https://doi.org/10.26114/mk.iung.2026.10.13

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

HR EXCELLENCE IN RESEARCH

MATERIAŁY KONFERENCYJNE

VII KONFERENCJA NAUKOWA

„Bioróżnorodność środowiska glebowego"

Puławy, 14–15 października 2026 roku

Konferencja otrzymała dofinansowanie z Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego w ramach programu Wektory Nauki (umowa nr WNK/SN/0116/2025/01). Kwota dofinansowania wynosi 144 890 zł.

WEKTORY NAUKI

Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego

Minister Nauki i Szkolnictwa Wyższego

INSTYTUT UPRAWY NAWOŻENIA I GLEBOZNAWSTWA
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY
ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy
tel. (81) 4786 700
e-mail: iung@iung.pulawy.pl; www.iung.pl
Dyrektor: *prof. dr hab. Mariusz Matyka*

Komitet Organizacyjny:

Przewodnicząca: prof. dr hab. Anna Gałązka

Członkowie:

dr hab. Karolina Furtak
dr Monika Kozieł
dr Anna Marzec-Grządziel
dr inż. Sylwia Siebielec
dr Małgorzata Woźniak
mgr Karolina Gawryjołek
mgr Jarosław Ciepiel
mgr Katarzyna Wiejak
mgr Anna Bilokinna (doktorantka szkoły doktorskiej)
Emilia Grzęda
Krystyna Lewtak

Sekretariat konferencji:

dr Małgorzata Woźniak
dr Monika Kozieł
Emilia Grzęda

Zakład Mikrobiologii
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa
Państwowy Instytut Badawczy
ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy
tel. 81 4786 951
e-mail: **bio2026@iung.pulawy.pl**

Wykłady plenarne wygłoszą:

- prof. dr hab. Magdalena Frąc, Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk
- prof. dr hab. Katarzyna Hrynkiewicz, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu
- prof. dr hab. Łukasz Drewniak, Uniwersytet Warszawski
- prof. dr hab. Łukasz Chrzanowski, Politechnika Poznańska
- Konrad Zawadzki, Zastępca Dyrektora Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych Uniwersytetu Warszawskiego
- Enrico Tatti, Ph.D. Global Field Application Scientist, Biolog Inc.

LINK DO STRONY KONFERENCJI
https://bio2026.pl

Materiały konferencyjne zawierają streszczenia prezentacji i posterów.
Materiały nie są recenzowane. Streszczenia zostały zamieszczone w wersji przesłanej przez Autorów. Organizatorzy oraz redakcja nie ponoszą odpowiedzialności za ich treść.

Skład komputerowy: mgr Katarzyna Mikulska

ISBN 978-83-7562-451-9

PATRONAT HONOROWY

Konferencja została objęta honorowym patronatem Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego Pana Marcina Kulaska oraz honorowym patronatem Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi Pana Stefana Krajewskiego.

Marcin Kulasek
Minister Nauki
i Szkolnictwa Wyższego

Ministerstwo Rolnictwa
i Rozwoju Wsi

Patronat honorowy
Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi
Stefana Krajewskiego

Konferencja została objęta honorowym patronatem
Komitetu Nauk Agronomicznych Polskiej Akademii Nauk

PAN
POLSKA AKADEMIA NAUK

Komitet
Nauk
Agronomicznych

Konferencja została objęta honorowym patronatem
prof. dr. hab. Mariusza Matyki – Dyrektora IUNG-PIB w Puławach

IUNG
Instytut Uprawy
Nawożenia i Gleboznawstwa
Państwowy Instytut Badawczy

PATRONI MEDIALNI

Biotechnologia.pl

laboratorium 360

PATRON STRATEGICZNY

BIO GEN

GŁÓWNI SPONSORZY

ANALITYK

ANALITYK GENETYKA

illumina® AUTHORIZED CHANNEL PARTNER

BIOMAXIMA

Genomed

SPONSORZY I PARTNERZY WYDARZENIA

GENXONE SEQUENCING

HELPI OPTICS

1999 TIGRET

A&A BIOTECHNOLOGY innovating life science

STOWARZYSZENIE AGROEKOTON

vwr™ part of avantor

BacterX

Badania dotyczące różnorodności biologicznej stanowią od lat bardzo ważny aspekt w nauce i w głównej mierze skupiają się na podkreśleniu znaczenia należytej ochrony zasobów różnorodności biologicznej. To właśnie 22 maja z inicjatywy ONZ obchodzony jest Międzynarodowy Dzień Różnorodności Biologicznej. Z tej okazji we wszystkich regionach świata organizowane są różnego rodzaju wydarzenia podkreślające wagę należytej ochrony zasobów różnorodności biologicznej. Niniejsza konferencja także wpisuje się w zakres tych działań. Jest to również okazja do spojrzenia w przyszłość w kierunku zasad ochrony bioróżnorodności, zwłaszcza w związku z planem strategicznym na rzecz różnorodności biologicznej także działań UE i Strategii Ochrony Bioróżnorodności. Podczas konferencji zostaną zaprezentowane oraz przedyskutowanie wyniki badań prowadzonych w różnych ośrodkach naukowych w kraju i za granicy, w tym także postęp w wykorzystaniu nowoczesnych metod badawczych. Konferencja ma na celu omówienie najważniejszych zagadnień z zakresu ochrony środowiska, bioróżnorodności, badań mikrobiologicznych i ekologicznych w środowisku glebowym, wodnym i powietrznym. Ponadto przedstawiona zostanie dotychczasowa wiedza na temat zastosowania narzędzi „mikrobiologicznych", w tym sekwencjonowania najnowszej generacji do analiz m.in. próbek glebowych. Konferencja ta jest cyklicznym wydarzeniem naukowym obejmującym wiedzę na temat kompleksowego rozpoznania strukturalnej i funkcjonalnej bioróżnorodności mikroorganizmów w różnych środowiskach. Zapewnia integrację społeczności naukowej, w tym wybitnych specjalistów w danej dziedzinie. Pozwala na przekazywanie sobie wzajemnie wiedzy i doświadczenia, umożliwia nawiązywanie wszechstronnej współpracy oraz pozwala na żywą dyskusję na temat najnowocześniejszych metod badawczych.

Wydarzenie to jest miejscem wymiany doświadczeń, nawiązywania kontaktów do realizacji wspólnych projektów badawczych. Jest to również okazja do spojrzenia w przyszłość, zwłaszcza, że rozpoczynają się działania następcze w związku z planem strategicznym na rzecz różnorodności biologicznej.

prof. dr hab. Anna Gałązka
Przewodnicząca Komitetu Organizacyjnego

PROGRAM KONFERENCJI

14.10.2026 r. (środa)	
8:30–9:00	**Rejestracja uczestników konferencji**
9:00–9:30	**Otwarcie konferencji – przywitanie gości przez organizatorów i Dyrekcję Instytutu**
SESJA PLENARNA *prof. dr hab. Jadwiga Wyszkowska; prof. dr hab. Barbara Gąsiorowska*	
REFERATY	
9:30–10:00	Frąc M., Oszust K., Gryta A., Panek J., Pertile G., Siegieda D., Mącik M., Pylak M. *Bioróżnorodność mikrobiomu glebowego jako fundament zdrowia i odporności agroekosystemów*
10:00–10:30	Hrynkiewicz K. *Mikrobiom halofitów jako filtr funkcjonalny w projektowaniu odpornego rolnictwa na glebach zasolonych*
10:30–11:00	Ciesielski T., Lisiecka N., Woźniak-Karczewska M., Parus A., Chrzanowski Ł. *Bioróżnorodność mikrobiologiczna gleby w obliczu nowych zanieczyszczeń – od herbicydowych cieczy jonowych po mikroplastiki*
11:00–11:30	Konrad Z. *Czy bioróżnorodność gleby ma cenę? Od mikrobiomu do wartości ekonomicznej*
11:30–11:45	**Dyskusja**
11:45–12:30	**Przerwa kawowa**
SESJA I *prof. dr hab. Agnieszka Wolińska; prof. dr hab. dr h.c. Jan Kucharski*	
REFERATY	
12:30–12:50	Pacwa-Płociniczak M., Chmielewska B., Collin A., Szurman-Zubrzycka M., Konopka K., Śmietana M., Janiak A., Daszkowska-Golec A. *Mikrobiom jęczmienia w odpowiedzi na suszę – znaczenie genotypu gospodarza*
12:50–13:10	Bukowczan M., Płociniczak T., Pacwa-Płociniczak M. *Endofity na ratunek. Izolacja i charakterystyka wybranych szczepów endofitycznych mikrobiomu rdzeniowego kukurydzy rosnącej w warunkach suszy*
13:10–13:30	Wiejak K., Ciepiel J., Gawryjołek K., Ukalska-Jaruga A., Marzec-Grządziel A., Gałązka A. *Różnorodność społeczności grzybów w glebie oraz ryzosferze i endosferze roślin ruderalnych na terenach długotrwale zanieczyszczonych ropą naftową*
13:30–13:50	Kosakowski J. *Zastosowanie sekwencjonowania awidnościowego w badaniach bakteriomu i mykobiomu glebowego*
13:50–14:00	**Dyskusja**
14:00–14:15	**Pamiątkowe zdjęcie na dziedzińcu Pałacu**
14:15–15:00	**Przerwa obiadowa**
PANEL DYSKUSYJNY/SESJA PLAKATOWA	
SESJA II *prof. dr hab. Magdalena Frąc; prof. dr hab. Katarzyna Hrynkiewicz*	
15:00–15:20	Kagan K., Goraj W., Kuźniar A., Podlewski J., Wolińska A. *Redukcja nawożenia azotowego i mikrobiom glebowy – agrobiotechnologia dla przyszłości rodzin*
15:20–15:40	Bilokinna A., Dębiec-Andrzejewska K., Gawryjołek K., Musiałowski M., Ciepiel J., Furtak K. *Różnorodność mikrobiologiczna gleb z terenu składowiska substancji ropopochodnych na terenie Nowej Soli*

15:40–16:00	Gmiter D., Sasal W., Omelaniuk A., Musiał K., Petruńko L., Drewniak Ł. *Integracja genomiki, fenotypowania i ekotoksykologii w ocenie bezpieczeństwa mikroorganizmów stosowanych w rolnictwie – koncepcja DynaMF Biosafety*
16:00–16:15	**Dyskusja**
16:15–16:45	**Zastosowanie dronów w rolnictwie i ocenie bioróżnorodności** *(dr Tytus Berbeć)*
17:30–19:30	**Warsztaty terenowe „Z bioróżnorodnością w terenie"**
20:00–1:00	**Kolacja „Wieczorne spotkanie z bioróżnorodnością"** *(Restauracja Siwy Dym w Celejowie)*

15.10.2026 r. (czwartek)	
SESJA III *dr hab. Agata Borowik, prof. UWM; prof. dr hab. Cezary Kwiatkowski*	
REFERAT PLENARNY	
9:30–10:00	Drewniak Ł. *Tysiące mikroorganizmów w glebie, trzy w butelce – gdzie znika bioróżnorodność?*
REFERAT NA ZAPROSZENIE	
10:00–10:30	Tatti E. *From Single Strains to Microbial Communities: High-Resolution Metabolic Phenotyping with Biolog Technology*
REFERATY	
10:30–10:50	Lenart-Boroń A., Bulanda K., Boroń P., Murzydło Z. *Zanim znikną: potencjał biologiczny ginących torfowisk Polski w świetle badań mikrobiologicznych – badania wstępne*
10:50–11:10	Solarska E., Sas-Paszt L., Gruszczyk M. *Wpływ elicytorów roślinnych na wzrost i plonowanie maliny oraz strukturę mikrobiomu ryzosfery*
11:10–11:30	Brodowska M. *Jak dbamy o bioróżnorodność środowiska glebowego, na przykładzie projektu Grojecki LivingLab*
11:30–12:00	Szymańska S., Płociniczak T., Deja-Sikora E., Sikora M., Niedojadło K., Szydłowska-Czerniak A., Gołębiewski M., Strzelecki Z., Włodarczyk K., Kozłowska S., Janczak K., Tymczewska A., Ludwiczak A., Araźny A., Mazur J., Pomastowski P., Hrynkiewicz K. *Czynniki kształtujące kolonizację roślin przez bakterie patogenne dla człowieka oraz możliwości jej ograniczania*
12:00–12:20	Kleina A. *Selektywna izolacja i identyfikacja mikroorganizmów endofitycznych rzepaku ozimego (Brassica napus L.)*
12:20–12:30	**Dyskusja**
12:30–13:00	**Przerwa kawowa**
PANEL DYSKUSYJNY/SESJA PLAKATOWA	
SESJA IV *prof. dr hab. Anna Lenart-Boroń; prof. dr hab. Łukasz Chrzanowski*	
REFERATY	
13:00–13:20	Noszczyńska M., Borówka J., Budniak T., Rudnicka M., Pawlik M., Sarnowicz A., Duda K., Pacwa-Płociniczak M., Płociniczak T. *Badania pilotażowe nad zastosowaniem trawy w procesie oczyszczania ścieków skażonych bisfenolami*

13:20–13:40	Pawlik M., Wyrwicka-Drewniak A., Noszczyńska M., Pacwa-Płociniczak M., Matuszczak S., Stupieńko M., Potocka I., Płociniczak T. *Zanieczyszczenia uwalniane z cząstek gumy – ocena wpływu na mikroorganizmy glebowe oraz wybrane rośliny uprawne i linie komórkowe*
13:40–14:00	Pacwa-Płociniczak M., Daszkowska-Golec A., Gobetti S., Sinkkonen A., Kumor A., Płociniczak T. *Ocena wpływu bioaugmentacji i biostymulacji na wspomaganą fitoremediację gleby ko-zanieczyszczonej z wykorzystaniem analiz transkryptomicznych*
14:00–14:20	Woźniak-Karczewska M., Ciesielski T., Trzebny A., Dabert M., Chrzanowski Ł. *Wpływ złożoności matrycy i warunków środowiskowych na strukturę i odporność mikrobiomu podczas biodegradacji zanieczyszczeń środowiskowych*
14:20–14:40	Oleńska E., Małek W., Gałązka A., Woźniak M., Thijs S., Jaroszuk-Ściseł J, Wójcik M., Vangronsveld J. *Mikrobiom ryzosferowy roślinnych metalofitów starych pogórniczych zwałowisk galmanowych*
14:40–14:50	**Dyskusja**
14:50–15:00	**Narada komisji konkursowych**
WRĘCZENIE NAGRÓD* PODSUMOWANIE I ZAKOŃCZENIE KONFERENCJI	
15:00–16:00	**Obiad**
15:30–16:30	**Warsztaty Labgears w Agro-Bio**

*Komisja Konkursowa wyłoni wśród prelegentów najlepszy referat oraz najlepszy poster w kategorii „Młody Naukowiec" (I, II, III nagroda oraz wyróżnienie za najlepsze wystąpienie oraz prezentacje posterową)

Komisja oceniająca referaty w kategorii „Młody Naukowiec":

prof. dr hab. Agnieszka Laudy – przewodnicząca komisji
prof. dr hab. Jadwiga Wyszkowska
prof. dr hab. Anna Lenart-Boroń
dr hab. Agata Borowik, prof. UWM

Komisja oceniająca prezentacje posterowe w kategorii „Młody Naukowiec":

prof. dr hab. Stefan Tyski – przewodniczący komisji
prof. dr hab. Agnieszka Wolińska
prof. dr hab. Lidia Sas-Paszt
prof. dr hab. dr h. c. Jan Kucharski

REFERATY

SPIS TREŚCI

Bilokinna A., Dębiec-Andrzejewska K., Gawryjołek K., Musiałowski M., Ciepiel J., Furtak K.
Różnorodność mikrobiologiczna gleb z terenu składowiska substancji ropopochodnych na terenie Nowej Soli 12

Bukowczan M., Płociniczak T., Pacwa-Płociniczak M.
Endofity na ratunek. Izolacja i charakterystyka wybranych szczepów endofitycznych mikrobiomu rdzeniowego kukurydzy rosnącej w warunkach suszy 13

Ciesielski T., Lisiecka N., Woźniak-Karczewska M., Anna Parus A., Chrzanowski Ł.
Bioróżnorodność mikrobiologiczna gleby w obliczu nowych zanieczyszczeń – od herbicydowych cieczy jonowych po mikroplastiki 14

Drewniak Ł.
Tysiące mikroorganizmów w glebie, trzy w butelce – gdzie znika bioróżnorodność? 15

Frąc M., Oszust K., Gryta A., Panek J., Pertile G., Siegieda D., Mącik M., Pylak M.
Bioróżnorodność mikrobiomu glebowego jako fundament zdrowia i odporności agroekosystemów 16

Gmiter D., Sasal W., Omelaniuk A., Musiał K., Petruńko L., Drewniak Ł.
Integracja genomiki, fenotypowania i ekotoksykologii w ocenie bezpieczeństwa mikroorganizmów stosowanych w rolnictwie – koncepcja DynaMF Biosafety 17

Hrynkiewicz K.
Mikrobiom halofitów jako filtr funkcjonalny w projektowaniu odpornego rolnictwa na glebach zasolonych) 18

Kagan K., Goraj W., Kuźniar A., Podlewski J., Wolińska A.
Redukcja nawożenia azotowego i mikrobiom glebowy – agrobiotechnologia dla przyszłości rodzin 19

Kleina A.
Selektywna izolacja i identyfikacja mikroorganizmów endofitycznych rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) 20

Kosakowski J.
Zastosowanie sekwencjonowania awidnościowego w badaniach bakteriomu i mykobiomu glebowego 21

Lenart-Boroń A., Bulanda K., Boroń P., Murzydło Z.
Zanim znikną: potencjał biologiczny ginących torfowisk Polski w świetle badań mikrobiologicznych – badania wstępne 22

Noszczyńska M., Borówka J., Budniak T., Rudnicka M., Pawlik M., Sarnowicz A., Duda K., Pacwa-Płociniczak M., Płociniczak T.
Badania pilotażowe nad zastosowaniem trawy w procesie oczyszczania ścieków skażonych bisfenolami 23

Oleńska E., Małek W., Gałązka A., Woźniak M, Thijs S., Jaroszuk-Ściseł J., Wójcik M., Vangronsveld J.
Mikrobiom ryzosferowy roślinnych metalofitów starych pogórniczych zwałowisk galmanowych 24

Pacwa-Płociniczak M., Chmielewska B., Collin A., Szurman-Zubrzycka M., Konopka K., Śmietana M., Janiak A., Daszkowska-Golec A.
Mikrobiom jęczmienia w odpowiedzi na suszę – znaczenie genotypu gospodarza 25

Pacwa-Płociniczak M., Daszkowska-Golec A., Gobetti S., Sinkkonen A., Kumor A., Płociniczak T.
Ocena wpływu bioaugmentacji i biostymulacji na wspomaganą fitoremediację gleby ko-zanieczyszczonej z wykorzystaniem analiz transkryptomicznych.....26

Pawlik M., Wyrwicka-Drewniak A., Noszczyńska M., Pacwa-Płociniczak M., Matuszczak S., Stupieńko M., Potocka I., Płociniczak T.
Zanieczyszczenia uwalniane z cząstek gumy – ocena wpływu na mikroorganizmy glebowe oraz wybrane rośliny uprawne i linie komórkowe 27

Solarska E., Lidia Sas-Paszt L., Gruszczyk M.
Wpływ elicytorów roślinnych na wzrost i plonowanie maliny oraz strukturę mikrobiomu ryzosfery 28

Szymańska S., Płociniczak T., Deja-Sikora E., Sikora M., Niedojadło K., Szydłowska-Czerniak A., Gołębiewski M., Strzelecki Z., Włodarczyk K., Kozłowska S., Janczak K., Tymczewska A., Ludwiczak A., Araźny A., Mazur J., Pomastowski P., Hrynkiewicz K.
Czynniki kształtujące kolonizację roślin przez bakterie patogenne dla człowieka oraz możliwości jej ograniczania.....29

Tatti E.
From Single Strains to Microbial Communities: High-Resolution Metabolic Phenotyping with Biolog Technology 30

Wiejak K., Ciepiel J., Gawryjołek K., Ukalska-Jaruga A., Marzec-Grządziel A., Gałązka A.
Różnorodność społeczności grzybów w glebie oraz ryzosferze i endosferze roślin ruderalnych na terenach długotrwale zanieczyszczonych ropą naftową 31

Woźniak-Karczewska M., Ciesielski T., Trzebny A., Dabert M., Chrzanowski Ł.
Wpływ złożoności matrycy i warunków środowiskowych na strukturę i odporność mikrobiomu podczas biodegradacji zanieczyszczeń środowiskowych.....32

Zawadzki K.P.
Czy bioróżnorodność gleby ma cenę? Od mikrobiomu do wartości ekonomicznej 33

RÓŻNORODNOŚĆ MIKROBIOLOGICZNA GLEB Z TERENU SKŁADOWISKA SUBSTANCJI ROPOPOCHODNYCH NA TERENIE NOWEJ SOLI

Anna Bilokinna[1], Klaudia Dębiec-Andrzejewska[2], Karolina Gawryjołek[1], Marcin Musiałowski[2], Jarosław Ciepiel[1], Karolina Furtak[1]

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

[2]Laboratorium Mikrobiologii Rolniczej i Przemysłowej, Instytut Bioinżynierii, Wydział Biologii,
Uniwersytet Warszawski, ul. Miecznikowa 1, 02-096 Warszawa

Na terenie Nowej Soli znajduje się składowisko odpadów ropopochodnych, głównie kwaśnych smół, powstałe w latach 2001–2005. Odpady zajmują obecnie powierzchnię około 1,6 ha i od ponad 20 lat pozostają niezabezpieczone oraz nieobjęte rekultywacją. Ze względu na lokalizację składowiska w obrębie miasta oraz możliwość migracji zanieczyszczeń wraz z wodami opadowymi i roztopowymi teren ten stanowi istotny obiekt badań środowiskowych.

Celem niniejszego badania była analiza różnorodności metabolicznej i strukturalnej mikrobiomu w glebach pobranych na terenie hałdy.

Próbki pobrano w 2026 roku w różnych miejscach: na szczycie hałdy (S21), u podstawy hałdy (płaski teren) (S22), na granicy hałdy przy linii drzew (S23) oraz w odległości około 2 metrów od końca hałdy (S24).

W pobranych próbkach oznaczono aktywność (AWCD) oraz różnorodność (indeks Shannon'a, H') metaboliczną z wykorzystaniem płytek EcoPlate™ Biolog®. Wyizolowano DNA genomowe z wykorzystaniem komercyjnego zestawu oraz przeprowadzono sekwencjonowanie regionu V3-V4 16S rRNA z wykorzystaniem technologii Illumina (NovaSeq, 6000).

W glebach dominowały bakterie z typów *Actinobacteria*, *Proteobacteria* oraz *Chloroflexi*. Na poziomie rodzaju zróżnicowanie strukturalne było bardzo wyraźne. W próbce S21 oraz S23 dominował niezidentyfikowany do rodzaju takson z rodziny *Acidithiobacillaceae*. W próbce S22 najliczniej występowały bakterie z rodzaju *Acidisoma*. W glebie S23 przeważał rodzaj *Mycobacterium*. Indeks Chao1 był najwyższy w próbce S24, w próbkach S21 i S23 był zbliżony, a w S22 najniższy. Wartości AWCD różniły się istotnie statystycznie pomiędzy badanymi próbkami. Najwyższą wartość odnotowano w próbce S23, a najniższe w S22 i S24, przy czym szczególnie wyraźna była różnica między próbką S23, a pozostałymi próbkami.

Gleby z terenu hałdy charakteryzowały się wyraźnym przestrzennym zróżnicowaniem struktury i aktywności mikrobiomu. Dominacja taksonów związanych ze środowiskami kwaśnymi i zanieczyszczonymi wskazuje na adaptację mikroorganizmów do specyficznych warunków siedliska. Uzyskane wyniki wskazują na potencjał mikrobiomu badanego terenu do dalszych badań w kontekście naturalnych procesów bioremediacji.

Opracowanie powstało w ramach realizacji projektu nr 2024/55/D/ST10/02064 pt. „Bakteryjne egzopolimery (EPS) jako strategia przetrwania w stresujących środowiskach i szansa na poprawę jakości gleb (hElPStress)".

ENDOFITY NA RATUNEK. IZOLACJA I CHARAKTERYSTYKA WYBRANYCH SZCZEPÓW ENDOFITYCZNYCH MIKROBIOMU RDZENIOWEGO KUKURYDZY ROSNĄCEJ W WARUNKACH SUSZY

Marta Bukowczan, Tomasz Płociniczak, Magdalena Pacwa-Płociniczak

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

Na przestrzeni ostatnich lat susza stała się jednym z najpoważniejszych abiotycznych czynników stresowych ograniczających plonowanie roślin uprawnych, w tym kukurydzy (*Zea mays*), która obecnie stanowi jedną z najważniejszych roślin uprawnych w Polsce i na świecie. Obiecującą strategią przeciwdziałania tej tendencji jest zastosowanie bakterii promujących wzrost roślin (PGPB), a w szczególności bakterii endofitycznych.

Celem niniejszej pracy była izolacja i charakterystyka szczepów bakteryjnych wykazujących potencjał do promowania wzrostu kukurydzy rosnącej w warunkach deficytu wody. Szczepy należące do mikrobiomu rdzeniowego izolowano z tkanek kukurydzy odmiany dobrze tolerującej suszę (hybryda P8834 marki Pioneer®) rosnącej w warunkach niedoboru wody. Szczepy identyfikowano oraz oznaczano aktywność wybranych mechanizmów promowania wzrostu roślin, w tym zdolność do syntezy sideroforów, egzopolisacharydów, solubilizacji fosforanów, a także ruchliwość komórek. Na podstawie uzyskanych wyników do dalszych badań wyselekcjonowano trzy szczepy (K16, K18, L1) o największym potencjale biochemicznym do wspomagania wzrostu roślin. W celu szerszej charakterystyki przeprowadzono sekwencjonowanie ich genomów, a następnie analizę filogenetyczną oraz szczegółową analizę funkcjonalną.

Przeprowadzone testy wykazały, że wszystkie badane szczepy mają zdolność syntezy egzopolisacharydów. Szczepy K16 i K18 wykazują zdolność do solubilizacji fosforanów, ruchu oraz syntezy kwasu indoilooctowego, natomiast szczepy L1 i K18 zdolność do produkcji sideroforów. Dwa izolaty, szczepy K16 i K18, to bakterie Gram-ujemne, wykazujące najbliższe pokrewieństwo odpowiednio z gatunkiem *Pantoea agglomerans* (99,53%) oraz *Pseudomonas grimontii* (97,68%), natomiast Gram-dodatni szczep L1 wykazywał 99,38% podobieństwa z gatunkiem *Priestia megaterium*.

Analiza genomów umożliwiła identyfikację genów potencjalnie związanych z aktywnością PGP, przy czym w genomie szczepu K18 zidentyfikowano 3898 takich sekwencji, w genomie szczepu L1 3090, a w genomie szczepu K16 2805. Najwięcej spośród zidentyfikowanych genów było związanych z cechami mogącymi wspierać kolonizację roślin, m.in. metabolizmem nukleozydów, odpowiedzią na stres oksydacyjny, w tym neutralizacją reaktywnych form tlenu (ROS), oraz konkurencją międzygatunkową, m.in. poprzez działanie pomp typu efflux.

Przedstawione wyniki sugerują, iż wyselekcjonowane szczepy bakteryjne posiadają duży potencjał promowania wzrostu roślin i łagodzenia efektów stresu suszy, co będzie weryfikowane w kolejnych doświadczeniach realizowanych w ramach pracy doktorskiej.

Projekt realizowany w ramach grantu Preludium 2023/49/N/NZ8/02097 finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki (PL).

BIORÓŻNORODNOŚĆ MIKROBIOLOGICZNA GLEBY W OBLICZU NOWYCH ZANIECZYSZCZEŃ – OD HERBICYDOWYCH CIECZY JONOWYCH PO MIKROPLASTIKI

Tomasz Ciesielski[1], Natalia Lisiecka[1], Marta Woźniak-Karczewska[1], Anna Parus[1], Łukasz Chrzanowski[1]

[1]Wydział Technologii Chemicznej, Politechnika Poznańska, Berdychowo 4, 60-965 Poznań

Bioróżnorodność mikroorganizmów glebowych ma istotne znaczenie dla prawidłowego funkcjonowania gleby. Mikroorganizmy uczestniczą w obiegu pierwiastków, rozkładzie materii organicznej oraz przemianach i biodegradacji zanieczyszczeń. Jednocześnie gleba jest narażona na działanie wielu substancji pochodzenia antropogenicznego, w tym środków ochrony roślin oraz nowych typów zanieczyszczeń.

