i nauki. Firma Sarstedt jest jednym z wiodących dostawców w tej dziedzinie na całym świecie. Szeroka oferta obejmuje system pobierania krwi S-Monovette®, materiały laboratoryjne i szpitalne, rozwiązania systemowe dla transfuzjologii i badań medycznych. Oferujemy niestandardowe rozwiązania laboratoryjne do różnych zastosowań, takich jak biologia molekularna, biochemia i biologia komórkowa.

SARSTEDT develops, produces and sells devices and consumables for medicine and science for over 60 years. The company is known as one of the leading providers in this sector worldwide. It's broad portfolio includes the S-Monovette® Blood Collection System, laboratory and hospital supplies, system solutions for transfusion medicine and medical research. We offer tailor-made laboratory product solutions for the most varied areas of use, including molecular biology, biochemistry and cell biology.



shim-pol®

„Shim-Pol A.M. Borzymowski” od ponad 38 lat dostarcza szerokie spektrum urządzeń i akcesoriów z obszaru chromatografii, spektroskopii, optyki, spektrometrii mas, bioanalyzerów, zaawansowanych analizatorów powierzchni, a także maszyn wytrzymałościowych (statycznych i dynamicznych) i ultraszybkich kamer. Jesteśmy wyłącznym dystrybutorem w Polsce firm Shimadzu, Kratos, Biotage, Dr. Maisch, iX Cameras i wielu innych. Naszym partnerem strategicznym jest SHIMADZU z Kioto z Japonii – światowy pionier technologii analitycznych. Nasz cel dostarczania laboratoriom najlepszych rozwiązań i wiedzy aplikacyjnej realizujemy również poprzez działalność nowo otwartego Centrum Badawczo-Rozwojowego SHIM-POL. Zajmujemy się organizacją licznych spotkań edukacyjnych i szkoleń: Akademia Chemii Analitycznej, spotkania Shim-Pol Day, warsztaty z oprogramowaniem LabSolutions, kursy chromatografii oraz pokazy aparatury.

“Shim-pol A.M. Borzymowski” located in Poland for over 38 years has been offering wide range of equipment and accessories in the fields of chromatography, spectroscopy, optics, mass spectrometry, bioanalyzers, advanced surface analyzers as well as testing machines (static and dynamic) and ultra high speed cameras. We are the sole distributor in Poland of Shimadzu, Kratos, Biotage, Dr. Maisch, iX Cameras and many other companies’ solutions. Our strategic partner is SHIMADZU from Kyoto – japanese world pioneer of analytical technologies. Our purpose of providing laboratories with the best analytical solutions and knowledge manifests in recent opening of our R&D center. Every year we are organizing numerous educational events and trainings: Analytical Chemistry Academy, Shim-pol Days, LabSolutions software workshops, chromatography courses and equipment demonstrations.

PATRONAT NAUKOWY:



POLSKIE TOWARZYSTWO
MYKOLOGICZNE



PATRONAT MEDIALNY:



SPONSORZY:



WSPARCIE PRODUKTOWE:



Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów
Wydział Medyczny
Instytut Nauk Medycznych
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin

tel. 81 454 54 61

e-mail: metagenomy2024@kul.pl

ISBN 978-83-8288-165-3