Jednym z kierunków rozwoju środków ochrony roślin są nowe formulacje herbicydowe, których właściwości mogą różnić się od właściwości klasycznych substancji aktywnych. Przykładem są herbicydowe ciecze jonowe, w których składnik aktywny herbicydu występuje w postaci jonowej. Zmiana właściwości fizykochemicznych takiego związku może wpływać na jego sorpcję w glebie, mobilność, biodostępność i biodegradację, a przez to również na mikroorganizmy glebowe. Ważnym zagadnieniem jest także możliwość wykorzystania bioaugmentacji do wspomagania rozkładu zanieczyszczeń oraz wpływ wprowadzanych mikroorganizmów na mikrobiom gleby i ryzosfery.

Kolejnym czynnikiem obecnym w środowisku glebowym są mikroplastiki. Mogą one oddziaływać na mikroorganizmy bezpośrednio, ale również pośrednio, poprzez wpływ na właściwości gleby i zachowanie obecnych w niej zanieczyszczeń. Cząstki mikroplastiku mogą sorbować związki chemiczne oraz być kolonizowane przez mikroorganizmy, przez co mogą zmieniać biodostępność, transport i biodegradację ksenobiotyków.

Wpływ zanieczyszczeń na środowisko glebowe nie powinien być więc oceniany wyłącznie na podstawie ich toksyczności lub trwałości. Istotne są również zmiany zachodzące w strukturze i funkcjonowaniu społeczności mikroorganizmów glebowych, które mogą mieć znaczenie dla stabilności gleby oraz jej zdolności do rozkładu i usuwania zanieczyszczeń.

Praca finansowana w ramach projektu OPUS 21 NCN nr DEC-2021/41/B/NZ9/03981.

TYSIĄCE MIKROORGANIZMÓW W GLEBIE, TRZY W BUTELCE – GDZIE ZNIKA BIORÓŻNORODNOŚĆ?

Łukasz Drewniak

Instytut Bioinżynierii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa

Gleba należy do najbardziej złożonych ekosystemów mikrobiologicznych, w których współwystępują liczne populacje bakterii, archeonów, grzybów i innych mikroorganizmów tworzących dynamiczne sieci interakcji. Ta różnorodność nie jest wyłącznie efektem bogactwa taksonomicznego – stanowi podstawę komplementarności funkcjonalnej, redundancji metabolicznej oraz odporności ekosystemu na zmiany warunków środowiskowych. Tymczasem większość komercyjnych preparatów mikrobiologicznych dla rolnictwa opiera się na pojedynczych szczepach lub niewielkich konsorcjach reprezentujących ograniczoną liczbę dobrze poznanych grup mikroorganizmów. Powstaje zatem pytanie: dlaczego ogromna bioróżnorodność naturalnego mikrobiomu gleby zostaje tak silnie zredukowana na drodze od środowiska do produktu?

W wykładzie przedstawiona zostanie koncepcja kolejnych „filtrów", które prowadzą od złożonego mikrobiomu do stosunkowo prostego preparatu. Pierwszym jest filtr naukowy – preferujący mikroorganizmy możliwe do izolacji, hodowli, identyfikacji i jednoznacznego powiązania z określoną funkcją. Kolejny stanowi filtr technologiczny, premiujący szczepy szybko rosnące, łatwe do namnażania w dużej skali oraz odporne na formulację, transport i przechowywanie. Filtr bezpieczeństwa i regulacyjny dodatkowo ogranicza pulę kandydatów do mikroorganizmów, których tożsamość, stabilność, brak właściwości patogennych i ryzyko środowiskowe można wiarygodnie ocenić. Ostatecznie filtr ekonomiczny preferuje produkty proste, powtarzalne, trwałe i możliwe do wytwarzania przy akceptowalnych kosztach kontroli jakości.

Paradoks polega na tym, że produkt uproszczony w celu zwiększenia jego przewidywalności zostaje następnie wprowadzony do niezwykle złożonego i zmiennego ekosystemu. Jego funkcjonowanie zależy od właściwości gleby, rośliny, warunków klimatycznych, praktyk agronomicznych oraz konkurencji i współpracy z lokalnym mikrobiomem. Oznacza to, że najlepszy szczep w warunkach laboratoryjnych nie musi być najlepszym rozwiązaniem ekologicznym ani produktem najbardziej skutecznym w polu.

Odpowiedzią nie powinno być jednak maksymalizowanie liczby mikroorganizmów w preparacie. Kluczowym wyzwaniem staje się określenie minimalnej efektywnej złożoności ekologicznej – najmniejszego poziomu różnorodności zapewniającego jednocześnie funkcjonalność, odporność, adaptacyjność, bezpieczeństwo oraz możliwość standaryzowanej produkcji. W tym kontekście przedstawiona zostanie koncepcja DynaMF, zakładająca przejście od statycznych, uniwersalnych inokulantów do funkcjonalnie projektowanych i lokalnie adaptowanych konsorcjów mikroorganizmów. Takie podejście może stanowić próbę pogodzenia dwóch pozornie sprzecznych wymagań: złożoności biologicznej naturalnego ekosystemu i prostoty wymaganej od produktu komercyjnego.

BIORÓŻNORODNOŚĆ MIKROBIOMU GLEBOWEGO JAKO FUNDAMENT ZDROWIA I ODPORNOŚCI AGROEKOSYSTEMÓW

Magdalena Frąc, Karolina Oszust, Agata Gryta, Jacek Panek, Giorgia Pertile, Dominika Siegieda, Mateusz Mącik Michał Pylak

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

Bioróżnorodność mikroorganizmów glebowych stanowi jeden z kluczowych elementów warunkujących funkcjonowanie, stabilność i odporność agroekosystemów. Mikrobiom gleby uczestniczy w obiegu pierwiastków, mineralizacji materii organicznej, kształtowaniu struktury gleby, udostępnianiu składników pokarmowych oraz ograniczaniu rozwoju fitopatogenów. Jednocześnie gleba stanowi rezerwuar mikroorganizmów, które mogą być rekrutowane przez rośliny, dlatego jej bioróżnorodność jest istotna w kontekście całego układu gleba–mikrobiom–roślina, zgodnie z koncepcją holobiontu roślinnego.

Wyniki badań nad strukturą, różnorodnością i funkcjonowaniem mikrobiomów w agroekosystemach, przeprowadzonych z wykorzystaniem analiz aktywności biologicznej, metod molekularnych, metataksonomiki NGS oraz narzędzi bioinformatycznych wskazują na zmienność i zróżnicowanie bioróżnorodności mikroorganizmów glebowych w zależności od różnych czynników. Do ważnych czynników wpływających na bioróżnorodność należą m.in. nisza ekologiczna, sposób użytkowania gleby, system produkcji oraz stresy biotyczne i abiotyczne oddziałujące na zbiorowiska bakterii i grzybów.

Przykładem praktycznego znaczenia bioróżnorodności są badania upraw współrzędnych zbóż i roślin bobowatych. Analizy sieci interakcji wykazały, że uprawy współrzędne mogą zwiększać złożoność zbiorowisk mikroorganizmów. Większa złożoność sieci może sprzyjać stabilności ekosystemu, odporności na patogeny i stres środowiskowy oraz efektywnemu obiegowi składników pokarmowych.

Uzyskane wyniki wskazują, że ocena zdrowia gleby powinna wykraczać poza klasyczne parametry fizykochemiczne i obejmować różnorodność taksonomiczną, funkcjonalną oraz strukturę interakcji mikrobiologicznych.

Ochrona i świadome kształtowanie bioróżnorodności mikrobiomu mogą stanowić podstawę biologizacji rolnictwa oraz rozwoju regeneratywnych i odpornych na zmiany środowiskowe systemów produkcji roślinnej.

Badania finansowane w ramach projektów: HoloBIOme, Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego, „Nauka dla Społeczeństwa II", NdS-II/SP/0263/2024/01; MICROGREENS, NCN, OPUS-23, 2022/45/B/NZ9/04254; Entomo-Fung-OMICS, NCN, OPUS-27, 2024/53/B/NZ9/01058; NCN, Preludium Bis-2, 2020/39/O/NZ9/03421; Horyzont Europa, Project 101082289 — LEGUMINOSE; Project 101157265 — SPIN-FERT; NCBR, BIOSTRATEG3, EcoFruits, BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018; BIO-FERTIL, BIOSTRATEG3/347464/5/NCBR/2017; potatoMETAbiome, ERA-NET SusCrop, NCBR, SUSCROP/I/POTATOMETABIOME/01/2019.

INTEGRACJA GENOMIKI, FENOTYPOWANIA I EKOTOKSYKOLOGII W OCENIE BEZPIECZEŃSTWA MIKROORGANIZMÓW STOSOWANYCH W ROLNICTWIE – KONCEPCJA DYNAMF BIOSAFETY

Dawid Gmiter[1], Wanesa Sasal[1], Aleksandra Omelaniuk[1], Klaudia Musiał[1], Leon Petruńko[1], Łukasz Drewniak[1,2]

[1]*Zakład Mikrobiologii, Instytut Biologii, Wydział Nauk Ścisłych i Przyrodniczych, Uniwersytet Jana Kochanowskiego w Kielcach*

[2]*Laboratorium Mikrobiologii Rolniczej i Przemysłowej, Instytut Bioinżynierii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski*

Produkty mikrobiologiczne znajdują coraz szersze zastosowanie w rolnictwie jako narzędzia wspierające wzrost roślin, poprawiające wykorzystanie składników odżywczych oraz ograniczające stosowanie konwencjonalnych nawozów i środków ochrony roślin. Wraz ze wzrostem ich wykorzystania rośnie jednak znaczenie wiarygodnej oceny bezpieczeństwa mikroorganizmów wprowadzanych do środowiska. Obecnie stosowane podejścia często koncentrują się na pojedynczych aspektach charakterystyki mikroorganizmów, co utrudnia ich kompleksową ocenę.

Celem projektu DynaMF Biosafety jest opracowanie zintegrowanego podejścia do oceny bezpieczeństwa biologicznego i środowiskowego mikroorganizmów oraz produktów mikrobiologicznych. Koncepcja zakłada połączenie trzech komplementarnych obszarów: analiz genomowych i bioinformatycznych, charakterystyki fenotypowej oraz badań ekotoksykologicznych. Ich integracja ma umożliwić jednoczesną ocenę potencjalnych czynników ryzyka biologicznego, właściwości funkcjonalnych mikroorganizmów oraz ich możliwego oddziaływania na środowisko.

Istotnym elementem proponowanego podejścia będzie uwzględnienie nie tylko charakterystyki pojedynczych szczepów, ale również oceny rzeczywistych produktów mikrobiologicznych. Pozwoli to na powiązanie informacji uzyskiwanych na poziomie genomowym z obserwowanymi właściwościami biologicznymi oraz oceną bezpieczeństwa środowiskowego. Wyniki poszczególnych etapów mają zostać zintegrowane w ramach spójnego systemu raportowania, umożliwiającego wieloparametrową ocenę bezpieczeństwa badanego produktu.

DynaMF Biosafety ma docelowo stanowić narzędzie wspierające selekcję bezpiecznych mikroorganizmów, ocenę produktów mikrobiologicznych oraz podejmowanie decyzji dotyczących ich dalszego rozwoju i zastosowania. Opracowanie podejścia łączącego dane genomowe, fenotypowe i ekotoksykologiczne może przyczynić się do przejścia od rozproszonej lub deklaracyjnej oceny bezpieczeństwa do modelu opartego na zintegrowanych danych naukowych, wspierając rozwój bezpiecznych technologii mikrobiologicznych dla zrównoważonego rolnictwa.

MIKROBIOM HALOFITÓW JAKO FILTR FUNKCJONALNY W PROJEKTOWANIU ODPORNEGO ROLNICTWA NA GLEBACH ZASOLONYCH

Katarzyna Hrynkiewicz

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

Zasolenie gleb jest jednym z narastających czynników degradacji środowiska glebowego i ograniczenia produkcji rolniczej. Nie powinno być jednak traktowane wyłącznie jako wartość przewodności elektrycznej, lecz jako złożony syndrom zmian obejmujących układ gleba–woda–roślina–mikrobiom. W tym ujęciu halofity stanowią naturalny model do badania mechanizmów selekcji i funkcjonowania mikrobiomów w warunkach stresu osmotycznego.

Celem wystąpienia będzie przedstawienie koncepcji wykorzystania mikrobiomu *Salicornia europaea* L. jako łącznika między bezpieczeństwem żywności halofitycznej, oceną bioróżnorodności mikrobiologicznej gleb zasolonych oraz projektowaniem odpornych systemów uprawowych. Omówiony zostanie ciąg prac realizowanych w projektach SaliFood, SaltyBEATS, COST SUSTAIN i SaliNova, w których metataksonomika 16S rRNA/ITS, analizy hodowlane wybranych mikroorganizmów, parametry gleby i roślin oraz fenotypowanie funkcjonalne BIOLOG są integrowane w celu przejścia od opisu składu mikrobiomu do oceny jego potencjału funkcjonalnego.

Szczególna uwaga zostanie poświęcona ryzosferze jako strefie, w której zasolenie, eksudaty korzeniowe, inokulacja AMF i dobór roślin partnerskich mogą kształtować aktywność mikrobiologiczną i obieg składników pokarmowych. W dalszej perspektywie takie podejście może wspierać projektowanie rozwiązań opartych na naturze dla rolnictwa na glebach marginalnych i zasolonych, łącząc bioróżnorodność, bezpieczeństwo upraw i monitoring funkcji gleby.

NCN OPUS SaliFood (2019/33/B/NZ9/02803); Biodiversa+ / NCN SaltyBEATS (UMO-2024/06/Y/NZ9/00139); COST SUSTAIN CA22144; SaliNova; POB OBSIDIAN.

REDUKCJA NAWOŻENIA AZOTOWEGO I MIKROBIOM GLEBOWY – AGROBIOTECHNOLOGIA DLA PRZYSZŁOŚCI RODZIN

Katarzyna Kagan[1], Weronika Goraj[2], Agnieszka Kuźniar[3], Jacek Podlewski[4], Agnieszka Wolińska[2]

[1]Katedra Nauk o Rodzinie, Wydział Teologii, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II
[2]Katedra Mikrobiologii i Medycyny Translacyjnej, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II
[3]Katedra Genomiki i Genetyki Laboratoryjnej, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II
[4]CGFP Sp. z o.o.

Pszenica stanowi jeden z podstawowych elementów współczesnej diety, dlatego sposób jej produkcji ma znaczenie dla środowiska, bezpieczeństwa żywności i zdrowia społeczeństwa. Celem projektu realizowanego w kontekście Strategii „Farm to Fork" była ocena wpływu redukcji nawożenia azotowego na mikrobiom gleby w uprawie pszenicy oraz określenie potencjalnych konsekwencji biologicznych stosowanych praktyk rolniczych.

Badania polowe przeprowadzono w latach 2023–2024 w Sicienku, w technologii strip-till, z zastosowaniem czterech wariantów nawożenia: 100%, 80%, 60% oraz 0% dawki azotu. Próbki gleby pobierano przed siewem i po zbiorze roślin. Strukturę mikro- i mykobiomu określono z wykorzystaniem sekwencjonowania następnej generacji (NGS) na platformie Illumina MiSeq, a uzyskane dane analizowano bioinformatycznie z wykorzystaniem QIIME2 oraz baz SILVA 138 i UNITE v8.

W sezonie 2024 w mikrobiomie bakteryjnym dominowały Proteobacteria, Actinobacteriota, Acidobacteriota, Bacteroidota, Gemmatimonadota i Verrucomicrobiota. Zidentyfikowano również mikroorganizmy związane z korzystnymi procesami glebowymi i rozwojem roślin, m.in. Pseudomonas, Flavobacterium i Mortierella, a także potencjalne organizmy patogenne, w tym Blumeria. Istotnym wynikiem było stwierdzenie, że redukcja nawożenia azotowego o 20% nie powodowała destabilizacji struktury mikrobiomu bakteryjnego gleby.

Uzyskane wyniki wskazują, że ograniczenie nawożenia może wspierać realizację założeń zrównoważonego rolnictwa bez wyraźnego zaburzenia biologicznej struktury gleby. Jednocześnie pokazują, że wiedza o jakości gleby i sposobach produkcji podstawowych produktów żywnościowych może stanowić element budowania świadomości rolniczej, konsumenckiej i rodzinnej, łącząc agrobiotechnologię z perspektywą zdrowia społeczeństwa.

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).

SELEKTYWNA IZOLACJA I IDENTYFIKACJA MIKROORGANIZMÓW ENDOFITYCZNYCH RZEPAKU OZIMEGO (*BRASSICA NAPUS* L.)

Artur Kleina

BGD sp. z o.o.

Mikroorganizmy endofityczne stanowią istotny składnik mikrobiomu roślinnego i mogą uczestniczyć w procesach związanych z odżywianiem, wzrostem oraz adaptacją roślin do warunków środowiskowych. Z tkanek rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.), po powierzchniowej sterylizacji materiału roślinnego i jego maceracji, wyizolowano bakterie zdolne do wzrostu na bezazotowej pożywce Ashby'ego z glukozą. Kolejne pasaże na podłożu selekcyjnym umożliwiły uzyskanie 23 czystych izolatów.

Wstępną identyfikację przeprowadzono metodą MALDI-TOF MS, jednak ograniczona reprezentacja badanych mikroorganizmów w bibliotece Bruker MALDI Biotyper nie pozwoliła na wiarygodne oznaczenie części izolatów. Dalszą identyfikację oparto na analizie sekwencji genu 16S rRNA. Produkty amplifikacji uzyskane z zastosowaniem starterów 27F i 1492R sekwencjonowano metodą Sangera w obu kierunkach, a po kontroli jakości odczytów tworzono sekwencje konsensusowe. Uzyskane sekwencje porównywano z referencyjnymi sekwencjami 16S rRNA w bazie NCBI przy użyciu algorytmu BLASTN.

Porównanie uzyskanych sekwencji genu 16S rRNA z sekwencjami referencyjnymi zdeponowanymi w bazie NCBI wykazało przynależność analizowanych izolatów m.in. do rodzajów *Flavobacterium*, *Stenotrophomonas*, *Achromobacter* i *Variovorax*. Dla części izolatów uzyskano bardzo wysokie wartości zgodności z sekwencjami referencyjnymi; przykładowo dla izolatu C13 najwyższe podobieństwo stwierdzono względem *Flavobacterium tyrosinilyticum* — 99,83% identyczności przy 100% pokryciu sekwencji.

Uzyskane wyniki wskazują na obecność zróżnicowanej frakcji hodowalnych bakterii endofitycznych zasiedlających tkanki rzepaku ozimego, zdolnych do wzrostu w warunkach braku egzogennego źródła azotu. Wyizolowane mikroorganizmy stanowią materiał do dalszych badań nad ich właściwościami funkcjonalnymi oraz potencjalnym wykorzystaniem w rolnictwie.

ZASTOSOWANIE SEKWENCJONOWANIA AWIDNOŚCIOWEGO W BADANIACH BAKTERIOMU I MYKOBIOMU GLEBOWEGO

Jarosław Kosakowski

Genomed SA

Bioróżnorodność glebowa, obejmująca miliardowe populacje bakterii i grzybów, stanowi fundament funkcji ekosystemowych. Wiarygodna charakterystyka tych społeczności wymaga technologii sekwencjonowania o wysokiej dokładności i minimalnej wrażliwości na artefakty amplifikacji. Przedstawiamy zastosowanie platformy AVITI, opartej na sekwencjonowaniu przez wiązanie (SBB) i amplifikacji wg modelu toczącego się koła (RCA), w analizie metabarkodingowej (np. regiony V3–V4 genu 16S rRNA, ITS1, ITS2; tryb 2 × 300 bp) oraz metagenomicznej shotgun (tryb 2×150 bp). W odróżnieniu od klasycznego sekwencjonowania przez syntezę (SBS), metoda AVITI eliminuje amplifikację mostkową PCR, co bezpośrednio ogranicza trzy istotne źródła błędów w analizie glebowej mikrobioty: (i) powstawanie chimer i artefaktów mutacyjnych zniekształcających profil taksonomiczny, (ii) zniekształcenie względnych obfitości rzadkich taksonów wynikające z duplikacji odczytów i wrażliwości na zawartość GC oraz (iii) przeskakiwanie indeksów (_index hopping_), które przy dużej liczbie prób glebowych prowadzi do krzyżowej kontaminacji danych. System AVITI osiąga odsetek zasad ≥ Q30 powyżej 96% z jednolitą jakością na całej długości odczytu (300 bp), co przekłada się na lepsze łączenie odczytów parowych oraz mniejszą liczbę chimer. Znikomy poziom _index hoppingu_ oraz minimalna wrażliwość na % GC zwiększają czułość wykrywania rzadkich składników bakteriomu i mykobiomu. Platforma zachowuje kompatybilność ze standardowymi protokołami przygotowania bibliotek Illumina oraz istniejącymi _pipeline'ami_ bioinformatycznymi (dane FASTQ), co umożliwia bezinwazyjne wdrożenie w rutynowe procedury laboratoriów zajmujących się ekologią gleb.

ZANIM ZNIKNĄ: POTENCJAŁ BIOLOGICZNY GINĄCYCH TORFOWISK POLSKI W ŚWIETLE BADAŃ MIKROBIOLOGICZNYCH – BADANIA WSTĘPNE

Anna Lenart-Boroń[1], Klaudia Bulanda[2], Piotr Boroń[2], Zuzanna Murzydło[3]

[1]*Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie*
[2]*Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie*
[3]*Sekcja Mikrobiologii, Koło Naukowe Biotechnologów Helisa, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie*

Torfowiska to jedne z najbardziej zagrożonych ekosystemów w Polsce i Europie. Ulegają postępującej degradacji wskutek osuszania i presji antropogenicznej. Prognozy wskazują, że wiele z nich może zniknąć, zanim zostaną w pełni poznane. Torf i borowina są od dawna wykorzystywane w kosmetyce i balneologii, a producenci kosmetyków często przypisują im właściwości przeciwbakteryjne. Twierdzenie to jednak rzadko bywa poparte rzetelną weryfikacją mikrobiologiczną.

Celem niniejszego badania pilotażowego była wstępna charakterystyka mikrobiologiczna oraz ocena aktywności przeciwdrobnoustrojowej ekstraktów wodnych i etanolowych czterech torfów, w tym trzech lokalizacji w południowej Polsce (przy granicy Karkonoskiego Parku Narodowego KPN oraz Rogoźnik RG i Czarny Dunajec CzD) i torfu dostępnego komercyjnie, jako wstęp do oceny ich potencjalnego zastosowania w kosmetyce oraz produktach lekkiej chemii (np. opatrunkach, maściach).

Oznaczono pH (4,14–5,24) oraz liczebność wybranych grup bakterii na podłożach selektywnych. Najwyższą liczebność promieniowców (*Actinomycetes*), odpowiedzialnych za produkcję większości znanych naturalnych antybiotyków, stwierdzono w próbce KPN (ponad 1000 jtk/g), znacznie przewyższając pozostałe lokalizacje (0–450 jtk/g).

Aktywność przeciwdrobnoustrojową ekstraktów oceniono metodą dyfuzyjno-krążkową wobec siedmiu izolatów bakterii. Ekstrakty etanolowe wykazały wyższą aktywność niż ekstrakty wodne, hamując wzrost *Pseudomonas putida*, *P. okeanokoites*, *Staphylococcus aureus* i *Priestia megaterium*. Najszersze spektrum aktywności wykazał ekstrakt KPN, korespondując z najwyższą liczebnością promieniowców. W jednym przypadku (wodny ekstrakt z tej samej lokalizacji) zaobserwowano efekt przeciwny, tj. stymulację wzrostu *Pseudomonas stutzerii*, co może wskazywać na obecność w tej frakcji związków wykorzystywanych przez bakterie jako źródło węgla.

Uzyskane wyniki, choć wstępne, wskazują na zróżnicowany między lokalizacjami potencjał ekstraktów torfowych oraz możliwy związek między obecnością promieniowców a ich aktywnością przeciwdrobnoustrojową. Planowane testy PCR ukierunkowane na geny biosyntezy związków bioaktywnych (NRPS, PKS), a także planowana identyfikacja spektroskopowa związków organicznych pozwolą pogłębić charakterystykę badanych ekstraktów. Wyniki te mogą stanowić naukowe podstawy do oceny zasadności wykorzystania surowca torfowego w kosmetyce i lekkiej chemii, jednocześnie dokumentując potencjał ginących ekosystemów torfowiskowych, zanim ich unikalne zasoby zostaną bezpowrotnie utracone.

BADANIA PILOTAŻOWE NAD ZASTOSOWANIEM TRAWY W PROCESIE OCZYSZCZANIA ŚCIEKÓW SKAŻONYCH BISFENOLAMI

Magdalena Noszczyńska[1], Julia Borówka[1], Tomasz Budniak[1], Małgorzata Rudnicka[1], Małgorzata Pawlik[1], Aleksandra Sarnowicz[2], Katarzyna Duda[2], Magdalena Pacwa-Płociniczak[1], Tomasz Płociniczak[1]

[1]Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach, Polska

[2]Research Group of Biofunctional Metabolites and Structures, Research Center Borstel, Leibniz LungCenter, Member of German Center for Lung Research (DZL), Airway Research Center North, Borstel, Germany

Bisfenole F (BPF) i S (BPS), stanowią istotne zagrożenie dla środowiska oraz zdrowia publicznego. Wobec ich szerokiego zastosowania w przemyśle, coraz częściej wykrywane są w ściekach. Konwencjonalne oczyszczalnie ścieków oparte na osadzie czynnym lub złożach biologicznych nie są przystosowane do usuwania tych zanieczyszczeń ze ścieków. Dlatego celem niniejszych badań była konstrukcja pływających mat hydrofitowych z wykorzystaniem życicy trwałej oraz oszacowanie przedziału czasowego, w którym roślina ta pobiera bisfenole (BPs) ze ścieków i akumuluje je w swoich tkankach. Kontrolę stanowiły ścieki niezanieczyszczone BPs. Pomiary prowadzono w 7 punktach czasowych w ciągu 20 dni. Dodatkowo określono wpływ BPs na wybrane parametry fizjologiczne trawy.

Wraz z upływem czasu trwania eksperymentu stężenie BPs w ściekach stopniowo malało, osiągając w ostatnim dniu eksperymentu koncentrację poniżej granicy wykrywalności. Jednocześnie do 10. dnia eksperymentu obserwowano systematyczny wzrost stężenia badanych związków w korzeniach, a w przypadku BPS również w liściach. W 20. dniu eksperymentu odnotowano natomiast spadek koncentracji BPs w analizowanych częściach roślin, co może wskazywać na ich metabolizowanie przez roślinę. Akumulacja badanych związków w tkankach trawy nie wpłynęła negatywnie na jej stan fizjologiczny. Nie wykazano zmian suchej i świeżej masy liści i korzeni oraz zmian w aktywności katalazy (CAT) i stężenia barwników fotosyntetycznych w liściach. W liściach zaobserwowano natomiast statystycznie istotne obniżenie zawartości dialdehydu malonowego (MDA) i aktywności dysmutazy ponadtlenkowej (SOD).

Uzyskane wyniki badań pozwoliły na wyznaczenie optymalnego przedziału czasowego do przeprowadzenia kolejnego etapu badań, obejmującego określenie mechanizmu usuwania BPs z ścieków, a także analizę ich wpływu na roślinę na poziomie molekularnym. Ponadto, otrzymane rezultaty wskazują na potencjał trawy w usuwaniu BPs ze ścieków, zwłaszcza, że związki te nie wpływają negatywnie na jej stan fizjologiczny, a roślina zachowuje zdolność do utrzymania równowagi oksydacyjnej przez cały czas trwania procesu.

Badania zostały sfinansowane w całości przez Narodowe Centrum Nauki [2023/49/B/NZ9/01422].

MIKROBIOM RYZOSFEROWY ROŚLINNYCH METALOFITÓW STARYCH POGÓRNICZYCH ZWAŁOWISK GALMANOWYCH

Ewa Oleńska[1], Wanda Małek[2], Anna Gałązka[3], Małgorzata Woźniak[3], Sofie Thijs[4], Jolanta Jaroszuk-Ściseł[2], Małgorzata Wójcik[2], Jaco Vangronsveld[2,4]

[1]Katedra Mikrobiologii i Biotechnologii, Wydział Biologii, Uniwersytet w Białymstoku, Białystok
[2]Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Skłodowskiej Curie w Lublinie
[3]Zakład Mikrobiologii, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy w Puławach
[4]Faculty of Sciences, Centre for Environmental Sciences, Hasselt University, Diepenbeek, Belgium

Ponadnormatywne stężenia cynku (Zn), ołowiu (Pb) oraz kadmu (Cd) występujące w glebie „starej", około 130-letniej hałdy Bolesław, zlokalizowanej w Olkuskim Okręgu Rudnym, działają jako czynnik selekcji na tym obszarze. Porastające tę hałdę rośliny wraz ze zasocjowanymi w ich ryzosferze mikroorganizmami są zaadaptowane do warunków panujących na hałdzie i mogą stanowić potencjalne narzędzie do zastosowania w bioremediacji czy biogórnictwie. Celem pracy było określenie zawartości metali w industrioziemie, ocena parametrów chemicznych i aktywności metabolicznej mikrobioty glebowej oraz identyfikacja hodowalnego i niehodowalnego mikrobiomu bakteryjnego ryzosfery oraz tkanek wegetatywnych pseudometalofita koniczyny białej oraz hiperakumulatorów Zn *Cardaminopsis halleri* oraz *C. arenosa*, rosnących naturalnie na hałdzie Bolesław. Analiza zawartości metali (ICP-MS) wykazała istotnie wyższą zawartość, głównie Zn, Pb i Cd w industrioziemie hałdy Bolesław w porównaniu z glebą stanowiska referencyjnego, odwrotną zależność zaobserwowano w odniesieniu do zawartości azotu i jego przyswajalnych form. Aktywność enzymatyczna, metaboliczna (BIOLOG®) oraz poziom bioróżnorodności mikrobioty industrioziemu hałdy była istotnie niższa w odniesieniu do próby pochodzącej ze stanowiska referencyjnego. Ponadto stwierdzono różnice w składzie taksonomicznym mikrospołeczności pochodzenia hałdowego i referencyjnego.

MIKROBIOM JĘCZMIENIA W ODPOWIEDZI NA SUSZĘ – ZNACZENIE GENOTYPU GOSPODARZA

Magdalena Pacwa-Płociniczak, Beata Chmielewska, Anna Collin, Miriam Szurman-Zubrzycka, Katarzyna Konopka, Mateusz Śmietana, Agnieszka Janiak, Agata Daszkowska-Golec

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

Susza jest jednym z głównych czynników ograniczających wzrost i plonowanie roślin, a mikroorganizmy związane z gospodarzem mogą uczestniczyć w kształtowaniu odpowiedzi roślin na deficyt wody. Celem badań było określenie, czy odpowiedź mikrobiomu jęczmienia zwyczajnego (*Hordeum vulgare* L.) na suszę zależy od genotypu gospodarza. Analizowano sześć genotypów oznaczonych G1-G6. Skład endofitycznych społeczności bakteryjnych korzeni i liści określono metodą sekwencjonowania amplikonów regionu V5–V7 genu 16S rRNA, natomiast aktywny mikrobiom ryzosfery scharakteryzowano na podstawie analizy metatranskryptomicznej.

W warunkach kontrolnych mikrobiom korzeni był zdominowany przez rodziny typowo związane z ryzosferą i korzeniami zbóż – Comamonadaceae, Flavobacteriaceae i Streptomycetaceae. Susza nie powodowała jego głębokiej reorganizacji, lecz prowadziła do niewielkich, zależnych od genotypu zmian we względnej liczebności wybranych taksonów, obejmujących m.in. wzrost udziału Bacillaceae, Enterobacteriaceae i Paenibacillaceae oraz spadek udziału Pseudomonadaceae i Cellvibrionaceae. W liściach w warunkach kontrolnych stwierdzono niską biomasę bakterii, natomiast podczas suszy wykształcił się wspólny dla badanych genotypów rdzeń mikrobiomu obejmujący rodziny Beijerinckiaceae, Enterobacteriaceae, Propionibacteriaceae i Pseudomonadaceae, któremu towarzyszyły zmiany genotypowo specyficzne. Znacznie silniejszą odpowiedź obserwowano w aktywnym mikrobiomie ryzosfery. Susza obniżała jego różnorodność, a kierunek zmian składu taksonomicznego zależał od genotypu gospodarza. W genotypie G3 obserwowano wzrost udziału transkryptów przypisanych do Cyanobacteria, w G6 – do Acidifutilibacteraceae i Psychromonadaceae, a w G4 – do Hydrogenothermaceae, Aquificaceae i Bacillaceae, reprezentujących taksony przystosowane do warunków ekstremalnych. Największe zróżnicowanie dotyczyło jednak odpowiedzi funkcjonalnej mikrobiomu ryzosfery. Susza ograniczała ekspresję genów związanych z ruchliwością, komunikacją międzykomórkową i tworzeniem biofilmu, zwiększając natomiast ekspresję genów związanych z translacją, metabolizmem energetycznym i biosyntezą. Analiza profili ekspresji ujawniła dwa odmienne wzorce odpowiedzi: mikrobiomy G1-G3 wykazywały zwiększoną aktywność procesów związanych z translacją, produkcją energii i chemotaksją, natomiast w G4-G6 aktywność tych procesów była obniżona.

Uzyskane wyniki wskazują, że odpowiedź mikrobiomu jęczmienia na suszę jest kształtowana przez genotyp gospodarza, a różnice te są szczególnie wyraźne na poziomie aktywności funkcjonalnej mikrobiomu ryzosfery.

Badania sfinansowano w ramach projektu RecoBar (SUSCROP/I/44/RECOBAR/2023), ze środków NCBR i programu Horyzont 2020 UE (GA 771134).

OCENA WPŁYWU BIOAUGMENTACJI I BIOSTYMULACJI NA WSPOMAGANĄ FITOREMEDIACJĘ GLEBY KO-ZANIECZYSZCZONEJ Z WYKORZYSTANIEM ANALIZ TRANSKRYPTOMICZNYCH

Magdalena Pacwa-Płociniczak[1], Agata Daszkowska-Golec[1], Sara Gobetti[1], Aki Sinkkonen[2], Agata Kumor[1], Tomasz Płociniczak[1]

[1]*Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach*

[2]*Natural Resources Institute Finland*

Na terenach silnie zdegradowanych często obserwuje się jednoczesne zanieczyszczenie gleb węglowodorami ropopochodnymi i metalami ciężkimi, co stanowi istotne wyzwanie dla efektywnego zastosowania procesów remediacyjnych opartych na metodach biologicznych. Zastosowanie bioaugmentacji do wspomagania remediacji i/lub fitoremediacji takich terenów wymaga selekcji szczepów zdolnych do degradacji węglowodorów, a jednocześnie opornych na metale ciężkie występujące w środowisku.

Celem badań była ocena potencjału szczepu *Pseudomonas qingdaonensis* ZCR6 do wspomagania fitoremediacji gleby ko-zanieczyszczonej węglowodorami ropopochodnymi oraz metalami ciężkimi, pobranej z terenów bezpośrednio przylegających do koksowni w Zabrzu. W warunkach laboratoryjnych szczep ZCR6 wykazywał oporność na wybrane metale ciężkie, degradował węglowodory ropopochodne, a także charakteryzował się aktywnością wybranych mechanizmów potencjalnie odpowiedzialnych za promowanie wzrostu roślin. W doświadczeniu doniczkowym z wykorzystaniem kukurydzy (*Zea mays* L.) porównano wpływ inokulacji skażonej gleby żywymi komórkami szczepu ZCR6 oraz termicznie inaktywowaną biomasą bakteryjną na efektywność procesów oczyszczania.

Pomimo efektywnej kolonizacji ryzosfery i tkanek roślinnych przez szczep ZCR6, zastosowanie żywych komórek nie zwiększyło istotnie usuwania węglowodorów w porównaniu z nietraktowaną kontrolą (odpowiednio 17,4% i 19,6%). Natomiast zastosowanie termicznie inaktywowanej biomasy bakteryjnej zwiększyło efektywność usuwania węglowodorów o około 8% w porównaniu z kontrolą. Zarówno żywe, jak i martwe komórki szczepu ZCR6 zwiększały ponadto akumulację Zn w korzeniach kukurydzy o około 30%. Analiza transkryptomiczna wykazała obniżenie ekspresji genów bakteryjnych związanych z degradacją węglowodorów po inokulacji gleby żywym szczepem ZCR6, przy jednoczesnym wzroście ekspresji genów roślinnych związanych z odpowiedzią na stres. W żadnym z wariantów nie zaobserwowano natomiast zwiększonej ekspresji bakteryjnych genów związanych z mechanizmami promowania wzrostu roślin.

Uzyskane wyniki wskazują, że zastosowanie biostymulacji może w określonych warunkach skuteczniej wspomagać fitoremediację niż bioaugmentacja gleby pojedynczym szczepem bakterii. Ponadto zastosowanie technik transkryptomicznych pozwala ocenić rzeczywisty wpływ prowadzonych zabiegów na aktywność metaboliczną roślin i mikrobiom glebowy.

Badania zostały sfinansowane w ramach projektów 2018/31/D/NZ9/01610 oraz 2020/39/O/NZ9/00342, finansowanych przez Narodowe Centrum Nauki w Krakowie.

ZANIECZYSZCZENIA UWALNIANE Z CZĄSTEK GUMY – OCENA WPŁYWU NA MIKROORGANIZMY GLEBOWE ORAZ WYBRANE ROŚLINY UPRAWNE I LINIE KOMÓRKOWE

Małgorzata Pawlik[1], Anna Wyrwicka-Drewniak[2], Magdalena Noszczyńska[1], Magdalena Pacwa-Płociniczak[1], Sybilla Matuszczak[3], Marcelina Stupieńko[1], Izabela Potocka[1], Tomasz Płociniczak[1]

[1]*Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach*

[2]*Katedra Fizjologii i Biochemii Roślin, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki*

[3]*Laboratorium Modeli Przedklinicznych, Narodowy Instytut Onkologii im. Marii Skłodowskiej-Curie, Państwowy Instytut Badawczy Oddział w Gliwicach*

Ze względu na rosnącą liczbę samochodów, w tym samochodów ciężarowych i elektrycznych, dochodzi do zintensyfikowanej emisji cząstek powstających w wyniku ścierania opon (ang. *Tire Wear Particles*, TWPs). Te mikrocząstki oraz uwalniane z nich związki stanowią realne zagrożenie dla organizmów żywych. Dlatego celem prowadzonych badań była wielopoziomowa ocena potencjalnego zagrożenia związanego z obecnością TWPs w środowisku, obejmująca odpowiedź mikroorganizmów glebowych, reakcję roślin uprawnych oraz cytotoksyczne działanie ekstraktów TWPs na wybrane ludzkie linie komórkowe układu oddechowego.

Analizy SEM-EDS powierzchni opony wykazały obecność m.in. Zn (1,8%), Fe (1,1%), Ti (0,3%) i Si (7,9%). Wykorzystując HPLC-MS zidentyfikowano związki intensywnie uwalniane z cząstek gumy (N, N'-dicykloheksylomocznik, N- (1,3-dimetylobutylo) -N'- fenylo -p- fenylenodiamina, 4-aminofenol). Odpowiedź mikroorganizmów glebowych na TWPs jest niejednoznaczna i złożona. Zaobserwowano jednoczesny wzrost aktywności enzymatycznej mikroorganizmów w glebie z TWPs (33%), obniżenie o 56% biomasy żywych mikroorganizmów (PLFA), oraz istotne obniżenie liczby transkryptów genów 16S rRNA, jak i CYP153, w porównaniu z nieskażoną glebą kontrolną. Co więcej, cząstki gumy negatywnie wpływały na wzrost siewek kukurydzy, obniżając ich biomasę o 31% w porównaniu z roślinami kontrolnymi. U tych roślin hodowanych w glebie skażonej mikrocząstkami gumy dochodzi także do uruchomienia mechanizmów obronnych przed stresem oksydacyjnym oraz detoksykacji ksenobiotyków, przy jednoczesnym zachowaniu stabilności aparatu fotosyntetycznego. Na poziomie komórkowym ekstrakt TWPs wykazywał silne działanie cytotoksyczne wobec ludzkich komórek układu oddechowego linii A549 (gruczolaka) i Beas-2B (nabłonka oskrzeli). Wartości IC_{50} wynosiły odpowiednio 0,16% i 0,08%, co wskazuje na wysoką toksyczność testowanych TWPs. Ponadto ekspozycja powodowała narastającą w czasie nekrozę, natomiast apoptoza występowała w mniejszym stopniu.

Wielopoziomowa ocena oddziaływania cząstek gumy na organizmy żywe wskazuje na potrzebę prowadzenia szeroko zakrojonych badań nad tymi zanieczyszczeniami. Konieczna jest dalsza identyfikacja związków odpowiedzialnych za obserwowane efekty biologiczne, a także weryfikacja skuteczności metod biologicznych w oczyszczaniu gleby skażonej TWPs.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki (Polska), grant nr 2025/57/B/NZ9/02815 (OPUS 29).

WPŁYW ELICYTORÓW ROŚLINNYCH NA WZROST I PLONOWANIE MALINY ORAZ STRUKTURĘ MIKROBIOMU RYZOSFERY

Ewa Solarska[1], Lidia Sas-Paszt[2], Małgorzata Gruszczyk[3]

[1]*Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Wydział Nauk o Żywności i Biotechnologii, Katedra Biotechnologii, Mikrobiologii i Żywienia Człowieka*
[2]*Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Mikrobiologii i Ryzosfery*
[3]*Natura Ekspert w Lublinie, Dział Badawczo-Rozwojowy*

Intensyfikacja produkcji rolniczej oraz rosnące wymagania dotyczące ograniczenia stosowania syntetycznych środków ochrony roślin i nawozów chemicznych przyczyniły się do opracowania i wdrożenia do praktyki innowacyjnych, przyjaznych dla środowiska biopreparatów. Roślinne elicytory, stanowiące naturalne związki biologicznie czynne, stymulują naturalne mechanizmy obronne roślin oraz bioróżnorodność mikrobiomu ryzosfery. Celem niniejszej pracy była kompleksowa ocena wpływu dolistnej i doglebowej aplikacji wybranych elicytorów roślinnych na parametry fizjologiczne roślin maliny (*Rubus idaeus* L.) oraz na występowanie i liczebność pożytecznych mikroorganizmów ryzosferowych. W badaniach wykorzystano innowacyjne elicytory endogenne wyprodukowane przez firmę Natura Ekspert w oparciu o autorską, innowacyjną, zaawansowaną technologię ekstrakcji, pozwalającą na pozyskanie kompleksu bioaktywnych związków organicznych o wysokim potencjale biologicznym. W ramach przeprowadzonych badań przeanalizowano wskaźniki gospodarki wodnej, barwniki asymilacyjne, parametry wymiany gazowej oraz wskaźniki stresu oksydacyjnego. Równolegle przeprowadzono analizy gleby obejmujące pomiary jej aktywności enzymatycznej (dehydrogenaz, ureazy, fosfatazy) oraz analizę jej struktury i bioróżnorodności mikrobiomu ryzosferowego. W wyniku przeprowadzonych badań wykazano, że pod wpływem endogennych elicytorów zawartych w produktach firmy Natura Ekspert nastąpiła zmiana profilu fizjologicznego i morfologicznego komórek. W analizie mikroskopowej zaobserwowano reorganizację struktury komórkowej, w tym zagęszczenie cytoplazmy i zmianę przepuszczalności błon. Analizy fizjologiczne i biochemiczne potwierdziły obniżenie stężenia MDA przy wzroście aktywności enzymów antyoksydacyjnych, wzrost zawartości barwników asymilacyjnych i optymalizację wymiany gazowej. Elicytory spowodowały istotne zwiększenie ogólnej aktywności dehydrogenaz i fosfataz w glebie oraz znaczący wzrost bioróżnorodności mikrobiomu ryzosfery, tj. istotny wzrost liczebności pożytecznych bakterii ryzosferowych i grzybów mikoryzowych, stymulujących wzrost i plonowanie roślin maliny. Uzyskane wyniki wykazały, że zastosowanie kompozycji związków bioaktywnych stymuluje odporność roślin maliny, a poprawa parametrów fizjologicznych i biochemicznych gleby sprzyja kolonizacji korzeni przez pożyteczne mikroorganizmy. Specjalistyczne ekstrakty firmy Natura Ekspert stanowią skuteczne i bezpieczne biopreparaty w zrównoważonej uprawie roślin jagodowych.

Prace badawcze współfinansowane w ramach Działania 1.3 Programu Fundusze Europejskie dla Lubelskiego 2021-2027. Tytuł projektu: „Prace badawczo-rozwojowe zlecone organizacji badawczej". Beneficjent: Natura Ekspert Krzysztof Gruszczyk.

CZYNNIKI KSZTAŁTUJĄCE KOLONIZACJĘ ROŚLIN PRZEZ BAKTERIE PATOGENNE DLA CZŁOWIEKA ORAZ MOŻLIWOŚCI JEJ OGRANICZANIA

Sonia Szymańska[1,2], Tomasz Płociniczak[3], Edyta Deja-Sikora[1,2], Marcin Sikora[2], Katarzyna Niedojadło[4], Aleksandra Szydłowska-Czerniak[5], Marcin Gołębiewski[2,6], Zbigniew Strzelecki[1], Katarzyna Włodarczyk[5], Sandra Kozłowska[1], Karolina Janczak[1], Alicja Tymczewska[5], Agnieszka Ludwiczak[7], Andrzej Araźny[8,9], Justyna Mazur[2,6], Paweł Pomastowski[2], Katarzyna Hrynkiewicz[1,2]

[1]*Katedra Mikrobiologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych (WNBiW), Uniwersytetu Mikołaja Kopernika (UMK) w Toruniu*

[2]*Instytut Studiów Zaawansowanych, Interdyscyplinarne Centrum Nowoczesnych Technologii, UMK w Toruniu*

[3]*Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach*

[4]*Katedra Biologii Komórkowej i Molekularnej, WNBiW, UMK w Toruniu*

[5]*Katedra Chemii Analitycznej i Spektroskopii Stosowanej, Wydział Chemii, UMK w Toruniu*

[6]*Katedra Fizjologii Roślin i Biotechnologii, WNBiW, UMK w Toruniu*

[7]*Katedra Immunologii, WNBiW, UMK w Toruniu*

[8]*Centrum Badań Zmian Klimatu, UMK w Toruniu*

[9]*Katedra Meteorologii i Klimatologii, Wydział Nauk o Ziemi i Gospodarki Przestrzennej, UMK w Toruniu*

Środowisko glebowe stanowi istotny rezerwuar mikroorganizmów zasiedlających ryzosferę i endosferę roślin, a jego właściwości mogą wpływać na ryzyko transferu bakterii patogennych dla człowieka (HPMO) do tkanek roślinnych. Celem badań było określenie czynników kształtujących kolonizację roślin przez HPMO oraz ocena możliwości ograniczenia tego procesu z wykorzystaniem naturalnych mechanizmów biologicznych i przeciwdrobnoustrojowych.

Badania prowadzone w układzie gleba-*Salicornia europaea* wykazały, że struktura mikrobiomu roślinnego jest związana z warunkami siedliskowymi, a obecność HPMO w tkankach roślin potwierdza możliwość ich transferu ze środowiska do endosfery gospodarza. Obserwacje te zweryfikowano następnie w kontrolowanym modelu *Raphanus sativus*, wykazując, że zdolność HPMO do kolonizacji i przemieszczania się w obrębie rośliny zależy od gatunku bakterii, organu oraz wieku gospodarza. W kolejnym etapie oceniono możliwość ograniczenia kolonizacji *R. sativus* przez *Listeria monocytogenes* przy zastosowaniu olejku tymiankowego i antagonistycznej bakterii endofitycznej *Serratia marcescens* IAE2 wyizolowanej z korzeni *Aster tripolium*.

Uzyskane wyniki wskazują, że kolonizacja roślin przez HPMO jest procesem wieloczynnikowym, kształtowanym przez warunki środowiskowe, mikrobiom, właściwości gospodarza oraz cechy biologiczne patogenu. Jednocześnie wykorzystanie naturalnych czynników biokontrolnych może stanowić obiecujący kierunek zwiększania bezpieczeństwa mikrobiologicznego roślin użytkowych.

Narodowe Centrum Nauki (Polska), projekty OPUS 2019/33/B/NZ9/02803 oraz MINIATURA 3 2019/03/X/NZ9/00751.

FROM SINGLE STRAINS TO MICROBIAL COMMUNITIES: HIGH-RESOLUTION METABOLIC PHENOTYPING WITH BIOLOG TECHNOLOGY

Enrico Tatti

Biolog Inc.

The post-genomic era has transformed microbial ecology by revealing taxonomic and genetic diversity. However, sequence information alone cannot predict how microorganisms behave, respond to environmental conditions, or contribute to ecosystem processes. Phenotypic analysis therefore provides an essential complementary layer, linking genomic potential to experimentally observed function.

Biolog Phenotype MicroArrays technology enables high-throughput metabolic characterization of bacterial, yeast, and filamentous fungal isolates across panels of nutrients, stress conditions, and inhibitory compounds. When combined with the Odin platform, repeated measurements generate kinetic profiles of cellular respiration and growth, providing higher-resolution information than endpoint readings. These temporal data can reveal differences in substrate utilization, adaptation, stress tolerance, metabolic efficiency, and strain-specific behavior that may remain undetected by genomic comparison alone.

At the community level, EcoPlates support community-level physiological profiling by measuring patterns of carbon-source utilization, allowing functional differences among environmental microbial communities to be compared across sites, treatments, or time points. RhizoPlate assays extend this phenotypic framework toward agriculturally relevant traits, including nitrogen fixation and phosphate solubilization, and can be applied to both complex rhizosphere communities and selected isolates.

Together, these approaches create a scalable workflow spanning strains and communities. In a research landscape increasingly dominated by metagenomics and other -omics technologies, functional phenotyping helps determine which predicted capabilities are expressed under defined experimental conditions. Integrating kinetic phenotypic data with molecular datasets can therefore improve microbial characterization, strengthen ecological interpretation, support strain selection, and provide a more complete understanding of soil biodiversity and its practical applications in environmental monitoring, biotechnology, and sustainable agriculture.

RÓŻNORODNOŚĆ SPOŁECZNOŚCI GRZYBÓW W GLEBIE ORAZ RYZOSFERZE I ENDOSFERZE ROŚLIN RUDERALNYCH NA TERENACH DŁUGOTRWALE ZANIECZYSZCZONYCH ROPĄ NAFTOWĄ

Katarzyna Wiejak[1], Jarosław Ciepiel[1], Karolina Gawryjołek[1], Aleksandra Ukalska-Jaruga[2], Anna Marzec-Grządziel[1], Anna Gałązka[1]

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

[1]Zakład Mikrobiologii

[2]Zakład Gleboznawstwa i Analiz Środowiskowych;

Bioróżnorodność środowiska glebowego jest istotnym elementem prawidłowego funkcjonowania ekosystemów, a społeczności mikroorganizmów odgrywają kluczową rolę w obiegu składników pokarmowych, przemianach materii oraz utrzymaniu stabilności biologicznej gleby. Szczególne znaczenie w kształtowaniu tych procesów mają grzyby, których zróżnicowanie może ulegać zmianom pod wpływem presji środowiskowej. Tereny poeksploatacyjne przemysłu naftowego stanowią przykład środowisk poddanych długotrwałemu oddziaływaniu związków ropopochodnych, w tym węglowodorów alifatycznych i wielopierścieniowych węglowodorów aromatycznych (WWA). W takich warunkach rośliny ruderalne oraz związane z nimi społeczności grzybów mogą odgrywać istotną rolę w procesach naturalnej adaptacji i remediacji zdegradowanego środowiska.

Celem pracy była charakterystyka różnorodności strukturalnej i funkcjonalnej społeczności grzybów występujących w glebie oraz związanych z ryzosferą i endosferą roślin ruderalnych na terenach długotrwale zanieczyszczonych ropą naftową. Materiał badawczy pobrano z terenu dawnej Kopalni Ropy Naftowej w Węglówce. Ocenę struktury mykobiomu przeprowadzono na podstawie sekwencjonowania regionu ITS metodą sekwencjonowania nowej generacji (NGS), natomiast potencjał metaboliczny społeczności grzybów określono z wykorzystaniem systemu Biolog FFPlate. Dodatkowo w materiale badawczym oznaczono zawartość wielopierścieniowych węglowodorów aromatycznych (Σ16 WWA) oraz wybranych pierwiastków (węgiel, azot, fosfor i potas).

Analiza sekwencji ITS wykazała zróżnicowanie struktury społeczności grzybów pomiędzy badanymi próbkami. We wszystkich analizowanych próbkach dominowali przedstawiciele typu Ascomycota, natomiast Basidiomycota, Mortierellomycota i Glomeromycota występowały w mniejszym udziale. Stwierdzono obecność zarówno taksonów wspólnych, tworzących rdzeń mykobiomu, jak i taksonów charakterystycznych dla poszczególnych próbek i środowisk. Analiza potencjału metabolicznego wykazała zróżnicowaną zdolność społeczności grzybów do wykorzystywania poszczególnych źródeł węgla.

Uzyskane wyniki wskazują na wysoką heterogeniczność mykobiomu glebowego oraz społeczności grzybów związanych z roślinami ruderalnymi, zarówno pod względem składu taksonomicznego, jak i potencjału funkcjonalnego.

Badania były finansowane z 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).

WPŁYW ZŁOŻONOŚCI MATRYCY I WARUNKÓW ŚRODOWISKOWYCH NA STRUKTURĘ I ODPORNOŚĆ MIKROBIOMU PODCZAS BIODEGRADACJI ZANIECZYSZCZEŃ ŚRODOWISKOWYCH

Marta Woźniak-Karczewska[1], Tomasz Ciesielski[1], Artur Trzebny[2], Mirosława Dabert[2], Łukasz Chrzanowski[1]

[1]*Wydział Technologii Chemicznej, Politechnika Poznańska, ul. Berdychowo 4, 60-965 Poznań*
[2]*Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, Poznań 61-614, Polska*

Biodegradacja zanieczyszczeń w środowisku glebowym zależy nie tylko od właściwości związku, ale także od złożoności matrycy i warunków fizykochemicznych kształtujących strukturę i aktywność mikrobiomu. Uproszczone układy modelowe pozwalają określić odpowiedź mikroorganizmów na wybrane czynniki, jednak nie zawsze odzwierciedlają procesy zachodzące w bardziej złożonych glebach.

Celem badań była ocena znaczenia złożoności matrycy i dostępności wody dla struktury mikrobiomu oraz jego odpowiedzi na zanieczyszczenia środowiskowe. Porównano wyniki doświadczeń prowadzonych w piasku, modelowej glebie OECD i naturalnej glebie parkowej oraz w różnych warunkach wilgotności.

W sterylnych układach piaskowych zanieczyszczonych olejem napędowym i mikroplastikiem obserwowano silną dominację ograniczonej liczby grup taksonomicznych, przede wszystkim Moraxellaceae, których udział w wielu wariantach przekraczał 70–90%. W glebie OECD profile mikrobiomu były bardziej zróżnicowane i mniej zdominowane przez pojedyncze taksony. Podobny wpływ matrycy obserwowano podczas biodegradacji mieszanin diesel/biodiesel. W nasyconym piasku wzrost udziału biodiesla selektywnie zmieniał skład wprowadzonej społeczności mikrobiologicznej, bez wpływu na długoterminowy rozkład frakcji alifatycznej i aromatycznej. Z kolei w naturalnej glebie parkowej dochodziło do reorganizacji całej społeczności, obejmującej m.in. wzrost udziału Actinobacteria i Sphingobacteriia oraz częściowy powrót mikrobiomu do początkowej struktury. Wpływ bioaugmentacji był widoczny głównie w początkowej fazie doświadczenia, natomiast w dłuższym czasie różnice między układami bioaugmentowanymi i niebioaugmentowanymi zanikały.

Istotnym czynnikiem była również dostępność wody. W układach piaskowych wilgotność silniej niż obecność mikroplastiku różnicowała strukturę i aktywność mikrobiomu, wraz z jej wzrostem zwiększała się biomasa mikroorganizmów oraz obecność genu *alkB*. Podobnie w doświadczeniach z ramnolipidami wilgotność była głównym czynnikiem kształtującym strukturę społeczności, a wpływ biosurfaktantu na mikrobiom i biodegradację był największy przy ograniczonej dostępności wody.

Złożoność matrycy i dostępność wody w istotny sposób determinują odpowiedź mikrobiomu na zanieczyszczenie. Wyniki wskazują, że planując bioremediację terenów skażonych, należy uwzględniać zarówno właściwości matrycy, jak i warunki środowiskowe, ponieważ odpowiedź obserwowana w układach uproszczonych może nie odzwierciedlać procesów zachodzących w glebie rzeczywistej.

Praca finansowana w ramach projektu OPUS 21 NCN nr DEC-2021/41/B/NZ9/03981.

CZY BIORÓŻNORODNOŚĆ GLEBY MA CENĘ? OD MIKROBIOMU DO WARTOŚCI EKONOMICZNEJ

Konrad Piotr Zawadzki

Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych, Uniwersytet Warszawski

Bioróżnorodność środowiska glebowego jest fundamentem funkcji, od których zależy produkcja rolnicza, jednak jej znaczenie wciąż rzadko jest ujmowane w rachunku ekonomicznym gospodarstwa. Rozwój nowoczesnego rolnictwa przyniósł bezprecedensowy wzrost produktywności, lecz jednocześnie sprzyjał standaryzacji odmian, uproszczeniu płodozmianów i intensyfikacji praktyk mogących ograniczać różnorodność biologiczną. Nie oznacza to, że wzrost wydajności był błędem; problem polega raczej na tym, że tradycyjny rachunek efektywności obejmował przede wszystkim plon, koszt jednostkowy i cenę, znacznie słabiej ujmując odporność systemu, usługi ekosystemowe, ryzyko oraz wartość zachowania przyszłych możliwości.

Celem wystąpienia jest przedstawienie ekonomicznej perspektywy bioróżnorodności gleby z wykorzystaniem koncepcji kapitału naturalnego, usług ekosystemowych, wartości ubezpieczeniowej i wartości opcyjnej. Literatura wskazuje, że organizmy glebowe współtworzą procesy istotne dla produktywności i stabilności agroekosystemów, m.in. obieg składników pokarmowych, strukturę gleby, retencję wody oraz biologiczną regulację organizmów szkodliwych. Ich wartość ekonomiczna może więc ujawniać się nie tylko jako wzrost średniego plonu, ale również jako ograniczenie zmienności wyników, mniejsza podatność na szoki oraz zachowanie zasobów i funkcji, których znaczenie może ujawnić się dopiero w przyszłości.

W takim ujęciu bioróżnorodność może być traktowana analogicznie do dywersyfikacji portfela: maksymalizacja krótkookresowej wydajności nie musi być tożsama z maksymalizacją odporności i długookresowej wartości systemu. Jednocześnie część korzyści płynących ze zdrowej, biologicznie aktywnej gleby ma charakter dobra publicznego, podczas gdy koszty praktyk sprzyjających jej odbudowie ponosi bezpośrednio gospodarstwo. Powstaje zatem luka bodźców ekonomicznych.

Wystąpienie stawia pytanie, czy ekonomiczne argumenty, które przez dekady premiowały uproszczenie i specjalizację, mogą dziś zostać wykorzystane do odbudowy bioróżnorodności. Proponowany kierunek to przejście od samego pomiaru różnorodności biologicznej do łańcucha: wskaźnik biologiczny – funkcja gleby – efekt agronomiczny – wartość ekonomiczna – bodziec decyzyjny. Taki rachunek nie ma sprowadzać natury wyłącznie do ceny, lecz uczynić widocznymi koszty jej utraty oraz korzyści z jej zachowania.

POSTERY

SPIS TREŚCI

Białas W., Marecik R., Wita A., Łukaszewicz S.
Wpływ składu podłoża i temperatury na wzrost *Beauveria bassiana* – ocena efektywności biologicznej i kosztowej 38

Bik-Małodzińska M., Futa B., Żukowska G., Myszura-Dymek M., Rybczyńska-Tkaczyk K.
Wpływ oDdziaływania Kopalni Bogdanka na wybrane właściwości chemiczne gleb 39

Błaszczak R., Nowotnik P., Kaźmierczak D., Antosik A., Wilczyńska S., Raczyk A.
Potencjał biostymulacyjny borowiny aktywowanej mikrobiologicznie, z użyciem wyrobów: EmFarma i Alginit z Gercei oraz określonych konsorcjów bakterii celulolitycznych 40

Bochniarz A.
Aktualna tematyka artykułów naukowych obejmujących zależności między glebą, mikroorganizmami i owadami 41

Borowik A., Wyszkowska J., Zaborowska M., Kucharski J.
Rola nawożenia organicznego w kształtowaniu struktury bakterii w glebie zanieczyszczonej kadmem.....42

Ciesielski T., Woźniak-Karczewska M., Parus A., Chrzanowski Ł.
Rola dostępności wody w kształtowaniu intensywności biodegradacji oleju napędowego w glebie zawierającej mikroplastik polistyrenowy.....43

Deja-Sikora E., Sikora M., Werner K.
Mykoryza arbuskularna jako selektywny filtr mikrobiomu pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum*) i wieloletniej pszenicy pośredniej (*Thinopyrum intermedium*).....44

Dudziak M., Cybulska K.
Biopreparaty zawierające mikroorganizmy. Stan aktualny i perspektywy stosowania w rolnictwie 45

Furtak K., Gawryjołek K., Młodzińska A., Bojarszczuk J.
Wpływ różnych typów stresu osmotycznego na różnorodność mikrobiologiczną gleby w uprawie soi 46

Futa B., Bik-Małodzińska M., Myszura-Dymek M., Żukowska G., Rybczyńska-Tkaczyk K.
Aktywność enzymatyczna gleb w strefie oddziaływania Kopalni Węgla Kamiennego Bogdanka ...47

Gałązka A., Woźniak M., Marzec-Grządziel A., Ciepiel J., Ukalska-Jaruga A., Wyzińska M.
Nawozy wzbogacone mikrobiologicznie szansa dla rolnictwa i zdrowia gleby 48

Gałązka A., Woźniak M., Marzec-Grządziel A., Wiejak K., Kozieł M., Grzęda E., Pecio Ł., Bojarszczuk J.
Endofity grzybowe o wysokim potencjale w promowaniu wzrostu roślin i ograniczeniu rozwoju patogenów do zastosowania w rolnictwie i ochronie roślin 49

Gałązka A., Marzec-Grządziel A.
Analiza microbiomu i profilu metabolicznego ryzosfery i endoryzosfery wybranych odmian pszenicy jarej 50

Gawryjołek K., Furtak K.
Zalety i wady stosowania mikrobiologicznych środków ochrony roślin 51

Goraj W., Śliwka P., Kuźniar A., Kagan K., Kruczyńska A., Podlewski J., Wolińska A.
Wpływ nawożenia azotowego na obfitość genu *amoA* i strukturę mikroorganizmów nitryfikacyjnych w glebie spod uprawy rzepaku 52

Harasim E., Kwiatkowski C.A., Kujawska J.
Wpływ sposobów uzdatniania pofermentu z biogazowni na właściwości gleby i plon sorgo 53

Jaroszuk-Ściseł J., Nowak A., Ślarzyński K., Lechoszest D.
Mykotoksyny w hodowlach grzybów *Fusarium* spp. i *Trichoderma* spp. wyizolowanych z nasion i ryzosfery pszenicy, żyta i grochu 54

Jasińska A., Guzek S., Siemko D., Boczar K., Bernat P.
Charakterystyka funkcjonalna szczepów *Bacillus* w kontekście wspomagania wzrostu pszenicy i antagonizmu wobec *Fusarium* 55

Kozak K., Roubinek O.K., Janiszewska J.
Poszukiwanie enzymów o potencjale bioremediacyjnym – badania nad bakteriami z rodzaju *Streptomyces* 56

Kozieł M.
Wielofunkcyjny potencjał bakterii z rodzaju Rhizobium w biostymulacji wzrostu i rozwoju roślin 57

Łasica A., Kaczorowska A.K., Nasiłowska J., Rydz J., Starzyński B., Joshi N., Drewniak Ł.
Kolekcja DynaMF jako platforma deponowania i wykorzystania środowiskowych mikroorganizmów dla rolnictwa 58

Małkińska K., Olszanowska M., Ceglarek W., Sławińska J., Tomkowiak J., Osóch P., Borówka R.K., Okupny D.
Metale ciężkie w glebach i roślinach torfowisk Kotliny Orawsko-Nowotarskiej 59

Marecik R., Białas W., Borowiak-Sobkowiak B., Wita A., Łukaszewicz S.
Ocena potencjału owadobójczego wyizolowanych grzybów entomopatogennych w kontekście ich zastosowania w biologicznej ochronie roślin 60

Marzec-Grządziel A., Wiejak K. Ciepiel J.
BIObeePlants – opracowanie bioformulacji mikrobiologicznych wspomagających wzrost roślin miododajnych....61

Marzec-Grządziel A.
Wpływ eksperymentalnej strategii TAPs na aktywność mikrobiomu glebowego – analiza metatranskryptomiczna....62

Siebielec S., Klimkowicz-Pawlas A., Wyzińska M., Ukalska-Jaruga A.
Wpływ egzogennej materii organicznej na strukturę mikrobiomu bakteryjnego gleb w uprawie pszenicy 63

Siebielec S.
Opracowanie innowacyjnego konsorcjum bakteryjnego do bioremediacji i restytucji ekosystemów glebowych po pożarach – BAKTROP 64

Siebielec S., Siebielec G., Gmur D.
Potencjał aplikacyjny bakterii solubilizujących fosfor (PSB) w zrównoważonej produkcji roślinnej i bioremediacji 65

Siebielec S.
Utworzenie banku zasobów mikrobiologicznych „MIKROBANK" dla zrównoważonego rolnictwa i stymulacji wzrostu i rozwoju roślin.....66

Siebielec S., Siebielec G., Gmur D.
Bioróżnorodność funkcjonalna gleb w świetle założeń i praktyki Akademii NBSOIL.....67

Sochaczewska A., Jurga W., Gnyp W., Goraj W., Walczak N., Wolińska A., Bochniarz M., Szafranek-Nakonieczna A.
Charakterystyka i identyfikacja bakterii izolowanych z fermentowanych produktów mlecznych 68

Szada-Borzyszkowska A., Pogrzeba M., Krzyżak J.
Zanieczyszczenie gleby pierwiastkami śladowymi a struktura społeczności AMF w korzeniach traw wieloletnich (miskanta olbrzymiego i spartiny preriowej).....69

Szostek M., Kwoka K., Radoń A., Ilek A.
Zmiany wybranych właściwości chemicznych i aktywności enzymatycznej gleb w efekcie zastosowania popiołów ze spalania biomasy.....70

Szuk D., Ćwieląg-Piasecka I., Kawałko D.
Wpływ wybranych wtórnych metabolitów roślinnych na dynamikę degradacji pestycydów w odniesieniu do aktywności biochemicznej gleby.....71

Średnicka P., Zapaśnik A., Wojtczak A., Nasiłowska J.
Aktywność lakazowa szczepów Bacillus spp. o potencjale wykorzystania w rolnictwie.....72

Średnicka P., Wojtczak A., Podleśny M., Nasiłowska J.
Selekcja szczepów *Bacillus* o potencjale biosyntezy γ-PGA i wstępna ocena ich wpływu na pszenicę w warunkach suszy.....73

Wita A., Marecik R, Białas W., Czaczyk K., Łukaszewicz S.
Ocena aktywności przeciwpleśniowej wyizolowanych szczepów PGPR.....74

Wojtczak A., Mikołajczuk-Szczyrba A., Shymialevich D., Średnicka P., Nasiłowska J.
Antybiotykooporność jako kryterium bezpieczeństwa szczepów *Bacillus* o potencjale biosyntezy γ-PGA.....75

Woźniak M., Kozieł M., Siebielec S., Wyzińska M., Gałązka A.
Struwit i psychrotolerantne bakterie PSB – wykorzystanie potencjału mikroorganizmów glebowych w technologii StruBac-Cold.....76

Woźniak M., Kozieł M., Artur Nowak A.
Od ryzosfery do endosfery – potencjał grzybów o aktywności deaminazy ACC we wspieraniu roślin.....77

WPŁYW SKŁADU PODŁOŻA I TEMPERATURY NA WZROST *BEAUVERIA BASSIANA* – OCENA EFEKTYWNOŚCI BIOLOGICZNEJ I KOSZTOWEJ

Wojciech Białas[1], Roman Marecik[1], Agnieszka Wita[1], Sabina Łukaszewicz[2]

[1]*Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu*
[2]*SMP Agro sp. z o. o, Komorniki 44, 63-004 Tulce*

Entomopatogenny grzyb *Beauveria bassiana* jest wykorzystywany w biologicznej ochronie roślin, jednak opłacalność jego przemysłowego namnażania zależy od uzyskania wysokiej liczby żywych komórek przy ograniczonych kosztach podłoża. Celem badań była ocena wpływu czterech podłoży hodowlanych oraz temperatury 26 i 28°C na kinetykę wzrostu czterech izolatów *B. bassiana*, ze szczególnym uwzględnieniem produkcji biomasy i końcowej liczebności jednostek tworzących kolonie. Porównano także orientacyjne koszty surowców wymaganych do przygotowania podłoży w skali 1000 L i odniesiono je do uzyskiwanej wydajności biologicznej.

Hodowle prowadzono przez 96 h w kolbach wytrząsanych (160 rpm) w temperaturze 26 lub 28°C. Zastosowano podłoża YPD (20 g/L glukozy, 10 g/L ekstraktu drożdżowego, 20 g/L peptonu), Sabouraud (40 g/L glukozy, 10 g/L peptonu), PD (ziemniaczano-glukozowe) oraz SYN (30 g/L glukozy, 15 g/L ekstraktu drożdżowego, 9 g/L peptonu mięsnego, 1,5 g/L KH_2PO_4 i 0,5 g/L $MgSO_4 \cdot 7H_2O$). Monitorowano pH i liczbę żywych komórek, a po 96 h oznaczano zawartość suchej masy. Koszty przygotowania 1000 L podłoża oszacowano na podstawie hurtowych cen surowców i wody technologicznej produkowanej z wykorzystaniem procesu odwróconej osmozy, bez kosztów energii, sterylizacji, napowietrzania, chłodzenia, pracy i amortyzacji.

Największą produkcję biomasy uzyskano na podłożu SYN: średnio 4,07% suchej masy w 26°C i 3,90% w 28°C. Dla YPD wartości wynosiły odpowiednio 3,45 i 3,31%, natomiast na PD i Sabouraud były niższe. Najwyższą liczbę jednostek tworzących kolonie stwierdzono na podłożu Sabouraud w 28°C: średnio $6{,}05 \times 10^8$ jtk/mL, a dla pojedynczych izolatów do $9{,}6 \times 10^8$ jtk/mL. W 26°C uzyskano na tym podłożu średnio $3{,}50 \times 10^8$ jtk/mL. Na podłożu SYN podwyższenie temperatury obniżyło średnią liczebność komórek z $1{,}77 \times 10^8$ do $7{,}25 \times 10^7$ jtk/mL.

Orientacyjny koszt przygotowania 1000 L wynosił 404 zł dla PD, 712 zł dla Sabouraud, 1595 zł dla SYN i 1652 zł dla YPD. Po odniesieniu kosztu do liczby żywych komórek najkorzystniejsze było podłoże Sabouraud w 28°C, dla którego koszt wynosił około 1,18 zł/10^{12} jtk. Dla PD osiągał około 3,0 zł/10^{12} jtk, a dla YPD i SYN był wyższy. Wysoka akumulacja biomasy na SYN nie przekładała się zatem na najniższy koszt wytwarzania aktywnych biologicznie komórek.

Dobór warunków hodowli wymaga rozróżnienia celu procesu. Podłoże SYN sprzyjało akumulacji biomasy, natomiast Sabouraud w 28°C zapewniało największą liczbę żywych komórek i najlepszą relację kosztu podłoża do wydajności. Podczas skalowania procesu należy więc oceniać zarówno ilość biomasy, jak i jednostkowy koszt uzyskania żywych, technologicznie przydatnych blastospor.

Badania wykonano w ramach projektu „Opracowanie i wdrożenie bezpiecznych preparatów mikrobiologicznych dla zrównoważonego rolnictwa ograniczających zużycie pestycydów i nawozów sztucznych", współfinansowanego przez Unię Europejską ze środków Funduszy Europejskich dla Nowoczesnej Gospodarki, działanie 1.1 Ścieżka SMART, nr umowy: ***FENG.01.01-IP.02-0903/24****.*

WPŁYW ODZIAŁYWANIA KOPALNI BOGDANKA NA WYBRANE WŁAŚCIWOŚCI CHEMICZNE GLEB

Marta Bik-Małodzińska[1], Barbara Futa[1], Grażyna Żukowska[1], Magdalena Myszura-Dymek[1], Kamila Rybczyńska-Tkaczyk[2]

[1]*Instytut Gleboznawstwa, Inżynierii i Kształtowania Środowiska*
[2]*Katedra Mikrobiologii Środowiskowej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie*

Górnictwo węgla kamiennego prowadzone metodą głębinową należy do działalności antropogenicznych silnie przekształcających środowisko przyrodnicze. Eksploatacja złóż może prowadzić do zmian rzeźby terenu, stosunków wodnych oraz warunków siedliskowych, a w konsekwencji wpływać na właściwości chemiczne i sorpcyjne gleb. W rejonach prowadzenia działalności górniczej szczególnego znaczenia nabiera monitoring środowiska glebowego, pozwalający na ocenę kierunku zachodzących zmian oraz identyfikację czynników mogących wpływać na jego funkcjonowanie. Istotnym elementem takiej oceny jest analiza zasobności gleb w składniki pokarmowe, właściwości kompleksu sorpcyjnego oraz zawartości potencjalnie szkodliwych pierwiastków.

Celem niniejszej pracy była ocena wybranych właściwości chemicznych i sorpcyjnych gleb znajdujących się w rejonie oddziaływania Kopalni Bogdanka oraz określenie ich zróżnicowania w zależności od sposobu użytkowania terenu i głębokości profilu glebowego. Materiał glebowy pobrano z siedmiu stanowisk reprezentujących zróżnicowane formy użytkowania terenu, obejmujące grunty orne, łąki, tereny przydrożne, tereny zalewowe, obszar w sąsiedztwie zbiornika wodnego oraz stanowiska leśne. Próbki pobrano z dwóch głębokości: 0–20 cm i 20–40 cm. W badanym materiale oznaczono wybrane właściwości chemiczne i sorpcyjne gleb, zawartość przyswajalnych form fosforu, magnezu i potasu oraz wybranych metali, w tym chromu, miedzi, ołowiu i cynku.

Uzyskane wyniki wykazały zróżnicowanie badanych właściwości chemicznych i sorpcyjnych pomiędzy poszczególnymi stanowiskami. Stwierdzono różnice w kwasowości hydrolitycznej, sumie kationów zasadowych, pojemności sorpcyjnej oraz stopniu wysycenia kompleksu sorpcyjnego kationami zasadowymi, związane z lokalnymi warunkami siedliskowymi i sposobem użytkowania terenu. Zróżnicowanie obserwowano również w zasobności gleb w przyswajalne formy fosforu, magnezu i potasu. Gleby użytkowane rolniczo charakteryzowały się na ogół większą zasobnością w analizowane składniki pokarmowe, natomiast stanowiska leśne, łąkowe, przydrożne i zalewowe wykazywały odmienne właściwości chemiczne i sorpcyjne. W większości badanych stanowisk obserwowano większą zawartość analizowanych składników w powierzchniowej warstwie gleby w porównaniu z warstwą głębszą.

Analiza zawartości wybranych metali wykazała zróżnicowanie ich występowania pomiędzy badanymi stanowiskami oraz warstwami profilu glebowego. Zawartość chromu, miedzi, ołowiu i cynku wykazywała odmienne tendencje w zależności od lokalizacji i sposobu użytkowania terenu. Obserwowane zróżnicowanie może być związane z właściwościami gleb, warunkami hydrologicznymi, sposobem użytkowania oraz lokalnym oddziaływaniem czynników antropogenicznych. Uzyskane wyniki wskazują tym samym na złożony charakter procesów kształtujących właściwości chemiczne gleb w obszarze pozostającym pod wpływem działalności górniczej.

Kompleksowa ocena właściwości chemicznych, zasobności w składniki pokarmowe, parametrów sorpcyjnych oraz zawartości wybranych metali może stanowić podstawę do dalszego monitoringu środowiskowego i oceny zmian zachodzących w glebach na terenach pozostających pod wpływem działalności górniczej.

Praca została wykonana w ramach projektu badawczego nr 57/2026/D/OP finansowanego przez Wojewódzki Fundusz Ochrony Środowiska i Gospodarki Wodnej w Lublinie (WFOŚiGW).

POTENCJAŁ BIOSTYMULACYJNY BOROWINY AKTYWOWANEJ MIKROBIOLOGICZNIE, Z UŻYCIEM WYROBÓW: EMFARMA I ALGINIT Z GERCEI ORAZ OKREŚLONYCH KONSORCJÓW BAKTERII CELULOLITYCZNYCH

Remigiusz Błaszczak[1], Piotr Nowotnik[1], Daria Kaźmierczak[2], Adrianna Antosik[2], Sylwia Wilczyńska[2], Aleksandra Raczyk[1]

[1]*ProBiotics Polska Wytwórnia Probiotyków*
[2]*Instytut Technologii Mikrobiologicznych w Turku*

Borowina jest cennym surowcem organicznym stosowanym w rolnictwie i ogrodnictwie, jednak jej potencjał biostymulacyjny może być ograniczony przez niską aktywność mikrobiologiczną i stopień humifikacji

Celem badań była ocena wpływu aktywacji borowiny z wykorzystaniem preparatu EmFarma, Alginitu z Gercei oraz konsorcjów bakterii celulolitycznych (*Pseudomonas, Bacillus, Chryseobacterium*) na jej właściwości chemiczne i mikrobiologiczne, ze szczególnym uwzględnieniem zawartości form przyswajalnych i całkowitych makro- i mikroelementów, kationów wymiennych oraz liczebności bakterii uczestniczących w udostępnianiu fosforu. Oznaczenia wykonano metodami ICP-OES po mineralizacji mikrofalowej (woda królewska, PN-EN ISO 54321:2021-07) oraz ekstrakcji Mehlich 3 i octanem amonu, zgodnie z procedurami Instytutu Technologii Mikrobiologicznych.

Wyniki wykazały, że mikrobiologiczna aktywacja istotnie modyfikuje właściwości borowiny. Największy wzrost zawartości form przyswajalnych (m.in. Ca, Mg, K, P, Fe, B, S) odnotowano w wariancie z EmFarma, któremu towarzyszyła również stabilizacja Cu oraz spadek Zn i Al w wybranych układach. Konsorcja bakterii celulolitycznych zwiększały dostępność Fe i B oraz zawartość kationów wymiennych Mg, K i Na.

We wszystkich wariantach obserwowano wzrost całkowitej zawartości fosforu i potasu, a w części układów także żelaza i magnezu. Szczególnie istotny był wzrost liczebności bakterii udostępniających fosfor w wariancie z EmFarma.

Uzyskane wyniki potwierdzają, że EmFarma, Alginit z Gercei oraz konsorcja bakterii celulolitycznych mogą skutecznie zwiększać potencjał biostymulacyjny borowiny poprzez poprawę jej aktywności mikrobiologicznej i biodostępności składników mineralnych.

AKTUALNA TEMATYKA ARTYKUŁÓW NAUKOWYCH OBEJMUJĄCYCH ZALEŻNOŚCI MIĘDZY GLEBĄ, MIKROORGANIZMAMI I OWADAMI

Alina Bochniarz

Dział Komunikacji Nauki,
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Celem opracowania było przedstawienie zagadnień entomologicznych podejmowanych w pracach naukowych związanych z mikrobiologią gleb. Uwzględniono wyselekcjonowane (68%) artykuły z bazy SCOPUS wydane od 2020 roku w czasopismach europejskich, opublikowane w otwartym dostępie, zaliczone do zakresu tematycznego „agricultural and biological sciences", które w tytule, abstrakcie i słowach kluczowych zawierały jednocześnie terminy: soil, microorganisms, insects.

Najwięcej artykułów dotyczyło wpływu mikroorganizmów glebowych na efekty żerowania owadów na roślinach, uprawnych, dzikich lub inwazyjnych. Badano różne gatunki szkodników i ich wrogów naturalnych, relacje między nimi uwarunkowane zmianami w ryzosferze rośliny, a także współdziałanie z patogenami. Uwzględniano całe zespoły mikroorganizmów glebowych, wybrane grupy (bakterie, grzyby) lub ich pojedynczych przedstawicieli. Oceniano również, jak żerowanie owadów oddziałuje na mikrobiom glebowy i jakie ma to skutki następcze dla roślin.

Dużo uwagi poświęcono grzybom entomopatogennym. Badano między innymi wpływ stanowiska, gatunków roślin i metod uprawy na ich zespoły w glebie, sposoby ich pozyskiwania i możliwości wykorzystania w ochronie roślin. Prace dotyczyły też bakterii, które są symbiontami nicieni owadobójczych – ich źródeł i możliwości wykorzystania w ochronie roślin bez pośrednictwa gospodarza zwierzęcego.

W związku z rozwijającą się dynamicznie hodowlą owadów dużo artykułów odnosiło się do możliwości wykorzystania ich odchodów i wylinek w produkcji nawozów. Badano sposoby przygotowywania takiego surowca, zależności między gatunkiem i pokarmem owada a składem odchodów i ich mikrobiomem, wpływ jego dodatku do gleby na rośliny, mikroorganizmy i emisję gazów cieplarnianych, a także potencjał w stymulacji rozwoju drobnoustrojów antagonistycznych w stosunku do grzybów fitopatogennych.

Przedmiotem artykułów były też symbionty bakteryjne owadów, pożytecznych i szkodliwych, pochodzące ze środowiska glebowego. Badano ich źródła, sposoby selekcji i zasiedlania ciała gospodarza, metody kontroli składu ich zespołów, konkurencję międzygatunkową i powiązania z innymi mikroorganizmami glebowymi, zdolność do wiązania azotu atmosferycznego (w przypadku termitów).

Wiele artykułów dotyczyło, bezpośrednio lub pośrednio, współdziałania owadów i mikroorganizmów w obiegu węgla i azotu oraz rozkładzie różnego rodzaju materii organicznej. Są to ważne informacje, bo zmiany w tym zakresie mogą mieć istotne konsekwencje środowiskowe.

W wyselekcjonowanym zasobie znalazły się zarówno artykuły dotyczące zagadnień z nauk podstawowych, jak i badań aplikacyjnych. W uprawie roślin uwzględnienie zależności środowiskowych między przedstawicielami różnych grup systematycznych poszerza zakres potencjalnego wykorzystania wyników badań.

ROLA NAWOŻENIA ORGANICZNEGO W KSZTAŁTOWANIU STRUKTURY BAKTERII W GLEBIE ZANIECZYSZCZONEJ KADMEM

Agata Borowik, Jadwiga Wyszkowska, Magdalena Zaborowska, Jan Kucharski

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

Zanieczyszczenie gleb kadmem stanowi istotny czynnik zaburzający bioróżnorodność środowiska glebowego oraz funkcjonowanie mikrobiomu, co może prowadzić do pogorszenia jakości gleb i ograniczenia ich potencjału produkcyjnego. W łagodzeniu skutków stresu wywołanego przez ten metal ciężki ważną rolę odgrywają bakterie glebowe, których zdolności adaptacyjne mogą być modulowane przez zastosowanie dodatków organicznych, takich jak kompost, przefermentowana kora czy preparaty zawierające kwas humusowy. W niniejszych badaniach zastosowano komplementarne podejście, obejmujące analizę bakterii hodowlanych oraz niehodowlanych z wykorzystaniem metod klasycznych i sekwencjonowania NGS. Określono wskaźniki rozwoju kolonii (CD) oraz wskaźniki różnorodności ekofizjologicznej (EP) bakterii organotroficznych i promieniowców oraz alfa i beta różnorodności bakterii. Zidentyfikowano wspólne i unikalne rodzaje bakterii występujące w badanych glebach, a także określono przewidywalne funkcje metaboliczne mikroorganizmów.

Wykazano, że obecność kadmu w glebie prowadziła do ograniczenia liczebności bakterii hodowalnych oraz istotnych zmian w strukturze ich zespołów. Presja środowiskowa związana z obecnością kadmu sprzyjała zmianie strategii życiowych bakterii, przejawiającej się przesunięciem od strategii typu r do strategii typu K. Zastosowanie kwasów humusowych zwiększyło liczebność bakterii organotroficznych i promieniowców odpowiednio o 42,8% i 57,3%. Spośród badanych dodatków organicznych kompost najskuteczniej ograniczał negatywny wpływ kadmu poprzez stabilizację wskaźnika rozwoju kolonii oraz różnorodności ekofizjologicznej bakterii. Ekspozycja na kadm skutkowała również zmniejszeniem udziału bakterii należących do typu *Actinomycetota* oraz wzrostem względnej liczebności przedstawicieli typów *Pseudomonadota* i *Bacteroidota*. Zarówno obecność kadmu, jak i zastosowanie dodatków organicznych istotnie wpływały na strukturę oraz różnorodność alfa i beta bakteryjnych zespołów glebowych. Przekompostowana kora sprzyjała zwiększeniu liczebności rodzaju *Sphingomonas*, natomiast kompost zwiększał udział rodzaju *Cellulosimicrobium*. Chociaż żaden z zastosowanych dodatków organicznych nie wpłynął istotnie na ogólny wskaźnik różnorodności, kompost poprawiał równomierność oraz stabilność ekologiczną bakterii. Wykazano dominację tlenowych chemoheterotrofów uczestniczących w obiegu węgla oraz degradacji związków organicznych, przy czym kompost najefektywniej wspierał przebieg procesów biogeochemicznych.

This research was funded by the University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Faculty of Agriculture and Forestry, Department of Soil Science and Microbiology (grant No. 30.610.006-110) and was financially supported by the Minister of Science under the Regional Initiative of Excellence Program.

ROLA DOSTĘPNOŚCI WODY W KSZTAŁTOWANIU INTENSYWNOŚCI BIODEGRADACJI OLEJU NAPĘDOWEGO W GLEBIE ZAWIERAJĄCEJ MIKROPLASTIK POLISTYRENOWY

Tomasz Ciesielski, Marta Woźniak-Karczewska, Anna Parus, Łukasz Chrzanowski

Wydział Technologii Chemicznej, Politechnika Poznańska, ul. Berdychowo 4, 60-965 Poznań

Efektywność mikrobiologicznego rozkładu zanieczyszczeń organicznych w glebie jest determinowana przez szereg czynników środowiskowych, spośród których dostępność wody ma kluczowe znaczenie dla aktywności metabolicznej mikroorganizmów. Jednocześnie coraz powszechniejsza obecność mikroplastiku w ekosystemach glebowych rodzi pytania dotyczące jego potencjalnego wpływu na przebieg procesów biodegradacyjnych, szczególnie w przypadku współwystępowania z zanieczyszczeniami ropopochodnymi.

Celem pracy było określenie względnego znaczenia warunków wodnych oraz obecności mikroplastiku polistyrenowego dla mineralizacji oleju napędowego w glebie. Eksperyment prowadzono w warunkach odpowiadających trzem poziomom uwilgotnienia: stałemu punktowi więdnięcia roślin, polowej pojemności wodnej oraz pełnemu nasyceniu gleby wodą. Intensywność biodegradacji oceniano na podstawie skumulowanej produkcji CO_2, stanowiącej wskaźnik aktywności mineralizacyjnej mikroorganizmów.

Uzyskane wyniki wykazały wyraźną zależność pomiędzy poziomem uwilgotnienia a intensywnością mineralizacji. W warunkach odpowiadających stałemu punktowi więdnięcia ilość wydzielonego CO_2 pozostawała na niskim poziomie, wynosząc około 1–2 mmol. Zwiększenie dostępności wody powodowało kilkukrotny wzrost aktywności mikrobiologicznej. W wariantach odpowiadających polowej pojemności wodnej oraz pełnemu nasyceniu uzyskiwano wartości rzędu 10–12 mmol CO_2.

W porównaniu z silnym wpływem warunków wodnych efekt obecności mikroplastiku polistyrenowego był niewielki. Nie obserwowano istotnych zmian intensywności mineralizacji, które można byłoby przypisać bezpośrednio jego dodatkowi. Otrzymane wyniki wskazują, że w badanym układzie dostępność wody była podstawowym czynnikiem regulującym przebieg biodegradacji oleju napędowego, natomiast obecność mikroplastiku miała znaczenie marginalne.

Praca finansowana w ramach projektu OPUS 21 NCN nr DEC-2021/41/B/NZ9/03981.

MYKORYZA ARBUSKULARNA JAKO SELEKTYWNY FILTR MIKROBIOMU PSZENICY ZWYCZAJNEJ (*TRITICUM AESTIVUM*) I WIELOLETNIEJ PSZENICY POŚREDNIEJ (*THINOPYRUM INTERMEDIUM*)

Edyta Deja-Sikora[1], Marcin Sikora[2], Klaudia Werner[1]

[1]*Katedra Mikrobiologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu*

[2] *Instytut Studiów Zaawansowanych ICNT, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu*

Arbuskularne grzyby mykoryzowe (AMF) odgrywają istotną rolę w funkcjonowaniu roślin, wzrost oraz odporność na stresy biotyczne i abiotyczne. Nadal jednak niewiele wiadomo o ich wpływie na kształtowanie całego mikrobiomu roślinnego, obejmującego endofity grzybowe i bakteryjne. Szczególnie interesujące pozostają zależności pomiędzy rozwojem mykoryzy arbuskularnej (AM) a strukturą i różnorodnością mikroorganizmów zasiedlających endosferę roślin uprawnych, w tym pszenicy zwyczajnej i jej wieloletniego odpowiednika *Thinopyrum intermedium*, stanowiącego perspektywiczny gatunek dla rozwoju bardziej zrównoważonych systemów rolniczych.

Wcześniejsze obserwacje dotyczące mikrobiomu pszenicy zwyczajnej i *T. intermedium* wskazały na możliwość występowania zależności pomiędzy rozwojem AM a różnorodnością innych mikroorganizmów zasiedlających korzenie. Stało się to podstawą do postawienia pytania, czy AM może pełnić funkcję selektywnego filtra kształtującego mikrobiom rośliny oraz czy siła tego oddziaływania zależy od gatunku gospodarza i stopnia rozwoju symbiozy.

W celu eksperymentalnej weryfikacji tej hipotezy przeprowadzono doświadczenie w kontrolowanych warunkach, w którym porównano pszenicę zwyczajną i *T. intermedium* w układzie uwzględniającym obecność lub brak inokulacji AMF. Zestawienie kolejnych etapów rozwoju interakcji AMF–roślina umożliwiło prześledzenie zmian zachodzących w mikrobiomie w trakcie rozwoju AM oraz określenie zależności pomiędzy stopniem rozwoju symbiozy a strukturą zbiorowisk mikroorganizmów związanych z rośliną.

Charakterystykę mikrobiomu przeprowadzono z wykorzystaniem analiz amplikonów 16S rRNA i ITS obejmujących zbiorowiska bakteryjne oraz grzybowe, uzupełnionych o ocenę rozwoju mykoryzy metodami mikroskopowymi. Przeprowadzone badania pozwalają ocenić, w jakim stopniu rozwój AM wiąże się ze zmianami różnorodności i struktury mikrobiomu pszenicy, czy obserwowane zależności różnią się pomiędzy pszenicą zwyczajną i *T. intermedium* oraz które grupy mikroorganizmów mogą być szczególnie podatne na oddziaływanie AMF. Uzyskane wyniki przyczynią się do lepszego zrozumienia roli symbiozy mykoryzowej w kształtowaniu mikrobiomu roślin uprawnych oraz znaczenia tych interakcji w systemach rolnictwa wykorzystujących gatunki wieloletnie.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu MINIATURA 8: 2024/08/X/NZ9/01384.

BIOPREPARATY ZAWIERAJĄCE MIKROORGANIZMY. STAN AKTUALNY I PERSPEKTYWY STOSOWANIA W ROLNICTWIE

Mateusz Dudziak, Krystyna Cybulska

Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie
Wydział Kształtowania Środowiska i Rolnictwa
Katedra Bioinżynierii, Pracownia Mikrobiologii
Studenckie Koło Naukowe „Mikrokosmos" opiekun prof. dr hab. inż Krystyna Cybulska

Biopreparaty mikrobiologiczne dostępne obecnie na rynku zawierają najczęściej bakterie z rodzajów *Bacillus, Pseudomonas, Azotobacter i Rhizobium*, a także grzyby mikoryzowe. Ich stosowanie może przyczyniać się do poprawy struktury gleby, zwiększenia dostępności składników pokarmowych, stymulacji wzrostu roślin, ograniczenia występowania patogenów oraz poprawy jakości i wielkości plonów. Do głównych zalet tych preparatów należą przyjazność dla środowiska, możliwość ograniczenia zużycia nawozów mineralnych i środków ochrony roślin oraz pozytywny wpływ na aktywność biologiczną gleby.

Badania szczepów *Rhizobium leguminosarum* potwierdziły ich zdolność do produkcji fitohormonów, sideroforów oraz związków wspierających rozwój systemu korzeniowego i tolerancję roślin na niekorzystne warunki środowiska. Coraz większe znaczenie przypisuje się jednak preparatom opartym na konsorcjach mikroorganizmów, które mogą wykazywać większą stabilność i skuteczność działania w różnych warunkach siedliskowych. Badania nad wykorzystaniem mikrobiologicznych preparatów zawierających bakterie *Azotobacter salinestris* wykazały korzystny wpływ na aktywność biologiczną gleby oraz wzrost i plonowanie roślin. Zastosowanie preparatu zwiększało liczebność pożytecznych mikroorganizmów glebowych, poprawiało parametry mikrobiologiczne środowiska glebowego oraz przyczyniało się do uzyskania wyższych plonów ogórka zarówno w systemie integrowanym, jak i ekologicznym. Wyniki te potwierdzają, że odpowiednio dobrane biopreparaty mogą wspierać efektywność produkcji roślinnej, ograniczać zależność od nawozów mineralnych i wpisywać się w założenia rolnictwa zrównoważonego [1,2].

Przedstawiony poster stanowi przegląd aktualnie dostępnych biopreparatów zawierających mikroorganizmy stosowanych w produkcji rolniczej oraz ocenę perspektyw ich rozwoju w kontekście regeneracji gleb, ograniczania chemizacji rolnictwa i wdrażania zasad zrównoważonej produkcji żywności.

Bibliografia

[1] Panek et. al (2026). Soil microbiome as an essential player in climate change and plant health control: a review. International Agrophysics, 40(2): 221-238. https://doi.org/10.31545/intagr/217847;

[2] Kowalska et al. (2025). Effect of Azotobacter salinestris on soil microbiological parameters and cucumber yield in integrated and organic farming systems. Current Agronomy, 54: 38-45. https://doi.org/10.2478/cag-2025-0004.

WPŁYW RÓŻNYCH TYPÓW STRESU OSMOTYCZNEGO NA RÓŻNORODNOŚĆ MIKROBIOLOGICZNĄ GLEBY W UPRAWIE SOI

Karolina Furtak[1], Karolina Gawryjołek[1], Agata Młodzińska[2], Jolanta Bojarszczuk[3]

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

[2]Bioidea, ul. Bruzdowa 100J lok. 12, 02-991 Warszawa

[3]Zakład Uprawy Roślin i Jakości Plonu, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Stres osmotyczny, wynikający m.in. z niedoboru wody lub zasolenia gleby, może prowadzić do istotnych zmian w zbiorowiskach mikroorganizmów oraz ich aktywności. Reakcja mikrobiomu zależy jednak zarówno od rodzaju stresu, jak i jego intensywności oraz interakcji z rośliną. Celem doświadczenia było określenie wpływu stresu suszy i stresu zasolenia na różnorodność strukturalną oraz metaboliczną społeczności bakterii glebowych w doświadczeniu wazonowym z soją.

Doświadczenie przeprowadzono na hali wegetacyjnej IUNG-PIB z wykorzystaniem 7 kg wazonów Mitscherlicha. Stres osmotyczny wprowadzono w fazie kwitnienia soi i utrzymywano przez 14 dni. W wariancie ze stresem suszy rośliny nawadniano na poziomie 30% PPW. W wariancie ze stresem zasolenia wprowadzono doglebowo 14 mmol/kg NaCl. Kontrolę stanowiły rośliny ze stałym nawadnianiem na poziomie 60% PPW. Próbki glebowe do analiz pobrano po 7 dniach od wprowadzenia stresu. Aktywność mikroorganizmów oceniono na podstawie pomiaru aktywności dehydrogenaz (DHA, wg Casida i in., 1964) oraz potencjału metabolicznego (AWCD, Biolog EcoPlate™). Różnorodność oceniono na podstawie wyników sekwencjonowania następnej generacji (NGS) fragmentu 16S rRNA (NovaSeq6000 Illumina).

Zastosowane rodzaje stresu osmotycznego różnicowały zarówno aktywność mikrobiologiczną gleby, jak i strukturę zbiorowisk bakterii. W warunkach suszy odnotowano obniżenie aktywności dehydrogenaz, natomiast zmiany wskaźników różnorodności taksonomicznej były niewielkie. Zasolenie wiązało się ze wzrostem bogactwa i różnorodności taksonomicznej bakterii (Chao1: 195; H': 4,4) w porównaniu z kontrolą (odpowiednio 180 i 4,3), przy jednoczesnym obniżeniu bogactwa funkcjonalnego oznaczonego metodą EcoPlate. W strukturze zbiorowisk dominowały m.in. rodzaje *Kaistobacter*, *Rhodoplanes*, *Streptomyces*, *Solirubrobacter* i *Nocardioides*. Szczególnie wyraźną odpowiedź na stres wykazywał *Pseudomonas*, którego udział wzrósł z 0,9% w kontroli do 1,4% podczas suszy i 2,5% w warunkach zasolenia. Odmienną reakcję obserwowano dla *Candidatus Nitrososphaera*, którego udział zmniejszył się z 3,5% w kontroli do 1,4% podczas suszy i 1,8% przy zasoleniu.

Wyniki wskazują, że odpowiedź mikrobiomu gleby zależy od rodzaju stresu osmotycznego, a zmiany różnorodności taksonomicznej nie muszą przebiegać równolegle ze zmianami potencjału funkcjonalnego mikroorganizmów.

Opracowanie powstało w ramach realizacji projektu nr LIDER14/0250/2023, OSMO-PROTECT finansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju.

AKTYWNOŚĆ ENZYMATYCZNA GLEB W STREFIE ODDZIAŁYWANIA KOPALNI WĘGLA KAMIENNEGO BOGDANKA

Barbara Futa[1], Marta Bik-Małodzińska[1], Magdalena Myszura-Dymek[1], Grażyna Żukowska[1], Kamila Rybczyńska-Tkaczyk[2]

[1]*Instytut Gleboznawstwa, Inżynierii i Kształtowania Środowiska*
[2]*Katedra Mikrobiologii Środowiskowej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie*

Górnictwo węgla kamiennego prowadzone metodą głębinową należy do działalności silnie przekształcającej środowisko glebowe. Eksploatacja złoża prowadzi do subsydencji terenu, zmian w reżimie wodnym, zaburzeń struktury gleby, utraty materii organicznej, zmian wilgotności, obniżenia aktywności enzymatycznej, spadku bioróżnorodności gleby oraz akumulacji zanieczyszczeń, co w konsekwencji ogranicza funkcje produkcyjne i ekosystemowe gleb w obszarach górniczych. W takich warunkach klasyczna charakterystyka właściwości chemicznych gleb często nie wystarcza do pełnej oceny ich jakości. Konieczne jest uzupełnienie jej o wskaźniki biologiczne, które reagują na łączny efekt stresorów fizykochemicznych i odzwierciedlają rzeczywiste zagrożenie dla organizmów glebowych i ekosystemów.

Celem niniejszej pracy była ocena aktywności enzymatycznej gleb pobranych z terenu oddziaływania Kopalni Lubelski Węgiel Bogdanka S.A., jako pośredniego wskaźnika stanu bioróżnorodności środowiska glebowego. Uzyskane wyniki wniosą wkład w lepsze zrozumienie wpływu górnictwa węgla kamiennego na jakość gleb oraz ich funkcje biologiczne, co jest istotne z punktu widzenia strategii rekultywacji i ochrony bioróżnorodności w zdegradowanych krajobrazach górniczych.

Materiał glebowy pobrano z siedmiu wytypowanych stanowisk reprezentujących zróżnicowane formy użytkowania terenu w strefie oddziaływania kopalni, z głębokości 0–20 cm. W pobranych próbkach gleby oznaczono aktywność dehydrogenaz, ureazy oraz fosfatazy kwaśnej i fosfatazy zasadowej metodami kolorymetrycznymi, a także podstawowe parametry fizykochemiczne: pH_{KCl}, całkowitą zawartość węgla organicznego (TOC) i azotu ogólnego (TN). Uzyskane wyniki poddano analizie statystycznej w celu stwierdzenia zależności między aktywnością enzymatyczną a parametrami fizykochemicznymi gleb oraz sposobem użytkowania terenu.

Uzyskane dane pozwoliły ocenić stan biochemiczny gleb o różnym użytkowaniu, narażonych na antropopresję górniczą, oraz zidentyfikować enzymy i lokalizacje najbardziej wrażliwe na zmiany warunków glebowych wywołane działalnością kopalni. Aktywność dehydrogenaz, ureazy i fosfataz wykazywała zróżnicowanie zależne od rodzaju użytkowania terenu i pH_{KCl}, nie stwierdzono natomiast korelacji pomiędzy aktywnością badanych enzymów glebowych a zawartością TOC i TN. Fosfataza kwaśna wykazywała wyższą aktywność niż fosfataza zasadowa na wszystkich stanowiskach, co wynika z na ogół kwaśnego odczynu badanych gleb. Uzyskane wyniki potwierdzają istotny wpływ odczynu gleby i sposobu użytkowania terenu na aktywność enzymatyczną gleb w strefie oddziaływania Kopalni Węgla Kamiennego Bogdanka. Zróżnicowanie aktywności enzymatycznej między siedliskami wskazuje na odmienny poziom bioróżnorodności środowiska glebowego w zależności od formy użytkowania terenu, przy czym siedliska o większej wilgotności i wyższych wartościach pH sprzyjały większej aktywności biologicznej i potencjalnie wyższej różnorodności funkcjonalnej mikroorganizmów w glebach. Przeprowadzone badania mogą stanowić podstawę do dalszego monitoringu środowiskowego terenów sąsiadujących z kopalnią węgla kamiennego oraz oceny skutków działalności przemysłu wydobywczego dla funkcjonowania różnych typów ekosystemów glebowych.

Praca została wykonana w ramach projektu badawczego nr 57/2026/D/OP finansowanego przez Wojewódzki Fundusz Ochrony Środowiska i Gospodarki Wodnej w Lublinie (WFOŚiGW).

NAWOZY WZBOGACONE MIKROBIOLOGICZNIE SZANSA DLA ROLNICTWA I ZDROWIA GLEBY

Anna Gałązka[1*], Małgorzata Woźniak[1], Anna Marzec-Grządziel[1], Jarosław Ciepiel[1], Aleksandra Ukalska-Jaruga[2], Marta Wyzińska[3]

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

[1]Zakład Mikrobiologii

[2]Zakład Gleboznawstwa i Analiz Środowiskowych

[3]Zakład Uprawy Roślin i Jakości Plonu

[*]agalazka@iung.pulawy.pl

Nawozy wzbogacone mikrobiologicznie (bionawozy) mają kluczowe znaczenie dla środowiska, zarówno pod kątem ochrony i zwiększenia bioróżnorodności środowiska glebowego oraz zdrowia gleby, jak również w kontekście zmniejszenia nawożenia mineralnego. Obecnie rynek i dystrybucja preparatów mikrobiologicznych skupiony jest głównie na produktach mikrobiologicznych zawierających wyłącznie mikroorganizmy jak również na różnego rodzaju biostymulatorach i środkach poprawiających właściwości gleby. Tendencja ta wynika z faktu, iż dobór odpowiedniego komponentu mikrobiologicznego do otoczkowania granuli nawozowych jest dość skomplikowany i wymaga szeregu badań. Tego typu bionawozy mogą stanowić naturalną alternatywę dla nawozów mineralnych, które stosowane w nadmiarze mogą powodować zmniejszenie bioróżnorodności gleb, prowadzić do eutrofizacji wód i zanieczyszczenia gleb. Stosowanie nawozów wzbogaconych mikrobiologicznie wspiera rozwój zrównoważonego rolnictwa, poprawia aktywność biologiczną gleby oraz jej żyzność, jak również zwiększa efektywność pobierania składników pokarmowych przez rośliny oraz wspomaga ogólny wzrost i rozwój roślin, przy jednoczesnej ochronie zasobów naturalnych. Zastosowanie bionawozów w rolnictwie może przyczynić się do zrównoważonego zarządzania ekosystemami rolniczymi i ich wykorzystaniu w sposób zapewniający zachowanie różnorodności biologicznej, produktywności, zdolności regeneracyjnych, witalności i zdolności do optymalnego funkcjonowania.

Głównym celem projektu jest optymalizacja doboru mikroorganizmów (bakterii promujących wzrost roślin) oraz komponentów otoczki granul nawozowych w celu poprawy żyzności gleb i plonu roślin w uprawie roślin. Badania te będą prowadzone w celu określenia tzw. dobrych praktyk poprawy żyzności i aktywności biologicznej gleby w gospodarstwach zarówno ekologicznych jak i konwencjonalnych.

Badania finansowane w ramach Programu pn. „Inkubator Rozwoju" w ramach ustanowionego przez Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego projektu pozakonkursowego pn. „SCIENCE4BUSINESS-NAUKA DLA BIZNESU", współfinansowanego ze środków Unii Europejskiej „Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki na lata 2021-2027". Projekt nr I-187/S4B/IR/IUNG

ENDOFITY GRZYBOWE O WYSOKIM POTENCJALE W PROMOWANIU WZROSTU ROŚLIN I OGRANICZENIU ROZWOJU PATOGENÓW DO ZASTOSOWANIA W ROLNICTWIE I OCHRONIE ROŚLIN

Anna Gałązka[1*], Małgorzata Woźniak[1], Anna Marzec-Grządziel[1], Katarzyna Wiejak[1], Monika Kozieł[1], Emilia Grzęda[1], Łukasz Pecio[2], Jolanta Bojarszczuk[3]

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

[1]Zakład Mikrobiologii

[2]Zakład Fitochemii

[3]Zakład Uprawy Roślin i Jakości Plonu

[*]agalazka@iung.pulawy.pl

Współczesne rolnictwo stoi przed koniecznością wdrażania rozwiązań zgodnych z zasadami zrównoważonego rozwoju, obejmujących ograniczenie stosowania syntetycznych środków ochrony roślin oraz nawozów mineralnych przy jednoczesnym utrzymaniu wysokiej produktywności upraw. W tym kontekście coraz większe znaczenie zyskują innowacyjne biopreparaty oparte na mikroorganizmach pożytecznych, które wspierają wzrost, rozwój i odporność roślin. Jedną z najbardziej perspektywicznych grup mikroorganizmów są endofity grzybowe, naturalnie zasiedlające tkanki roślinne bez wywoływania objawów chorobowych, a jednocześnie zdolne do indukowania mechanizmów obronnych i stymulowania procesów fizjologicznych roślin. Endofity grzybowe wykazują wielokierunkowe działanie: wspomagają pobieranie składników pokarmowych, syntetyzują fitohormony (m.in. auksyny, gibereliny, cytokininy), zwiększają odporność roślin na stresy środowiskowe oraz ograniczają rozwój patogenów poprzez konkurencję o zasoby, wydzielanie metabolitów o działaniu antagonistycznym czy indukowanie odporności systemicznej.

Celem niniejszego projektu jest opracowanie innowacyjnego preparatu mikrobiologicznego zawierającego wyselekcjonowane szczepy endofitów grzybowych o wysokim potencjale w promowaniu wzrostu roślin i ograniczaniu rozwoju patogenów. Realizacja projektu obejmuje charakterystykę funkcjonalną szczepów endofitycznych, ocenę ich właściwości biostymulujących i bioprotekcyjnych w warunkach *in vitro* oraz *in planta*, a także opracowanie optymalnej formulacji preparatu umożliwiającej jego skuteczne zastosowanie w praktyce rolniczej. W wyniku realizacji zadań zaplanowanych w niniejszym projekcie zostaną opracowane i przygotowane do wdrożenia produkty mikrobiologiczne zawierające endofity grzybowe oraz bakterie promujące wzrost roślin o wysokim potencjale agrobiotechnologicznym.

Badania finansowane w ramach Programu pn. „Inkubator Rozwoju" w ramach ustanowionego przez Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego projektu pozakonkursowego pn. „SCIENCE4BUSINESS-NAUKA DLA BIZNESU", współfinansowanego ze środków Unii Europejskiej „Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki na lata 2021-2027".
Projekt nr I-192/S4B/IR/IUNG

ANALIZA MICROBIOMU I PROFILU METABOLICZNEGO RYZOSFERY I ENDORYZOSFERY WYBRANYCH ODMIAN PSZENICY JAREJ

Anna Gałązka*, Anna Marzec-Grządziel

[1]*Zakład Mikrobiologii, Instytut Uprawy Nawożenie i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy*

**agalazka@iung.pulawy.pl*

Mikrobiom związany z systemem korzeniowym roślin odgrywa istotną rolę w kształtowaniu wzrostu i rozwoju roślin, dostępności składników pokarmowych oraz ich odporności na czynniki biotyczne i abiotyczne. Szczególne znaczenie przypisuje się ryzosferze i endoryzosferze, które stanowią odrębne środowiska selekcjonujące specyficzne zespoły mikroorganizmów. Celem badań było określenie zróżnicowania mikrobiomu oraz profilu metabolicznego ryzosfery i endoryzosfery wybranych odmian pszenicy jarej (*Triticum aestivum* L.) oraz ocena wpływu genotypu rośliny na strukturę i potencjalną funkcjonalność społeczności mikroorganizmów związanych z korzeniami wybranych odmian pszenicy jarej.

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

Analizy wykazały wyraźne zróżnicowanie struktury społeczności mikroorganizmów pomiędzy ryzosferą i endoryzosferą, wskazując na silną selekcję mikroorganizmów przez system korzeniowy. Stwierdzono również różnice w składzie mikrobiomu związane z genotypem badanych odmian pszenicy. Zróżnicowaniu mikrobiologicznemu towarzyszyły zmiany profilu metabolicznego, obejmujące m.in. związki związane z przemianami węgla i azotu, metabolizmem aminokwasów oraz biosyntezą i wykorzystaniem związków organicznych obecnych w środowisku korzeniowym. Uzyskane wyniki wskazują, że odmiana pszenicy może wpływać nie tylko na strukturę mikrobiomu, lecz także na funkcjonalne właściwości środowiska ryzosferowego i endoryzosferowego. Najwyższym zróżnicowanie bioróżnorodności strukturalnej charakteryzowały się odmiany pszenicy Kuiavia, Samopsza oraz Płaskurka Ciemna. Badania potwierdzają znaczenie interakcji roślina–mikrobiom w kształtowaniu środowiska korzeniowego pszenicy jarej.

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

ZALETY I WADY STOSOWANIA MIKROBIOLOGICZNYCH ŚRODKÓW OCHRONY ROŚLIN

Karolina Gawryjołek, Karolina Furtak

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

W dobie postępu technologicznego oraz rosnącej świadomości ekologicznej wzrasta stosowanie w ochronie upraw produktów pochodzenia naturalnego. Chęć zastąpienia tradycyjnych herbicydów wiąże się nie tylko z troską o bioróżnorodność i ochronę środowiska, ale także z potrzebą uzyskiwania wysokiej jakości plonów, które sprostają oczekiwaniom współczesnego konsumenta. Mikrobiologiczne środki ochrony roślin (MŚOR) stanowią szczególną grupę preparatów ze względu na ich skład. Zawierają żywe, pożyteczne mikroorganizmy (bakterie, grzyby, wirusy) lub ich metabolity, które są skuteczne w zwalczaniu chorób i szkodników. Ich działanie pol[1]ega na wykorzystaniu naturalnych mechanizmów biologicznych, które ograniczają rozwój patogenów i agrofagów. Podstawową zaletą mikrobiologicznych środków ochrony roślin jest bezpieczeństwo stosowania. Są one nieszkodliwe dla ludzi oraz zwierząt i stanowią alternatywę dla tradycyjnych, chemicznych preparatów. Dzięki ich stosowaniu zmniejsza się ryzyko akumulacji szkodliwych substancji w roślinach, co wpływa na jakość plonów. Ponadto działają selektywnie na danego szkodnika, nie zaburzając równowagi biologicznej w ekosystemach. Dodatkowym atutem mikrobiologicznych środków ochrony roślin jest ich działanie na wielu płaszczyznach. Niektóre preparaty zawierają drobnoustroje, które wspierają naturalny mikrobiom gleby, stymulują wzrost oraz pobieranie składników pokarmowych przez rośliny, co przekłada się na plonowanie. Stosowanie mikrobiologicznych środków ochrony roślin wiąże się także z pewnymi ograniczeniami. Ich działanie zależy od warunków środowiskowych, w jakich zostały zastosowane oraz prawidłowego przechowywania. Zastosowanie przy nieodpowiednich warunkach pogodowych drastycznie zmniejsza skuteczność ochrony. Nie można łączyć ich z chemicznymi preparatami, co wymusza zachowanie odstępów czasu pomiędzy różnymi zabiegami. Termin ważności mikrobiologicznych środków ochrony roślin jest znacznie krótszy niż preparatów chemicznych. Po jego upływie skuteczność produktów znacznie spada, co jest wynikiem zmniejszenia się liczebności pożytecznych mikroorganizmów wchodzących w skład preparatu. Mikrobiologiczne środki ochrony roślin działają wolniej niż preparaty chemiczne, a ich skuteczność jest najwyższa we wczesnych stadiach infekcji oraz w zabiegach profilaktycznych.

Opracowanie powstało w ramach finansowania ze środków Unii Europejskiej w ramach Działania 2.5 Programu „Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki na lata 2021–2027" w ramach projektu „Science4Business – Nauka dla Biznesu"- Zadanie nr 1 „Inkubator Rozwoju" Umowa nr I-189/S4B/IR/IUNG

WPŁYW NAWOŻENIA AZOTOWEGO NA OBFITOŚĆ GENU *AMOA* I STRUKTURĘ MIKROORGANIZMÓW NITRYFIKACYJNYCH W GLEBIE SPOD UPRAWY RZEPAKU

Weronika Goraj[1], Patrycja Śliwka[1], Agnieszka Kuźniar[1], Katarzyna Kagan[1], Anna Kruczyńska[1], Jacek Podlewski[2], Agnieszka Wolińska[1]

[1]Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin, e-mail: weronika.goraj@kul.pl
[2]CGFP SP. Z O.O., Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

Gleba jest złożonym ekosystemem, w którym mikroorganizmy odgrywają istotną rolę w przemianach azotu. Szczególne znaczenie mają mikroorganizmy uczestniczące w nitryfikacji, posiadające gen *amoA*, związany z utlenianiem amoniaku. Celem pracy była analiza zmienności ilościowej genu *amoA* w kontekście poszukiwania wskaźników jakości gleb spod uprawy rzepaku.

Materiał stanowiły próbki gleby pobrane przed siewem i po zbiorze rzepaku z pól nawożonych różnymi dawkami azotu. Wyizolowane DNA poddano analizie jakościowej, a następnie metodą qPCR określono obfitość genów 16S rRNA i *amoA*. Przeprowadzono również analizę struktury mikroorganizmów nitryfikacyjnych.

Wyniki wykazały wpływ terminu poboru próbek oraz poziomu nawożenia azotowego na obfitość badanych genów, która była wyższa po zbiorze rzepaku. Wśród mikroorganizmów potencjalnie zaangażowanych w utlenianie amoniaku przed siewem dominował rodzaj *Candidatus Nitrocosmicus*, natomiast po zbiorze *Nitrospira*.

Badania sfinansowane w ramach projektu „Innowacyjny system zarządzania produkcją roślinną ze szczególnym uwzględnieniem optymalizacji pracy maszyn, nawożenia oraz ochrony bioróżnorodności gleb eksploatowanych rolniczo", w ramach Europejskiego Funduszu Rolnego na rzecz Rozwoju Obszarów Wiejskich PROW 2014–2020 Działanie 16 „Współpraca".

WPŁYW SPOSOBÓW UZDATNIANIA POFERMENTU Z BIOGAZOWNI NA WŁAŚCIWOŚCI GLEBY I PLON SORGO

Elżbieta Harasim[1], Cezar A. Kwiatkowski[1], Justyna Kujawska[2]

[1]*Katedra Herbologii i Technik Uprawy Roślin, Wydział Agrobioinżynierii, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie*

[2]*Katedra Konwersji Biomasy i Odpadów w Biopaliwa, Wydział Inżynierii Środowiska, Politechnika Lubelska*

W kontekście rosnących wyzwań związanych ze zmianami klimatu i degradacją środowiska, koncepcja gospodarki o obiegu zamkniętym ma ogromne znaczenie. Rolnictwo odgrywa najważniejszą rolę w gospodarowaniu pozostałościami fermentacyjnymi i kompostowymi, które są najpopularniejszymi metodami gospodarowania odpadami organicznymi. Celem badań było określenie wpływu pofermentu z biogazowni, a także jego kombinacji z biowęglem i zeolitem, na właściwości gleby, plon sorgo i akumulację metali ciężkich w glebie. Doświadczenie przeprowadzono na polu doświadczalnym w Gospodarstwie Doświadczalnym Czesławice (woj. lubelskie), w latach 2022–2023. W badaniu wykorzystano poferment pochodzący z Biogazowni Piaski. Do produkcji pofermentu wykorzystano takie surowce, jak kiszonka kukurydziana (70%), wysłodki buraczane (15%), wytłoki owocowe (5%), odpady mleczarskie (5%) i obornik (5%). Proces technologiczny odbywał się w warunkach mezofilowych, w temperaturze około 35–40°C. W eksperymencie wykorzystano biowęgiel wyprodukowany przez Fluid S.A. (Polska). Materiał ten został uformowany poprzez szybką pirolizę w temperaturze 300°C. Proces przeprowadzono na zrębkach sosnowych i świerkowych. Wartość kaloryczna biowęgla została określona na 25 $MJ \cdot kg^{-1}$. Zdolność produkcyjna instalacji wynosiła 24 m^3 zrębków na godzinę, co odpowiada produkcji do 2 mg biowęgla na godzinę na jednostkę. Naturalny zeolit pochodził ze złoża Dylgówka (Polska) i stanowił materiał klinoptylolitowy, który powstał w wyniku laboratoryjnej obróbki iłu klinoptylolitowo-montmorylonitowego. Sorgo zebrano pod koniec września w fazie dojrzałości mlecznej (po 160 dniach wegetacji BBCH 73-77), przy wysokości ścierniska wynoszącej około 10 cm. Próbki do oznaczeń laboratoryjnych pobrano z powierzchni 1 m2 każdej poletka, w 3 powtórzeniach (odpowiadających około 8 do 10 roślinom sorgo). Próbki zważono w stanie świeżym, a następnie wysuszono w hali wegetacyjnej do stanu suchej masy wynoszącego około 13%.

W badaniach wykazano, że wprowadzenie pofermentu zwiększyło zawartość materii organicznej, poprawiło dostępność składników odżywczych (azotu, fosforu, potasu) i poprawiło pH gleby. Dowiedziono, że dodatek biowęgla wspomaga stabilizację składników odżywczych i ogranicza biodostępność metali ciężkich. Stwierdzono również, że zeolit zwiększa zawartość minerałów w glebie, ale jednocześnie może powodować niewielki wzrost zawartości sodu i metali ciężkich. Najwyższą produkcję biomasy sorgo uzyskano w glebach z pofermentem z biogazowni i biowęglem (ok. 5,4 kg m^2 świeżej masy), podczas gdy dodatek zeolitu zmniejszył plon sorgo (o ok. 9%). Jest to zczególnie istotne w przypadku gleb ubogich w minerały. Dlatego badanie potwierdziło, że naturalne dodatki mają różny wpływ na glebę. Wykorzystanie odpadów w rolnictwie wymaga monitorowania jakości gleby i rozsądnego doboru dodatków do odpadów organicznych. Na podstawie wyników eksperymentalnych zaleca się stosowanie pofermentu w dawce 5% w/w w połączeniu z 1% w/w biowęglem, co dało najkorzystniejsze rezultaty pod względem plonu biomasy i poprawy jakości gleby. Mieszanka ta zwiększyła zawartość stabilnego węgla organicznego i zmniejszyła biodostępność metali ciężkich, jednocześnie wspierając wysoką produktywność roślin. Natomiast dodatek zeolitu zwiększył poziom sodu w glebie. Wyniki wskazują na potencjał tych dodatków w promowaniu zrównoważonego rolnictwa i gospodarki o obiegu zamkniętym.

Badania zostały dofinansowane z zadania zleconego „Sieć Uczelni Technicznych VIA CARPATIA im. Prezydenta RP Lecha Kaczyńskiego" w ramach dotacji celowej Ministra Edukacji i Nauki, nr umowy MEiN/2022/DPI/2575, w ramach działania „W sąsiedztwie – międzyuczelniane staże naukowe i wizyty studyjne".
Badania były współfinansowane przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego: FD-20/IS-6/019, FD-20/IS-6/003 oraz SUBB.WRU.19.029.RiO

MYKOTOKSYNY W HODOWLACH GRZYBÓW *FUSARIUM* SPP. I *TRICHODERMA* SPP. WYIZOLOWANYCH Z NASION I RYZOSFERY PSZENICY, ŻYTA I GROCHU

Jolanta Jaroszuk-Ściseł, Artur Nowak, Kajetan Ślarzyński, Daniel Lechoszest

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

Środowisko glebowe, zarówno ryzosfera jak endoryzosfera, ale także gleba wolna od korzeni, zasiedlone są przez liczne mikroskopowe grzyby mykotoksynotwórcze.

Rzadko zwraca się uwagę na fakt, że toksyny mogą wytwarzać nie tylko powszechnie znane fitopatogeny takie, jak *Fusarium* spp. ale także grzyby uznawane za promujące wzrost roślin, do których zaliczamy *Trichoderma* spp. Mykotoksyny gromadzić się mogą w żywych roślinach oraz w przechowywanym materiale roślinnym a także w resztkach roślinnych dostających się do gleby, jak również w grzybni rozwijającej się zarówno w glebie jak i w roślinach. Bardzo ważne jest szybkie wykrywanie zagrożeń mykotoksynami i rozwijanie szybkich i tanich przesiewowych metod detekcji, do których należy paskowa metoda immunochromatograficzna (ang. Lateral Flow Assay - LFA).

Celem badań było wykazanie obecności mykotoksyny z grupy trichotecenów deoksyniwalenolu (DON) oraz zearalenonu (ZEA) i sumy toksyn T-2 i HT-2 w ziarnie zbóż (pszenica, żyto) oraz grzybni kilku gatunków grzybów *Fusarium* i *Trichoderma*.

W testach wykorzystano szczepy pochodzące z: (A) pszenicy - *Fusarium culmorum* (DEMFc37), *F. graminearum* i *F. oxysporum* DEMFo38, (B) żyta - *F. culmorum* (DEMFc2, DEMFc5) i *Trichoderma koningiopsis,* (C) grochu - *F. solani*, *F. oxysporum* DEMFoG303 oraz *Trichoderma atroviride, T. harzianum, T. velutinum* i *T. virens*.

Zawartość toksyn określono metodą LFA w materiale suchym i uwilgotnionym (RH 60%), inkubowanym krótkoterminowo (1 miesiąc) i długoterminowo (12 miesięcy) w trzech wariantach termicznych (10°C, 20°C, 28°C) wykorzystując do odczytu pasków sprzęt i oprogramowanie S-Flow Prognosis Biotech Reader, Lateral Logic.

W ziarnie inokulowanym dokłosowo szczepami *F. culmorum* najwyższe stężenie DON wykrywano po inokulacji szczepem fitopatogenicznym DEMFc37 a najwyższe stężenie toksyny T-2 i HT-2 po inokulacji szczepami niepatogenicznymi DEMFc2 i DEMFc5. DON wykrywano w ziarnie obu zbóż (pszenica, żyto) jak i grzybni uzyskanych z hodowli *in vitro* inokulowanych zarówno szczepami *Fusarium* spp. jak i *Trichoderma* spp. Zawartość DON po długoterminowej inokulacji była zwykle wyższa niż po krótkoterminowej. Najwyższą zawartość DON wykryto w ziarnie i grzybni uzyskanym z hodowli szczepu *T. virens* DEMTvG38. W większości analizowanych przypadków wyższe stężenie DON wykrywano w ziarnie niż w grzybni i wyższe w ziarnie pszenicy (najwyższe 1290 ppb) niż żyta (najwyższe 1113 ppb).

Uzyskane wyniki wskazują na potrzebę monitorowania zawartości mykotoksyn w środowiskach skolonizowanych przez grzyby *Fusarium* spp. jak i *Trichoderma* spp. oraz wyjaśnienia różnic i podobieństw przebiegu szlaków, mechanizmów i uwarunkowań środowiskowych syntezy toksyn przez te grzyby.

Badania wykonano w ramach badań sfinansowanych z subwencji statutowej UMCS 2025

CHARAKTERYSTYKA FUNKCJONALNA SZCZEPÓW *BACILLUS* W KONTEKŚCIE WSPOMAGANIA WZROSTU PSZENICY I ANTAGONIZMU WOBEC *FUSARIUM*

Anna Jasińska, Sylwia Guzek, Daria Siemko, Krzysztof Boczar, Przemysław Bernat

Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki

Bakterie z rodzaju *Bacillus* są ważnym elementem mikrobiomu roślin i mogą ograniczać rozwój fitopatogenów oraz wspierać wzrost roślin, dlatego stanowią potencjalne narzędzie biologicznej ochrony w zrównoważonym rolnictwie. Celem badań była funkcjonalna charakterystyka wybranych szczepów *Bacillus* ze szczególnym uwzględnieniem ich aktywności przeciwgrzybiczej wobec *Fusarium* spp. oraz wpływu inokulacji bakteryjnej na wzrost pszenicy (*Triticum aestivum* L.).

Aktywność antagonistyczną oceniano wobec *F. culmorum* DSM 1094 oraz *F. sambucinum* IM 6525 i 102 w hodowlach kontaktowych, a wpływ lotnych metabolitów bakteryjnych analizowano w układach dwukomorowych, uniemożliwiających bezpośredni kontakt mikroorganizmów i migrację metabolitów w podłożu. Oznaczano wybrane cechy związane z promowaniem wzrostu roślin (produkcję biosurfaktantów, IAA i sideroforów). W doświadczeniach roślinnych oceniano wpływ *Bacillus* sp. Kol B9 na wzrost pszenicy w glebie inokulowanej szczepami *Fusarium*.

Badane szczepy *Bacillus* wykazywały zróżnicowaną aktywność przeciwgrzybiczą. Najsilniejszym antagonistą był szczep Kol B9, który w hodowli kontaktowej istotnie ograniczał wzrost wszystkich badanych szczepoów *Fusarium*. W układach dwukomorowych lotne związki wytwarzane przez *Bacillus* nie powodowały wyraźnego ograniczenia powierzchni kolonii *Fusarium*, wpływały jednak na cechy morfologiczne grzybni, w tym na intensywność sporulacji. Większość analizowanych szczepów produkowała także IAA, siderofory oraz biosurfaktanty, w tym surfaktynę i iturynę, co potwierdza ich zróżnicowany potencjał funkcjonalny. W doświadczeniu glebowym z *Fusarium* zastosowanie *Bacillus* sp. Kol B9 modyfikowało odpowiedź pszenicy w sposób zależny od szczepu patogenu i analizowanego parametru; najbardziej wyraźny efekt dotyczył *F. culmorum* DSM 1094, gdzie długość pędów wzrosła z 13,9 do 18,2 cm w porównaniu z wariantem zawierającym wyłącznie patogen.

Uzyskane wyniki wskazują, że badane szczepy *Bacillus* różnią się profilem funkcjonalnym, a ich potencjał aplikacyjny wynika z połączenia bezpośredniego antagonizmu wobec *Fusarium* z możliwością modulowania wzrostu pszenicy. Szczególnie istotne jest dalsze określenie zależności pomiędzy mechanizmem działania konkretnego szczepu *Bacillus*, gatunkiem *Fusarium* i odpowiedzią rośliny w warunkach glebowych.

Praca finansowana w ramach projektu OPUS 20 NCN nr DEC- 2020/39/B/NZ9/00471

.

POSZUKIWANIE ENZYMÓW O POTENCJALE BIOREMEDIACYJNYM – BADANIA NAD BAKTERIAMI Z RODZAJU *STREPTOMYCES*

Katarzyna Kozak, Otton K. Roubinek, Jolanta Janiszewska

Sieć Badawcza Łukasiewicz – Instytut Chemii Przemysłowej imienia prof. Ignacego Mościckiego

Zanieczyszczenie środowiska stanowi obecnie jedno z największych zagrożeń cywilizacyjnych, przyczyniając się nie tylko do degradacji ekosystemów, ale i negatywnie wpływając na zdrowie człowieka. Niektóre organizmy wykształciły jednak mechanizmy umożliwiające rozkład określonych grup związków chemicznych do form o mniejszej toksyczności. Szczególnie interesującymi pod względem wykorzystania w procesach bioremediacji drobnoustrojami są bakterie z rodzaju *Streptomyces*. Produkowane przez te mikroorganizmy enzymy z klasy hydrolaz katalizują bowiem rozkład wielu złożonych związków organicznych i nieorganicznych, wspomagając tym samym procesy usuwania wybranych zanieczyszczeń ze środowiska. Dotychczas pod względem zastosowania w bioremediacji scharakteryzowano jednak tylko nieliczne szczepy *Streptomyces*. Dalsze badania w tym zakresie mogą przyczynić się m.in. do opracowania bardziej efektywnych strategii usuwania określonych grup zanieczyszczeń ze środowiska.

Celem pracy było określenie, czy wybrane szczepy *Streptomyces* wydzielają enzymy hydrolityczne. Badania przeprowadzono z wykorzystaniem pożywek zawierających substraty umożliwiające wykrycie aktywności proteo- i/lub lipolitycznej. Obserwacja zmian zachodzących w podłożu, takich jak powstawanie stref przejaśnień lub pojawienie się strefy zmętnienia wokół kolonii, stanowiła podstawę do wskazania szczepów produkujących hydrolazy.

Wszystkie badane szczepy *Streptomyces* wykazywały aktywność hydrolityczną. Wielkość obserwowanych stref przejaśnień i/lub zmętnienia była zróżnicowana, co wskazuje, że wybrane izolaty produkują różne enzymy lub enzymy o różnej sile działania. Dalsze prace będą koncentrować się na izolacji, oczyszczaniu oraz charakterystyce wybranych hydrolaz. Rozważona zostanie również możliwość ich komercyjnego zastosowania, w tym wykorzystania w procesach bioremediacji.

WIELOFUNKCYJNY POTENCJAŁ BAKTERII Z RODZAJU *RHIZOBIUM* W BIOSTYMULACJI WZROSTU I ROZWOJU ROŚLIN

Monika Kozieł

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

W ciągu ostatnich kilku dekad nastąpił globalny wzrost wykorzystania pożytecznych mikroorganizmów glebowych, takich jak *Rhizobium* spp., w zrównoważonym rolnictwie. Wynika to ze szkodliwego wpływu nawozów mineralnych i pestycydów na środowisko przyrodnicze. Od ponad wieku prowadzone są badania nad symbiozą zachodzącą pomiędzy bakteriami z rodziny *Rhizobiaceae*, a roślinami bobowatymi (*Fabiaceae*). Wiedza na temat tego zjawiska jest fundamentem współczesnej agronomi oraz mikrobiologii roślin i środowiska glebowego. Poza pozytywnym wpływem *Rhizobium* spp. na wzrost i plonowanie roślin bobowatych liczne badania potwierdzają istotne znaczenie tych bakterii w uprawie innych roślin, tj. kukurydza, ryż, jęczmień, słonecznik, rzodkiewka. Stymulacja wzrostu roślin przez ryzobia odbywa się poprzez mechanizmy bezpośrednie i pośrednie. Pierwszy z nich polega na ułatwieniu pobierania związków mineralnych (azotu, fosforu, żelaza), produkcji fitohormonów i redukowaniu poziomu etylenu. Z kolei stymulacja pośrednia opiera się na zwiększeniu zdrowotności rośliny poprzez wydzielanie odpowiednich związków (witaminy, cyjanowodór), jak i hamowanie rozwoju patogenów roślinnych (wydzielanie antybiotyków, enzymów litycznych). Dokładne poznanie i zrozumienie mechanizmów stymulowania wzrostu roślin przez te bakterie pozwala złagodzić skutki działania wielu czynników stresogennych. Przekłada się to bezpośrednio na wyższą produktywność roślin uprawnych.

Opracowanie wykonano w ramach tematu badawczego 1.18 pt. Ocena właściwości i praktycznego wykorzystania bakterii z rodzaju Rhizobium i Bradyrhizobium jako komponentów produktów mikrobiologicznych realizowanego w ramach podprogramu 1 działalności statutowej IUNG-PIB.

KOLEKCJA DYNAMF JAKO PLATFORMA DEPONOWANIA I WYKORZYSTANIA ŚRODOWISKOWYCH MIKROORGANIZMÓW DLA ROLNICTWA

Anna Łasica[1], Anna-Karina Kaczorowska[2], Justyna Nasiłowska[3], Julia Rydz[4], Bartłomiej Starzyński[4], Namrata Joshi[4], Łukasz Drewniak[4]

[1]Kolekcja Kultur Mikroorganizmów, Pracownie i Kolekcje Wydziału, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

[2]Centrum Nauk Biologiczno- Chemicznych, Uniwersytet Warszawski

[3]Kolekcja Kultur Drobnoustrojów Przemysłowych, Zakład Mikrobiologii, Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego – Państwowy Instytut Badawczy, Warszawa

[4]Laboratorium Mikrobiologii Rolniczej i Przemysłowej, Instytut Bioinżynierii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

Rozwój biologicznych rozwiązań dla rolnictwa wymaga nie tylko pozyskiwania nowych mikroorganizmów o pożądanych właściwościach, lecz także ich trwałego zabezpieczenia, standaryzacji informacji oraz przejrzystych zasad dalszego wykorzystania. W odpowiedzi na te potrzeby w ramach inicjatywy DynaMF – Dynamiczne Nawozy Mikrobiologiczne rozwijana jest Kolekcja DynaMF, której celem jest gromadzenie i udostępnianie środowiskowych szczepów mikroorganizmów o potencjalnym znaczeniu dla regeneracji gleb, bioremediacji, wspomagania wzrostu roślin oraz ograniczania wykorzystania agrochemikaliów. Model Kolekcji integruje laboratoria pozyskujące izolaty, HUB odpowiedzialny za zarządzanie szczepami i danymi oraz repozytorium zapewniające ich długoterminowe przechowywanie. Każdy deponowany szczep jest powiązany ze standaryzowanym zestawem metadanych obejmującym m.in. pochodzenie, identyfikację taksonomiczną, warunki hodowli i przechowywania, bezpieczeństwo biologiczne, zgodność z Protokołem z Nagoi oraz informacje o osobach odpowiedzialnych za jego izolację i charakterystykę. Pozwala to zachować identyfikowalność zasobu, właściwie przypisać wkład jego twórców i stworzyć podstawę do kontrolowanego wykorzystania szczepów w kolejnych projektach badawczych i aplikacyjnych. Przykładem proponowanej ścieżki jest projekt BIOGLOBE, w którym z gleb sadowniczych zawierających pozostałości pestycydów izolowane są bakterie o potencjale bioremediacyjnym. Proces obejmuje selektywną izolację i wzbogacanie mikroorganizmów, screening zdolności związanych z obecnością pestycydów, identyfikację molekularną oraz ocenę dodatkowych właściwości istotnych dla wzrostu roślin. Wyselekcjonowane izolaty stanowią kandydatów do zdeponowania, standaryzowanej charakterystyki i dalszej walidacji w ramach DynaMF. Kolekcja DynaMF ma być nie tylko miejscem przechowywania mikroorganizmów, lecz wspólną platformą zasobów biologicznych, danych i współpracy. Zapraszamy zespoły zajmujące się mikrobiologią gleby i mikroorganizmami o znaczeniu rolniczym do deponowania własnych izolatów oraz współtworzenia Kolekcji i inicjatywy DynaMF.

Finansowanie: Przedstawione studium przypadku realizowane jest w ramach projektu BIOGLOBE, nr FENG.02.03-IP.05-0013/25, realizowanego w ramach działania 2.3 TEAM NET Fundacji na rzecz Nauki Polskiej, współfinansowanego przez Unię Europejską ze środków Programu Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki 2021–2027 (FENG).

METALE CIĘŻKIE W GLEBACH I ROŚLINACH TORFOWISK KOTLINY ORAWSKO-NOWOTARSKIEJ

Klaudia Małkińska, Maja Olszanowska, Weronika Ceglarek, Joanna Sławińska, Julita Tomkowiak, Paweł Osóch, Ryszard Krzysztof Borówka, Daniel Okupny

Instytut Nauk o Morzu i Środowisku, Uniwersytet Szczeciński

W sześciu torfowiskach z obszaru Kotliny Orawsko-Nowotarskiej (Otrębowskie Brzegi, Puścizna Wysoka, Puścizna Mała, Przybojec, Puścizna Długopole i Bór na Czerwonem) oznaczono koncentrację metali ciężkich zarówno w warstwach torfu do głębokości 100 cm z rozdzielczością 1–2 cm, jak i wybranych gatunkach roślin je porastających (m.in. modrzewnica zwyczajna, borówka czernica, bażyna czarna oraz brzoza brodawkowata). Dla 575 próbek osadów i roślin w Laboratorium Geochemicznym Instytutu Nauk o Morzu i Środowisku US oznaczono udział materii mineralnej, węgla, azotu, siarki oraz koncentrację metali ciężkich (Cu, Zn, Pb, Cr, Ni i Hg). Dla każdego torfowiska wyznaczono wartości tła geochemicznego oraz wielkość antropogenicznego wzbogacenia w oznaczone metale ciężkie. W celu poznania współzależności pomiędzy koncentracją metali a zawartością materii mineralnej i pierwiastków biofilnych dla trzech torfowisk z Kotliny Orawsko Nowotarskiej (Otrębowskie Brzegi, Przybojec oraz Bór na Czerwonem) opracowano diagramy geochemiczne oraz modele systemu powiązań korelacyjnych pomiędzy wybranymi zmiennymi geochemicznymi. Stwierdzono, że w porównaniu z innymi europejskimi torfowiskami wysokimi, zakres koncentracji metali ciężkich w warstwie torfu do 50 cm jest w torfowiskach południowej Polski podobny jak w przypadku torfowisk Norwegii, Szwecji, Danii i Hiszpanii, a zdecydowanie niższy aniżeli w torfowiskach Szkocji, Belgii i Czech. Ponadto, dla stanowisk z Kotliny Orawsko-Nowotarskiej zauważono wyraźną tendencję spadku koncentracji rtęci wraz ze wzrostem rzędnej położenia powierzchni torfowiska, co wiąże się zapewne z lokalnymi uwarunkowaniami topoklimatycznymi. W związku z powyższym to większa częstotliwość zastoisk zimnego powietrza i inwersji termicznych sprzyjają utrzymywaniu się smogu w niższych położeniach topograficznych. Najniższe koncentracje Hg, Cu, Zn, Pb na stanowisku Przybojec wynikają zapewne z faktu, że jest to nie tylko torfowisko najwyżej położone, ale dodatkowo zajmuje dobrze przewietrzaną pozycję wododziałową.

Badania geochemiczne roślin oraz osadów torfowisk Kotliny Orawsko Nowotarskiej dofinansowano ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości" na lata 2024–2027 (nr RID/SP/0045/2024/01).

OCENA POTENCJAŁU OWADOBÓJCZEGO WYIZOLOWANYCH GRZYBÓW ENTOMOPATOGENNYCH W KONTEKŚCIE ICH ZASTOSOWANIA W BIOLOGICZNEJ OCHRONIE ROŚLIN

Roman Marecik[1], Wojciech Białas[1], Beata Borowiak-Sobkowiak[2], Agnieszka Wita[1], Sabina Łukaszewicz[3]

[1]*Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu*
[2]*Katedra Entomologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu*
[3]*SMP Agro sp. z o. o, Komorniki 44, 63-004 Tulce*

Owady stanowią jedną z najważniejszych grup organizmów odpowiedzialnych za straty w produkcji roślinnej, powodując uszkodzenia roślin oraz przyczyniając się do obniżenia jakości i wielkości plonów. Ograniczenie stosowania chemicznych środków ochrony roślin sprzyja poszukiwaniu alternatywnych, bezpiecznych dla środowiska metod zwalczania szkodników. Szczególne znaczenie w biologicznej ochronie roślin przypisuje się grzybom entomopatogennym, które wykazują zdolność do infekowania i eliminowania owadów. Ich działanie związane jest m.in. z adhezją zarodników do powierzchni ciała owada, penetracją kutikuli oraz produkcją enzymów i metabolitów przyczyniających się do rozwoju infekcji. Izolacja i selekcja szczepów charakteryzujących się wysoką aktywnością owadobójczą może stanowić istotny etap w poszukiwaniu skutecznych czynników biologicznej ochrony roślin.

Celem pracy była izolacja grzybów entomopatogennych, a następnie ocena wpływu wybranych izolatów na śmiertelność i płodność szkodników żerujących na zbożach i rzepaku. Przeprowadzona została także ocena możliwości repelentnego oddziaływania tych izolatów na owady. W wyniku prac izolacyjnych pozyskano grzyby z rodzaju *Beauveria* sp., *Metharizium* sp. oraz *Trichoderma* sp., które następnie poddano testom biotycznym. Owadami testowymi były mszyce zbożowe *R. padi* oraz larwy much z gatunku *C. vicina,* chrząszcze z gatunku *M. aeneus* (słodyszek rzepakowy) oraz *C. obstrictus* (chowacz podobnik).

Rodzaj zastosowanego izolatu istotnie wpływał na płodność mszycy czeremchowo-owsianej. Efektywnym patogenem ograniczającym liczebność szkodnika był szczep *Metarhizium* sp. E61, który wykazał obniżenie liczby mszyc względem kontroli. W ocenie repelentnego oddziaływania izolatów na słodyszka rzepakowego stwierdzono, że najlepszym wariantem okazała się *B. bassiana* E70. Natomiast w przypadku chowacza podobnika najlepszym wariantem okazały się *B. bassiana* E54 i E58. W eksperymencie, w którym larwom much podano nasączony izolatem pokarm uzyskano zadowalające efekty. Pełną śmiertelność już w pierwszej dobie wykazała *Trichoderma hamatum* E83, dla której średnia liczba martwych wynosiła 10. W grupie izolatów osiągających 100% śmiertelności w drugiej dobie znalazły się: *B. bassiana* E58, *B. bassiana* E90, *Metharizum* sp. E61, *Metharizum* sp. P63 oraz *B. bassiana* E79.

Badania zostały wykonane w ramach projektu „Opracowanie i wdrożenie bezpiecznych preparatów mikrobiologicznych dla zrównoważonego rolnictwa ograniczających zużycie pestycydów i nawozów sztucznych" współfinansowanego przez Unię Europejską ze środków Funduszy Europejskich dla Nowoczesnej Gospodarki. Projekt realizowany w ramach działania 1.1. Ścieżka SMART, nr umowy: ***FENG.01.01-IP.02-0903/24****.*

BIOBEEPLANTS – OPRACOWANIE BIOFORMULACJI MIKROBIOLOGICZNYCH WSPOMAGAJĄCYCH WZROST ROŚLIN MIODODAJNYCH

Anna Marzec-Grządziel, Katarzyna Wiejak, Jarosław Ciepiel

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

Rośliny miododajne odgrywają istotną rolę w utrzymaniu bioróżnorodności i wspieraniu owadów zapylających. Pomimo ich znaczenia nadal brakuje preparatów mikrobiologicznych opracowanych specjalnie z myślą o potrzebach tej grupy roślin. Celem projektu BIObeePlants jest opracowanie innowacyjnych bioformulacji opartych na endofitycznych bakteriach promujących wzrost roślin (PGPR), dedykowanych facelii błękitnej (*Phacelia tanacetifolia*), dziurawcowi zwyczajnemu (*Hypericum perforatum*) oraz żmijowcowi zwyczajnemu (*Echium vulgare*).

W ramach projektu wyselekcjonowano szczepy bakteryjne wcześniej wyizolowane z tkanek badanych roślin i scharakteryzowane pod kątem właściwości PGPR. Następnie rozpoczęto biotesty w warunkach kontrolowanych, których celem była ocena wpływu wybranych szczepów na wzrost i kondycję roślin. Równolegle prowadzone są prace nad technologią utrwalania bakterii, obejmujące opracowanie prototypowych bioformulacji z wykorzystaniem mikrokapsułkowania. Zastosowanie tej technologii ma na celu zwiększenie przeżywalności bakterii, poprawę stabilności preparatów podczas przechowywania oraz stworzenie podstaw do ich przyszłego wykorzystania w praktyce rolniczej. W kolejnych etapach projektu zaplanowano charakterystykę genetyczną i metaboliczną wyselekcjonowanych szczepów, ocenę ich bezpieczeństwa biologicznego oraz badania stabilności opracowanych formulacji.

Realizacja projektu BIObeePlants stanowi istotny krok w kierunku opracowania ekologicznych preparatów mikrobiologicznych dostosowanych do potrzeb wybranych gatunków roślin miododajnych. Uzyskane wyniki mogą przyczynić się do rozwoju innowacyjnych rozwiązań wspierających zrównoważone rolnictwo, ochronę bioróżnorodności oraz poprawę warunków bytowania owadów zapylających.

Badanie finansowane ze środków Unii Europejskiej w ramach Działania 2.5 „Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki na lata 2021–2027" w ramach projektu „Science4Business – Nauka dla Biznesu.

WPŁYW EKSPERYMENTALNEJ STRATEGII TAPS NA AKTYWNOŚĆ MIKROBIOMU GLEBOWEGO – ANALIZA METATRANSKRYPTOMICZNA

Anna Marzec-Grządziel

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

Oporność na środki przeciwdrobnoustrojowe (AMR) stanowi istotne zagrożenie dla zdrowia publicznego i środowiska, a gleba może pełnić funkcję rezerwuaru mikroorganizmów oraz genów warunkujących oporność. Projekt STARS-TAP koncentrował się na ocenie innowacyjnej, nieantybiotykowej strategii ograniczania rozprzestrzeniania AMR, opartej na ukierunkowanych plazmidach antybakteryjnych (*Targeted Antibacterial Plasmids*, TAPs). Strategia ta wykorzystuje systemy CRISPR/Cas ukierunkowane na określone szczepy bakteryjne lub determinanty oporności.

Celem prezentowanych badań była ocena wpływu zastosowania wariantu donorowego zawierającego konstrukt TAP na aktywność funkcjonalną mikrobiomu glebowego z wykorzystaniem sekwencjonowania RNA (RNA-seq). Analizę metatranskryptomiczną przeprowadzono dla 15 próbek RNA reprezentujących wybrane warianty eksperymentalne oraz punkty czasowe inkubacji. Uzyskane dane poddano kontroli jakości, ocenie zawartości rybosomalnego RNA (rRNA), składaniu metatranskryptomu oraz analizie funkcjonalnej na podstawie adnotacji KEGG Orthology (KO). Różnice w profilach funkcjonalnych pomiędzy grupami oceniano z wykorzystaniem metody ALDEx2.

Uzyskane dane RNA-seq charakteryzowały się wysoką jakością, o czym świadczy odsetek zasad o jakości Q30 wynoszący około 93,9–96,5% oraz wysoki udział odczytów zachowanych po filtracji. Bardzo niski udział sekwencji rRNA wskazywał na skuteczne wzbogacenie próbek we frakcję RNA niebędącego rRNA, umożliwiając analizę aktywności funkcjonalnej mikrobiomu. Analiza różnicowa nie wykazała istotnych statystycznie zmian w liczebności transkryptów przypisanych do poszczególnych grup KO po korekcji wielokrotnych porównań (FDR). Chociaż dla wybranych funkcji zaobserwowano kierunkowe zmiany pomiędzy analizowanymi wariantami, wyniki nie wskazują na rozległą przebudowę profilu funkcjonalnego aktywnego mikrobiomu glebowego w badanych warunkach eksperymentalnych.

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

WPŁYW EGZOGENNEJ MATERII ORGANICZNEJ NA STRUKTURĘ MIKROBIOMU BAKTERYJNEGO GLEB W UPRAWIE PSZENICY

Sylwia Siebielec[1], Agnieszka Klimkowicz-Pawlas[2], Marta Wyzińska[3], Aleksandra Ukalska-Jaruga[2]

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

[1]Zakład Mikrobiologii,

[2]Zakład Gleboznawstwa i Analiz Środowiskowych

[3]Zakład Uprawy i Jakości Plonu

Badanie ogólnej liczebności wybranych grup mikroorganizmów oraz ocena aktywności enzymatycznej środowiska glebowego stanowią istotny etap oceny bioróżnorodności funkcjonalnej. Pomimo klasycznego charakteru, metody te pozwalają na szybką ocenę parametrów mikrobiologicznych, determinujących przebieg kluczowych procesów zachodzących w glebie. Środowisko glebowe cechujące się zrównoważonym i stabilnym mikrobiomem zachowuje pełną zdolność do prawidłowego funkcjonowania, efektywnego rozkładu materii organicznej oraz utrzymania wysokiej żyzności i urodzajności.

Celem niniejszych badań była ocena odpowiedzi mikrobiomu bakteryjnego oraz potencjału enzymatycznego gleby pod uprawą pszenicy ozimej na dodatek egzogennej materii organicznej w postaci stałej (obornik bydlęcy) i płynnej (gnojówka bydlęca). Próbki gleb pobrano w trakcie sezonu wegetacyjnego ze zróżnicowanej głębokości (0–30 cm, 30–60 cm oraz 60–90 cm). Nawożenie organiczne wpływało istotnie na różnorodność funkcjonalną gleb. Zarówno aktywność badanych enzymów (fosfatazy kwaśnej, zasadowej oraz dehydrogenaz), jak i liczebność bakterii oraz grzybów osiągnęły najwyższe wartości w wierzchniej warstwie gleby (0–30 cm). Świadczy to o tym, że warstwa ta stanowi główną strefę aktywności metabolicznej i biologicznej w całym profilu glebowym. Uzyskane wyniki dowodzą również, że dodatek egzogennej materii organicznej skutecznie aktywuje potencjał biochemiczny agrocenoz, co ma kluczowe znaczenie dla zrównoważonej produkcji roślinnej. Obserwowane trendy zmian wymagają dalszej weryfikacji z zastosowaniem zaawansowanych metod opisujących strukturę mikrobiomu glebowego.

Badania sfinansowano w ramach projektu BioTreatED 'Zaawansowane rozwiązania biologiczne do monitorowania i łagodzenia ryzyka zanieczyszczenia związkami hormonalnymi wód irygacyjnych pochodzących z technologii separacji obornika, [akronim:] wybranego w ramach II konkursu Programu Water4All (JTC Call 2023) Nr Umowy: WATER4ALL/II/31/BioTreated/2025.

OPRACOWANIE INNOWACYJNEGO KONSORCJUM BAKTERYJNEGO DO BIOREMEDIACJI I RESTYTUCJI EKOSYSTEMÓW GLEBOWYCH PO POŻARACH – BAKTROP

Sylwia Siebielec

Zakład Mikrobiologii1, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

Projekt BAKTROP koncentruje się na kompleksowym podejściu do odbudowy procesów biologicznych w glebach dotkniętych pożarami poprzez analizę składu mikrobiomu po pożarach oraz wykorzystanie potencjału autochtonicznych konsorcjów bakteryjnych do regeneracji. Metodologia projektu obejmuje pełną ścieżkę badawczo-wdrożeniową: od izolacji i identyfikacji specyficznych szczepów bakteryjnych, przez zaawansowane testy laboratoryjne, aż po komponowanie stabilnych produktów mikrobiologicznych i ocenę efektów ich aplikacji w warunkach szklarniowych.

Głównym celem i efektem projektu jest opracowanie innowacyjnych preparatów nawozowych na bazie precyzyjnie dobranego konsorcjum bakteryjnego. Kluczowym założeniem procesu regeneracji jest wprowadzenie mikroorganizmów realizujących strategiczne funkcje glebowe, niezbędne dla przywrócenia homeostazy uszkodzonego ekosystemu. Opracowana w ramach projektu BAKTROP technologia skutecznie łączy komplementarne strategie biostymulacyjne wspierające wzrost i rozwój roślin, tj. zdolność bakterii do syntezy fitohormonów, produkcji sideroforów, solubilizacji fosforanów czy wiązania azotu atmosferycznego. Pozwala to na jednoczesne zwiększenie odporności naturalnego mikrobiomu glebowego oraz odbudowę bogactwa biologicznego. Wyniki te będą stanowić istotny krok w rozwoju biotechnologii środowiskowej i nowoczesnych metod rekultywacji obszarów zdegradowanych wskutek ekstremalnych zjawisk termicznych.

Wdrożenie technologii BAKTROP w praktyce leśnej i rolniczej pozwoli na skrócenie czasu potrzebnego do naturalnej sukcesji roślinności na zdegradowanych obszarach. Ponadto, poprzez stymulację odbudowy stabilnych agregatów glebowych, opracowane preparaty przyczynią się do zwiększenia bioróżnorodności i stabilności mikrobiomu glebowego. W perspektywie długofalowej, komercjalizacja tego typu rozwiązań mikrobiologicznych wpisuje się w strategię zielonej transformacji, oferując rynkowi bezpieczną, biologiczną alternatywę wspierającą adaptację ekosystemów do globalnych zmian klimatycznych. Pierwsze testy w warunkach szklarniowych potwierdziły wysoką skuteczność opracowywanych preparatów. Analiza parametrów fizykochemicznych i mikrobiologicznych gleby w połączeniu z oceną rozwoju roślin wykazała istotny statystycznie przyrost biomasy części nadziemnych i podziemnych oraz wyraźny wzrost bioróżnorodności rodzimego mikrobiomu.

Program pn. „Inkubator Rozwoju" w ramach ustanowionego przez Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego projektu pozakonkursowego pn. „SCIENCE4BUSINESS-NAUKA DLA BIZNESU", współfinansowanego ze środków Unii Europejskiej „Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki na lata 2021–2027".

POTENCJAŁ APLIKACYJNY BAKTERII SOLUBILIZUJĄCYCH FOSFOR (PSB) W ZRÓWNOWAŻONEJ PRODUKCJI ROŚLINNEJ I BIOREMEDIACJI

Sylwia Siebielec[1], Grzegorz Siebielec[2], Dominika Gmur[2]

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy
[1]Zakład Mikrobiologii
[2]Zakład Gleboznawstwa i Analiz Środowiskowych

Fosfor jest jednym z kluczowych makroelementów warunkujących prawidłowy wzrost, rozwój oraz plonowanie roślin uprawnych i remediacyjnych. Mimo jego wysokiej ogólnej zawartości w glebach, większość tego pierwiastka występuje w formach niedostępnych dla systemu korzeniowego. Efektywnym rozwiązaniem zwiększającym potencjał odżywczy roślin staje się wykorzystanie bakterii solubilizujących fosfor (ang. Phosphorus Solubilizing Bacteria – PSB). Mikroorganizmy te posiadają zdolność przekształcania zablokowanych form fosforu w związki łatwo przyswajalne dla roślin.

Stosowanie preparatów opartych na wyselekcjonowanych szczepach PSB przynosi istotne korzyści produkcyjne. Przejawiają się one wyraźnym wzrostem biomasy korzeniowej i nadziemnej, poprawą kondycji roślin oraz ich wyższą tolerancją na stres. Co więcej, PSB wykazują duży potencjał aplikacyjny na glebach ubogich w fosfor – w tym na terenach poprzemysłowych, często zanieczyszczonych pierwiastkami śladowymi. Wśród najczęściej izolowanych PSB wymienia się bakterie z rodzajów *Bacillus*, *Streptomyces* czy *Pseudomonas*. Dane literaturowe oraz badania własne obejmujące doświadczenia polowe, poletkowe i szklarniowe potwierdzają, że regularne stosowanie tych biopreparatów pozwala na podniesienie plonowania przy jednoczesnym obniżeniu dawek mineralnych nawozów fosforowych.

Współczesne wyzwania badawcze w zakresie PSB koncentrują się na poszukiwaniu nowych, przyjaznych dla środowiska rozwiązań oraz optymalizacji technik opartych na aplikacjach mikrobiologicznych. Praktyczne wykorzystanie rozwijanej wiedzy naukowej może przyczynić się do intensywnego rozwoju produkcji bezpiecznych bionawozów, przy jednoczesnym ograniczeniu eksploatacji nieodnawialnych złóż fosforytowych. W tym kontekście kluczowym zadaniem pozostaje prowadzenie zaawansowanych analiz nad stabilnością oraz wydajnością cech genetycznych i metabolicznych, które odpowiadają za solubilizację fosforanów u badanych mikroorganizmów. Wyniki tych badań stanowią fundament pod budowę biologicznych produktów nowej generacji, kluczowych dla ochrony bioróżnorodności gleb w nowoczesnym rolnictwie. Równie istotnym aspektem staje się poznanie interakcji zachodzących pomiędzy wprowadzanymi szczepami a rodzimą mikroflorą glebową. Zrozumienie tych zależności pozwoli na precyzyjne projektowanie konsorcjów bakteryjnych o wysokiej przeżywalności w zmiennych warunkach środowiskowych. W perspektywie długofalowej, komercjalizacja tak zaawansowanych biopreparatów może stać się filarem transformacji sektora agrochemicznego w kierunku gospodarki o obiegu zamkniętym.

Temat badawczy pt. „Alternatywne źródła fosforu jako element osiągania celów Zielonego Ładu, symbol:2.04, IUNG-PIB.

UTWORZENIE BANKU ZASOBÓW MIKROBIOLOGICZNYCH „MIKROBANK" DLA ZRÓWNOWAŻONEGO ROLNICTWA I STYMULACJI WZROSTU I ROZWOJU ROŚLIN

Sylwia Siebielec

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

Współczesna produkcja rolnicza mierzy się z presją zmian klimatycznych, niedoborami wody oraz koniecznością redukcji stosowania agrochemikaliów. Odpowiedzią na te wyzwania jest szersze wykorzystanie naturalnych procesów biologicznych, w tym preparatów mikrobiologicznych opartych na bakteriach ryzosferowych (PGPR). Wdrożenie tych rozwiązań na dużą skalę wymaga jednak precyzyjnej selekcji, identyfikacji oraz oceny funkcjonalności mikroorganizmów. W te założenia wpisuje się projekt MIKROBANK, w ramach którego tworzony jest bank zasobów mikrobiologicznych. Stworzenie tak zaawansowanego repozytorium pozwoli na precyzyjne projektowanie biopreparatów nowej generacji, które skutecznie wspomogą stabilność plonowania i odporność roślin uprawnych w warunkach stresu środowiskowego.

Celem niniejszego zadania badawczego, realizowanego w ramach działalności statutowej IUNG-PIB, jest zwiększenie potencjału wdrożeniowego Instytutu poprzez optymalizację ścieżki od pozyskania próby glebowej do izolacji bakterii o potencjale biostymulacyjnym. W ramach prac zaplanowano skatalogowanie istniejących kolekcji bakterii, pełną ocenę ich cech biostymulacyjnych oraz identyfikację genetyczną najefektywniejszych szczepów. W bazie Zakładu Mikrobiologii są liczne szczepy izolowane w ramach różnych projektów o wciąż niewykorzystanym potencjale aplikacyjnym. Przeprowadzenie ich dokładnej, wieloaspektowej charakterystyki da precyzyjną odpowiedź na pytanie, jakimi zasobami biologicznymi dysponujemy. Wybrane mikroorganizmy zostaną przetestowane w warunkach szklarniowych pod kątem wspierania wzrostu roślin i poprawy właściwości gleby w warunkach stresu suszy. Kluczowym rezultatem prac będzie utworzenie bezpiecznego repozytorium zidentyfikowanych szczepów oraz opracowanie kompleksowej bazy danych zawierającej ich profile genetyczne, biochemiczne i technologiczne.

Badania szklarniowe dostarczą kluczowych informacji o efektywności wspomagania rozwoju różnych gatunków roślin przez wybrane szczepy bakterii. Pozwoli to na pozyskanie dodatkowych danych charakteryzujących właściwości aplikacyjne zgromadzonej kolekcji. Ponadto nowo powstały bank szczepów pozwoli na podniesienie poziomu gotowości technologicznej opracowywanych rozwiązań z fazy laboratoryjnej (TRL 2–3) do etapu weryfikacji w środowisku zbliżonym do rzeczywistego (TRL 4–5). Zabezpieczona kolekcja będzie stanowiła fundament pod przyszłe, krajowe i międzynarodowe projekty o charakterze wdrożeniowym, wymagające dysponowania technologiami na wysokim poziomie TRL.

Temat badawczy pt. „Stworzenie banku bakterii i ocena ich potencjału w promowaniu wzrostu i rozwoju roślin – MIKROBANK, symbol:1.20, IUNG-PIB.

BIORÓŻNORODNOŚĆ FUNKCJONALNA GLEB W ŚWIETLE ZAŁOŻEŃ I PRAKTYKI AKADEMII NBSOIL

Sylwia Siebielec[1], Grzegorz Siebielec[2], Dominika Gmur[2]

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy
[1]Zakład Mikrobiologii
[2]Zakład Gleboznawstwa i Analiz Środowiskowych

Gleba stanowi jeden z najcenniejszych, a zarazem najbardziej zagrożonych zasobów naturalnych, warunkujący bezpieczeństwo żywnościowe i stabilność klimatyczną. Bogactwo biologiczne gleby jest kluczem do jej zdrowie, żyzność i urodzajność oraz stabilność świadczonych przez nią usług ekosystemowych. Współczesne rolnictwo stoi przed wyzwaniem wdrożenia holistycznego zarządzania biosferą glebową w obliczu postępującej degradacji środowiska i zachodzących zmian klimatycznych. W tym kontekście kluczowym elementem staje się wysoka bioróżnorodność i aktywność mikrobiomu glebowego, który stanowi fundament odporności całego agrosystemu glebowego. Zrozumienie tych powiązań biologicznych oraz przełożenie ich na praktyczne decyzje agrotechniczne stanowi istotne założenie edukacyjne programu Akademii NBSOIL.

W ramach opracowanej metodologii edukacyjnej Akademii NBSOIL szczególny nacisk kładzie się na interdyscyplinarne podejście w zakresie oceny bioróżnorodności środowiska glebowego. Wiedza mikrobiologiczna oraz wdrażanie praktycznych informacji o ochronie bioróżnorodności glebowej stanowią fundament merytoryczny pakietów szkoleniowych oferowanych w ramach Akademii NBSOIL. Uczestnicy programu zyskują unikalną możliwość zgłębienia procesów związanych z funkcjonowaniem sieci troficznych oraz rolą poszczególnych konsorcjów mikroorganizmów w budowaniu struktury gruzełkowatej i stabilizacji próchnicy. Wysoka bioróżnorodność mikrobiomu jest kluczowa dla prawidłowego funkcjonowania gleby, ponieważ to właśnie zróżnicowane zespoły mikroorganizmów odpowiadają za efektywny obieg pierwiastków, rozkład materii organicznej, udostępnianie składników pokarmowych roślinom oraz naturalne ograniczanie rozwoju patogenów. Program integruje naukowe podstawy oceny profilu glebowego z identyfikacją aktywności makro- i mikroorganizmów oraz ich roli w procesach glebotwórczych.

Praktyczna weryfikacja i prezentacja tych technik odbywa się w dedykowanych obiektach demonstracyjnych i laboratoriach polowych. Działalność Akademii NBSOIL udowadnia, że wykształcenie nowej generacji doradców, wyposażonych w nowoczesne narzędzia oceny zdrowia gleby, stanowi kluczowy element budowy zrównoważonych systemów produkcji zdrowej i bezpiecznej żywności oraz trwałej ochrony bioróżnorodności środowiska glebowego.

Badania finansowane przez projekt NBSOIL, nr projektu 101091246, w ramach programu Horyzont Europa.

CHARAKTERYSTYKA I IDENTYFIKACJA BAKTERII IZOLOWANYCH Z FERMENTOWANYCH PRODUKTÓW MLECZNYCH

Anna Sochaczewska[1], Wiktoria Jurga[1], Weronika Gnyp[1], Weronika Goraj[1], Natalia Walczak[1], Agnieszka Wolińska[1], Mariola Bochniarz[2], Anna Szafranek-Nakonieczna[1]

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

[2]Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 12, 20-950 Lublin

Fermentowane produkty mleczne stanowią środowisko o złożonym składzie mikrobiologicznym, w którym obok mikroorganizmów związanych z procesem fermentacji mogą występować również inne bakterie.

Celem pracy była wstępna charakterystyka i identyfikacja bakterii hodowlanych wyizolowanych z wybranych fermentowanych produktów mlecznych dostępnych w sprzedaży detalicznej.

Materiał stanowiły próbki kefiru, jogurtu naturalnego, skyru naturalnego oraz jogurtu greckiego. Z badanych produktów założono hodowle mikrobiologiczne na agarze odżywczym. Uzyskane izolaty poddano charakterystyce fenotypowej obejmującej barwienie metodą Grama oraz ocenę zdolności do tworzenia przetrwalników metodą Schaeffera-Fultona. Równolegle wyizolowano DNA bakteryjne, a następnie przeprowadzono amplifikację fragmentu genu 16S rRNA metodą PCR z wykorzystaniem starterów 27f i 1492r. Uzyskane produkty sekwencjonowano metodą Sangera, a otrzymane sekwencje o długości około 1200 pz analizowano z wykorzystaniem bazy NCBI.

Wszystkie uzyskane izolaty zaklasyfikowano jako bakterie Gram-dodatnie o kształcie pałeczek lub ziarniaków. Analiza sekwencji genu 16S rRNA wykazała obecność przedstawicieli rodzajów *Bacillus* i *Enterococcus*. Wśród zidentyfikowanych izolatów stwierdzono m.in. *Bacillus licheniformis*, *Bacillus altitudinis*, *Bacillus zhangzhouensis*, *Enterococcus faecalis* oraz *Enterococcus faecium*. Wszystkie izolaty rodzaju *Bacillus* wykazywały zdolność do tworzenia przetrwalników. Podobieństwo uzyskanych sekwencji do sekwencji referencyjnych wynosiło 97,15–99,66%. Uzyskane wyniki mają charakter wstępny i wskazują na obecność zróżnicowanych bakterii hodowlanych w analizowanych fermentowanych produktach mlecznych. Zastosowanie metod hodowlanych i molekularnych umożliwiło wstępną charakterystykę oraz identyfikację wyizolowanych mikroorganizmów.

Badania sfinansowane w ramach projektu „Wstępna identyfikacja i charakterystyka mikrobiologiczna bakterii obecnych w produktach mlecznych", U 26-0301-3 W. Medyczny – Pula Uniwersytecka – biologia medyczna.

ZANIECZYSZCZENIE GLEBY PIERWIASTKAMI ŚLADOWYMI A STRUKTURA SPOŁECZNOŚCI AMF W KORZENIACH TRAW WIELOLETNICH (MISKANTA OLBRZYMIEGO I SPARTINY PRERIOWEJ)

Alicja Szada-Borzyszkowska, Marta Pogrzeba, Jacek Krzyżak

Instytut Ekologii Terenów Uprzemysłowionych w Katowicach

Gleby zanieczyszczone mogą tracić przydatność do produkcji roślin jadalnych i jednocześnie stwarzać potencjalne ryzyko dla zdrowia człowieka. Kluczowym działaniem jest przekształcenie obszarów zanieczyszczonych w bezpieczne pod względem środowiskowym i użytkowym, poprzez ograniczenie mobilności zanieczyszczeń oraz ryzyka ekspozycji ludzi i organizmów. Jednym ze sposobów pozwalających osiągnąć ten cel jest fitostabilizacja zanieczyszczeń z wykorzystaniem roślin cherakteryzujacych się dużą produkcją biomasy. Proces ten może być wspierany przez arbuskularne grzyby mikoryzowe (AMF), które zwiększają tolerancję roślin na stres abiotyczny, a także mogą ograniczać mobilność pierwiastków śladowych. Efektywność ich udziału we wspieraniu procesów fitostabilizacji zależy jednak od wielu czynników, m.in. rodzaju zanieczyszczenia, gatunku AMF oraz rośliny gospodarza.

Celem badań było porównanie składu gatunkowego i stopnia kolonizacji autochtonicznej mikoryzy arbuskularnej w korzeniach spartiny preriowej (*Spartina pectinata* Bosc ex Link) i miskanta olbrzymiego (*Miscanthus* × *giganteus* Greef & Deuter) uprawianych na glebach o różnym stopniu zanieczyszczenia pierwiastkami śladowymi.

Doświadczenia polowe prowadzono na trzech poligonach doświadczalnych IETU, zlokalizowanych na terenie Górnego Śląska. Poligony w Bytomiu i Piekarach Śląskich są wyłączone z produkcji roślin przeznaczonych do spożycia ze względu na zanieczyszczenie gleb Pb, Cd i Zn, będące następstwem wieloletniej działalności nieczynnej obecnie huty Pb i Zn. Poligon doświadczalny w Gliwicach stanowił stanowisko referencyjne (gleba niezanieczyszczona). Korzenie roślin pobrano w 7. sezonie wegetacyjnym. Stopnień kolonizacji przez arbuskularne grzyby mikoryzowe oceniono na podstawie obserwacji mikroskopowych motodą Trouvelota i in. (1986). Równolegle z korzeni wyizolowano DNA i przeprowadzono amplifikacje regionów specyficznych dla AMF z wykorzystaniem starterów SSUmAf i LSUmAr (Krüger, 2009) oraz FULFN1ngs/FULF2ngs-FULNngs. Produkty PCR poddano sekwencjonowaniu motedą PE300 na platformie MiSeq. Uzyskane sekwencje analizowano przy użyciu programu Mothur 1.39. Sekwencje pogrupowano w klastry z wykorzystaniem metody Vsearch DGC (ang. *distance-based greedy clustering*), a następnie dopasowano do referencyjnej bazy danych sekwencji LSU rDNA Glomeromycotina. Identyfikację taksonomiczną przeprowadzono na podstawie analizy filogenetycznej RAxML-EPA, a końcową adnotację sekwencji wykonano w programie Gappa v0.8.0. Analiza α-bioróżnorodności posłużyła do określenia bogactwa i struktury społeczności AMF w obrębie poszczególnych próbek, natomiast analiza β-bioróżnorodności pozwoliła określić różnice w składzie społeczności AMF pomiędzy poligonami doświadczalnymi.

Zanieczyszczenie pierwiastkami śladowymi ograniczało rozwój arbuskul u spartiny preriowej, natomiast nie wpływało istotnie na kolonizację korzeni miskanta olbrzymiego. Łącznie zidentyfikowano 66 MOTUs. Analiza α-bioróżnorodności społeczności AMF nie wykazała istotnych statystycznie różnic w obserwowanym (Sobs) i szacunkowym bogactwie gatunków (Chao1/ACE), indeksie Shannona i indeksie równomierności gatunków między społecznościami AMF. Zanieczyszczenie gleby pierwiastkami śladowymi różnicowało skład społeczności AMF na dwie odrębne metaspołeczności. Model DDM wykazał, iż MOTUs, które miały największy udział w tworzeniu społeczności AMF związanych z korzeniami roślin z terenu o wysokiej zawartości pierwiastków śladowych (HC) należały do rodzajów *Diversispora* i *Claroideoglomus*. Natomiast MOTUs, które najsilniej reprezentowały społeczności AMF związane z korzeniami roślin z terenu niezanieczyszczonego (UC) oraz zanieczyszczonego pierwiastkami śladowymi (MC) należały do rodzaju *Rhizoglomus*. Analiza NMDS potwierdziła zróżnicowanie występowania AMF w zależności od stopnia zanieczyszczenia. *Diversispora sporocarpia* oraz *Dominikia glomerocarpica* były silnie związane z korzeniami miskanta olbrzymiego uprawianego na glebie zanieczyszczonej. Wyższa zawartość biodostępnego fosforu ograniczała występowanie AMF należących do rodzaju *Claroideoglomus*, a także gatunków *Dominikia aurea*, *Rhizolomus irregulare* oraz *Palaeospora spainiae*. Współczynnik Spearman'a wskazał również na dodatnią korelacje występowania *Palaeospora spainiae* oraz *Dominikia aurea* z zanieczyszczeniem gleby, co wskazuje na ich potencjalną przydatność we wspomaganiu fitostabilizacji gleb zanieczyszczonych pierwiastkami śladowymi.

ZMIANY WYBRANYCH WŁAŚCIWOŚCI CHEMICZNYCH I AKTYWNOŚCI ENZYMATYCZNEJ GLEB W EFEKCIE ZASTOSOWANIA POPIOŁÓW ZE SPALANIA BIOMASY

Małgorzata Szostek[1*], Karolina Kwoka[1], Anna Radoń[1], Anna Ilek[2]

[1]*Uniwersytet Rzeszowski, Wydział Technologiczno-Przyrodniczy, Katedra Gleboznawstwa, Chemii Środowiska i Hydrologii, Rzeszów, *mszostek@ur.edu.pl*

[2]*Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Leśny i Technologii Drewna, Katedra Botaniki i Siedliskoznawstwa Leśnego, Poznań*

Popioły ze spalania biomasy mogą modyfikować właściwości chemiczne gleby, wpływając na jej funkcjonowanie biologiczne i aktywność enzymatyczną. Celem badań była ocena wpływu różnych rodzajów i dawek popiołów ze spalania biomasy na wybrane właściwości chemiczne oraz aktywność enzymatyczną dwóch typów gleb. Ocenę wpływu popiołów na wybrane właściwości chemiczne i biologiczne gleb przeprowadzono w warunkach laboratoryjnego doświadczenia wazonowego. W badaniach wykorzystano dwa rodzaje popiołów powstałych ze spalania biomasy: popiół paleniskowy (P1), uzyskany ze spalania biomasy w kotle służącym do ogrzewania domu jednorodzinnego, oraz popiół przemysłowy (P2), powstający podczas procesów technologicznych związanych z produkcją sklejek, w trakcie ogrzewania wody technologicznej. W obu procesach spalania dominowało drewno drzew liściastych, ze szczególnym udziałem buka. Popioły zastosowano w dawkach od 3 do 15 $t \cdot ha^{-1}$, oddzielnie w dwóch materiałach glebowych pobranych z warstwy ornej czarnej ziemi (Cz) oraz gleby płowej (Pł). Analizowano wpływ popiołów na wybrane właściwości chemiczne oraz biochemiczne gleb – dehydrogenazy (DH) i katalazy (CAT). Na podstawie aktywności DH i CAT wyznaczono biologiczny wskaźnik żyzności gleby (BIF). Stwierdzono, że zastosowanie popiołów ze spalania biomasy istotnie wpływało na aktywność enzymatyczną badanych gleb, przy czym reakcja zależała od rodzaju popiołu, jego dawki oraz właściwości gleby. Popiół paleniskowy (P1) wykazywał na ogół korzystniejszy wpływ na aktywność DH, szczególnie w porównaniu z popiołem przemysłowym (P2). W przypadku BIF reakcja zależała od rodzaju gleby i zastosowanej dawki. Wyższe dawki popiołu przemysłowego wiązały się w wybranych wariantach z obniżeniem parametrów biologicznych. Uzyskane wyniki wskazują na znaczenie rodzaju i dawki popiołu w kształtowaniu biologicznej jakości gleb oraz konieczność uwzględnienia aktywności enzymatycznej przy ocenie możliwości rolniczego wykorzystania tych materiałów.

Słowa kluczowe: popioły ze spalania biomasy, aktywność enzymatyczna, dehydrogenaza, katalaza, biologiczny wskaźnik żyzności gleby.

WPŁYW WYBRANYCH WTÓRNYCH METABOLITÓW ROŚLINNYCH NA DYNAMIKĘ DEGRADACJI PESTYCYDÓW W ODNIESIENIU DO AKTYWNOŚCI BIOCHEMICZNEJ GLEBY

Daria Szuk, Irmina Ćwieląg-Piasecka, Dorota Kawałko

Instytut Nauk o Glebie, Żywienia Roślin i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Grunwaldzka 53, 50-357 Wrocław

Intensywne rolnictwo jest ściśle związane z powszechnym stosowaniem środków ochrony roślin, których pozostałości mogą utrzymywać się w środowisku glebowym i wpływać na jego prawidłowe funkcjonowanie. Presja wywołana obecnością pestycydów może oddziaływać na mikroorganizmy oraz procesy enzymatyczne, które uczestniczą m.in. w przemianach materii organicznej i obiegu składników pokarmowych. Jednocześnie naturalne mechanizmy regulujące odpowiedź gleby na tego rodzaju zaburzenia pozostają nadal niewystarczająco poznane.

Potencjalnym czynnikiem modyfikującym te procesy są wtórne metabolity roślinne (SPM *secondary plant metabolites*). To naturalne związki pochodzenia roślinnego, które po przedostaniu się do środowiska glebowego mogą uczestniczyć w licznych interakcjach chemicznych i biologicznych. Założono, że wybrane SPM mogą pełnić funkcję naturalnego „bufora ochronnego" w warunkach presji pestycydowej i tym samym ograniczać zaburzenia procesów biologicznych zachodzących w glebie oraz wpływać na przemiany pozostałości środków ochrony roślin.

Celem badań jest określenie wpływu wybranych metabolitów roślinnych, obejmujących kwasy fenolowe, na degradację powszechnie stosowanych pestycydów. Doświadczenia zostaną przeprowadzone z wykorzystaniem gleb o różnym uziarnieniu, co pozwoli uwzględnić wpływ właściwości gleb na zachodzące procesy. W ramach badań analizowana będzie aktywność enzymów glebowych – w tym dehydrogenaz, ureaz i fosfataz, a także potencjał toksyczny badanych układów z wykorzystaniem testów MARA (*Microbial Assay for Risk Assessment*) i Microtox.

Oczekuje się, że uzyskane wyniki pozwolą określić czy obecność SPM wpływa na aktywność biochemiczną gleby, dynamikę degradacji pestycydów oraz ich potencjał toksyczny. Badania mogą przyczynić się do lepszego poznania naturalnych mechanizmów wspierających remediację gleb zanieczyszczonych oraz stanowić podstawę do opracowania bardziej przyjaznych środowisku strategii ograniczania pozostałości środków ochrony roślin.

Praca naukowa finansowana przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu OPUS 29, nr grantu 2025/57/B/ST10/01727, o tytule „Wpływ drugorzędowych metabolitów roślinnych na degradację pestycydów w glebach rolnych", (2026–2029).

AKTYWNOŚĆ LAKAZOWA SZCZEPÓW *BACILLUS* SPP. O POTENCJALE WYKORZYSTANIA W ROLNICTWIE

Paulina Średnicka, Agnieszka Zapaśnik, Adrian Wojtczak, Justyna Nasiłowska

Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego – Państwowy Instytut Badawczy, Warszawa

Mikroorganizmy stanowią ważne źródło właściwości, które mogą być wykorzystywane w biologicznych rozwiązaniach dla rolnictwa, między innymi w przemianach związków obecnych w środowisku glebowym. Jedną z grup enzymów o takim potencjale są lakazy – oksydoreduktazy wielomiedziowe katalizujące utlenianie różnych związków naturalnych i ksenobiotyków przy jednoczesnej redukcji tlenu do wody. Celem badań była ocena aktywności lakazowej szczepów *Bacilluss* pp. oraz wstępna analiza ekspresji genów związanych z tą aktywnością. Badane szczepy, wyizolowane z gnojowicy bydlęcej i gleby, hodowano do zaawansowanego stadium sporulacji. Aktywność enzymatyczną oznaczono metodą z wykorzystaniem ABTS, a poziom ekspresji genów oceniono metodą RT-qPCR. Stwierdzono wyraźne zróżnicowanie aktywności między szczepami. Najwyższą aktywność wykazał *B. pumilus* KKP4078(>1500U/l),następnie *Bacillu* ssp. KKP4080 (około 500–600 U/l) i *B.pumilus* KKP4081 (około 400–500 U/l). U szczepów KKP 3893, KKP 3900, KKP 4082 i KKP 4079 aktywność wynosiła około 150–250 U/l, natomiast u KKP 3902 była niska. Najwyższy poziom ekspresji badanych genów stwierdzono u KKP 4078, co było zgodne z wynikiem oznaczenia aktywności enzymatycznej. Podwyższoną ekspresję zaobserwowano również u KKP 3893 i KKP 4080. Uzyskane wyniki pozwoliły wskazać szczepy KKP 4078, KKP 4080 i KKP 3893 do dalszych badań nad produkcją lakaz. Szczególnie obiecujący jest szczep KKP 4078, który wyróżniał się zarówno najwyższą aktywnością enzymatyczną, jak i najwyższym poziomem ekspresji badanych genów.

Dotacja celowa MRiRW, umowa nr RRE.prz.070.1.2026 zadanie 11 pt. „Charakterystyka zasobów genetycznych mikroorganizmów dla zastosowań w biotechnologii, przemyśle spożywczym i zrównoważonym rolnictwie".

SELEKCJA SZCZEPÓW *BACILLUS* O POTENCJALE BIOSYNTEZY Γ-PGA I WSTĘPNA OCENA ICH WPŁYWU NA PSZENICĘ W WARUNKACH SUSZY

Paulina Średnicka[1], Adrian Wojtczak[1], Marcin Podleśny[2], Justyna Nasiłowska[1]

[1]Zakład Mikrobiologii – Kolekcja Kultur Drobnoustrojów Przemysłowych (KKP)
[2]Zakład Technologii Fermantacji,
Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego im. Wacława Dąbrowskiego – Państwowy Instytut Badawczy, Warszawa

Deficyt wodny ogranicza wzrost roślin oraz zaburza ich gospodarkę wodną i procesy fizjologiczne. Kwas γ-poliglutaminowy (γ-PGA) jest hydrofilowym polimerem wytwarzanym przez niektóre bakterie, który może wspierać rośliny w warunkach niedoboru wody. Celem pracy była selekcja szczepów *Bacillus* o potencjale biosyntezy γ-PGA na podstawie obserwacji fenotypowych i analizy całogenomowej oraz wstępna ocena wpływu wytypowanych szczepów na pszenicę poddaną stresowi suszy.

Badaniami objęto 30 szczepów należących do gatunków m.in. *B. subtilis, B.pumilus, B. licheniformis, B. amyloliquefaciens* i *B. velezensis*. W pierwszym etapie ocenionotworzenieśluzunapodłożuagarowymzawierającymkwasL-glutaminowyjako prekursorbiosyntezyγ-PGA.Następniewgenomachwybranychszczepówposzukiwano genów związanych z biosyntezą i metabolizmem polimeru. Konsorcjum 10 wytypowanych szczepów zastosowano w doświadczeniu wazonowym z pszenicą, prowadzonym w warunkach regularnego podlewania oraz suszy.

Tworzenie śluzu zaobserwowano u 15 spośród 30 szczepów. W genomach 10 szczepów wykryto geny *pgsB/capB*, *pgsC/capC* i *pgsA/capA*, związane z biosyntezą γ-PGA. U części z nich stwierdzono również obecność genów *pgdS* i *ggt*, związanych z metabolizmem polimeru. Po 13 dniach suszy świeża masa części zielonych pszenicy z dodatkiem konsorcjum była zbliżona do wartości uzyskanej w kontroli (odpowiednio 0,255 i 0,245 g).

Połączenie screeningu hodowlanego z analizą całogenomową umożliwiło wytypowanieszczepów*Bacillus*dodalszychbadańnadγ-PGA.Wstępnedoświadczenie wazonowe nie wykazało wyraźnego wpływu konsorcjum na świeżą masę części zielonych pszenicy w warunkach suszy. Dalsze badania powinny obejmować bezpośrednie potwierdzenie wytwarzania γ-PGA, w tym ocenę jego produkcji bez suplementacji L-glutaminianem, oraz pogłębioną ocenę wpływu wytypowanych szczepów na rośliny.

Finansowanie: Dotacja celowa MRiRW, umowa nr RRE.prz.070.1.2026
zadanie 11 pt. „Charakterystyka zasobów genetycznych mikroorganizmów dla zastosowań w biotechnologii, przemyśle spożywczym i zrównoważonym rolnictwie".

OCENA AKTYWNOŚCI PRZECIWPLEŚNIOWEJ WYIZOLOWANYCH SZCZEPÓW PGPR

Agnieszka Wita[1], Roman Marecik[1], Wojciech Białas[1], Katarzyna Czaczyk[1], Sabina Łukaszewicz[2]

[1]*Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu*
[2]*SMP Agro sp. z o. o, Komorniki 44, 63-004 Tulce*

Choroby powodowane przez grzyby fitopatogeniczne stanowią istotne zagrożenie dla zdrowia i produktywności roślin uprawnych, przyczyniając się do strat w plonach oraz pogorszenia ich jakości. W obliczu rosnącego zapotrzebowania na ograniczenie stosowania chemicznych środków ochrony roślin coraz większe znaczenie zyskują biologiczne metody ochrony roślin, w tym wykorzystanie bakterii promujących wzrost roślin (PGPR, *Plant Growth-Promoting Rhizobacteria*) o właściwościach antagonistycznych wobec patogenów. Bakterie te mogą ograniczać rozwój grzybów fitopatogenicznych m.in. poprzez produkcję związków o działaniu przeciwgrzybiczym, konkurencję o składniki pokarmowe i przestrzeń oraz indukowanie mechanizmów obronnych roślin. Identyfikacja szczepów o wysokiej aktywności antagonistycznej może stanowić podstawę do opracowania nowych, przyjaznych środowisku metod biologicznej ochrony roślin.

Celem pracy była ocena właściwości przeciwpleśniowych wyizolowanych szczepów bakteryjnych. Materiał badawczy stanowiło 450 izolatów pozyskanych z gleby, korzeni, liści oraz brodawek korzeniowych. Oceniano aktywność antagonistyczną wobec 13 patogennych grzybów, należacych do rodzaju *Fusarium*, *Alternaria*, *Sclerotinia*, *Phoma*, *Cercospora* czy *Botrytis*.

Badane mikroorganizmy wykazywały zróżnicowaną aktywność antagonistyczną wobec analizowanych fitopatogenów. Największą liczbę izolatów powodujących całkowite zahamowanie wzrostu odnotowano dla *Alternaria brassicicola*, natomiast najmniejszą podatność na działanie badanych bakterii wykazywały gatunki z rodzaju *Fusarium*. Największą opornością charakteryzował się gatunek *Botrytis cinerea*. Wśród mikroorganizmów o najwyższej aktywności przeciwgrzybowej dominowały bakterie należące do rodzajów *Pseudomonas*, *Bacillus* oraz *Pseudarthrobacter*. Przeprowadzone badania potwierdziły, że izolaty środowiskowe stanowią cenne źródło mikroorganizmów o właściwościach antagonistycznych wobec fitopatogenów oraz cechach charakterystycznych dla bakterii promujących wzrost roślin.

Badania zostały wykonane w ramach projektu „Opracowanie i wdrożenie bezpiecznych preparatów mikrobiologicznych dla zrównoważonego rolnictwa ograniczających zużycie pestycydów i nawozów sztucznych" współfinansowanego przez Unię Europejską ze środków Funduszy Europejskich dla Nowoczesnej Gospodarki. Projekt realizowany w ramach działania 1.1. Ścieżka SMART, nr umowy: ***FENG.01.01-IP.02-0903/24****.*

ANTYBIOTYKOOPORNOŚĆ JAKO KRYTERIUM BEZPIECZEŃSTWA SZCZEPÓW *BACILLUS* O POTENCJALE BIOSYNTEZY Γ-PGA

Adrian Wojtczak, Anna Mikołajczuk-Szczyrba, Dziyana Shymialevich, Paulina Średnicka, Justyna Nasiłowska

Kolekcja Kultur Drobnoustrojów Przemysłowych (KKP),
Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego
im. Wacława Dąbrowskiego – Państwowy Instytut Badawczy, Warszawa

Szczepy bakterii z rodzaju *Bacillus* zdolne do biosyntezy kwasu poli-γ-glutaminowego (γ-PGA) stanowią interesujący materiał do dalszych badań nad ich wykorzystaniem w rolnictwie. Potencjalne zastosowanie mikroorganizmów w środowisku wymaga jednak równoległej oceny ich bezpieczeństwa, w tym charakterystyki antybiotykooporności. Celem pracy była ocena trzech szczepów *Bacillus* z Kolekcji Kultur Drobnoustrojów Przemysłowych, *B. amyloliquefaciens* KKP 3747, *B. licheniformis* KKP 3917 oraz *B. amyloliquefaciens* KKP 4084, pod kątem obecności genów związanych z metabolizmem γ-PGA oraz cech istotnych dla bezpieczeństwa w zakresie antybiotykooporności.

Na podstawie danych z sekwencjonowania całogenomowego przeprowadzono analizę genów związanych z syntezą i degradacją γ-PGA, identyfikację determinant antybiotykooporności oraz predykcję kandydatów plazmidowych. Oporność fenotypową oceniano metodą E-test poprzez oznaczenie minimalnego stężenia hamującego (MIC) dla wybranych antybiotyków, a wyniki interpretowano względem przyjętych wartości granicznych EFSA.

We wszystkich trzech genomach wykryto geny *pgsB/capB, pgsC/capC, pgsA/capA* oraz *ggt*. Gen *pgdS* stwierdzono wyłącznie u szczepu KKP 3917, natomiast *pgsE/capE* nie wykryto u żadnego z badanych szczepów. Analiza antybiotykooporności wykazała sześć trafień związanych z AMR u KKP 3747 i KKP 4084 oraz trzy u KKP 3917. W przewidywanych elementach plazmidowych nie wykryto determinant AMR. Fenotypową oporność na wybrane antybiotyki stwierdzono u KKP 3917 i KKP 4084, natomiast KKP 3747 nie wykazywał oporności w badanym panelu. Obserwowano również przypadki niepełnej zgodności pomiędzy obecnością determinant AMR a fenotypem oporności.

Uzyskane wyniki wskazują, że charakterystyka szczepów *Bacillus* o potencjale biosyntezy γ-PGA powinna obejmować nie tylko cechy związane z ich potencjalną funkcją użytkową, lecz również kompleksową ocenę bezpieczeństwa. Łączne wykorzystanie analizy genomowej i badań fenotypowych pozwala na pełniejszą ocenę szczepów przed ich dalszym wykorzystaniem w badaniach ukierunkowanych na zastosowania rolnicze.

STRUWIT I PSYCHROTOLERANTNE BAKTERIE PSB – WYKORZYSTANIE POTENCJAŁU MIKROORGANIZMÓW GLEBOWYCH W TECHNOLOGII STRUBAC-COLD

Małgorzata Woźniak[1], Monika Kozieł[1], Sylwia Siebielec[1], Marta Wyzińska[2], Anna Gałązka[1]

[1]Zakład Mikrobiologii, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
[2]Zakład Uprawy Roślin i Jakości Plonu,
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Fosfor jest jednym z podstawowych składników pokarmowych roślin, jednak jego dostępność w glebie jest często ograniczona. Jednocześnie rosnące znaczenie odzysku składników pokarmowych oraz potrzeba ograniczenia zużycia surowców nieodnawialnych skłaniają do poszukiwania alternatywnych źródeł tego pierwiastka. Jednym z nich jest struwit – nawóz odzyskiwany, zawierający fosfor, azot i magnez, charakteryzujący się stopniowym uwalnianiem składników pokarmowych.

Możliwości wykorzystania struwitu można zwiększyć poprzez połączenie go z mikroorganizmami uczestniczącymi w przemianach fosforu w glebie. Takie założenie przyjęto w projekcie StruBac-Cold, którego celem jest opracowanie technologii nawozowej przeznaczonej przede wszystkim dla roślin ozimych. Jej podstawę stanowią struwit oraz wyselekcjonowane bakterie rozpuszczające fosforany (PSB), zdolne do zachowania aktywności w obniżonej temperaturze.

Psychrotolerancja jest istotnym kryterium doboru szczepów ze względu na warunki występujące w glebie jesienią i wczesną wiosną. W tych okresach niska temperatura ogranicza aktywność biologiczną gleby i pobieranie fosforu przez rośliny. Zastosowanie odpowiednio dobranych PSB ma wspomagać przemiany fosforu pochodzącego ze struwitu właśnie w warunkach, w których aktywność wielu mikroorganizmów glebowych jest ograniczona.

Technologia StruBac-Cold wykorzystuje zatem określone funkcje mikroorganizmów glebowych jako element wspomagający nawożenie. Połączenie odzyskiwanego źródła składników pokarmowych z psychrotolerantnymi PSB może być jednym z kierunków rozwoju nawozów, w których procesy mikrobiologiczne zachodzące w glebie są uwzględniane już na etapie projektowania produktu. Takie podejście łączy zagadnienia związane z funkcjonowaniem mikroorganizmów w środowisku glebowym, efektywnym gospodarowaniem fosforem oraz wykorzystaniem surowców odzyskiwanych w rolnictwie.

Opracowanie powstało w ramach finansowania ze środków Unii Europejskiej w ramach Działania 2.5 Programu „Fundusze Europejskie dla Nowoczesnej Gospodarki na lata 2021–2027" w ramach projektu „Science4Business – Nauka dla Biznesu" – Zadanie nr 1 „Inkubator Rozwoju". Projekt nr I-190/S4B/IR/IUNG pt. „Zintegrowane wykorzystanie struwitu i psychrotolerantnych bakterii PSB w nawożeniu roślin ozimych – opracowanie nowej technologii nawozowej".

OD RYZOSFERY DO ENDOSFERY – POTENCJAŁ GRZYBÓW O AKTYWNOŚCI DEAMINAZY ACC WE WSPIERANIU ROŚLIN

Małgorzata Woźniak[1], Monika Kozieł[1], Artur Nowak[2]

[1]Zakład Mikrobiologii, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
[2]Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej

Mikroorganizmy zasiedlające ryzosferę oraz tkanki roślinne mogą wspierać wzrost i funkcjonowanie roślin poprzez różnorodne mechanizmy, w tym związane z ich odpowiedzią na niekorzystne warunki środowiska. Jednym z nich jest aktywność deaminazy 1-aminocyklopropano-1-karboksylanowej (ACC), która może uczestniczyć w modulowaniu nadmiernej odpowiedzi etylenowej roślin indukowanej stresem. Mechanizm ten jest dobrze poznany u bakterii promujących wzrost roślin, natomiast jego występowanie i znaczenie wśród grzybów związanych z roślinami pozostaje znacznie słabiej rozpoznane.

Celem pracy była ocena aktywności deaminazy ACC u wyselekcjonowanych grzybów pochodzących z dwóch nisz układu gleba-roślina: ryzosfery i endosfery pszenicy. Badaniami objęto dziewięć izolatów grzybowych, w tym pięć endofitycznych, wyizolowanych z korzeni pszenicy, oraz cztery pochodzące z gleby ryzosferowej. Aktywność deaminazy ACC oceniono dla poszczególnych izolatów, uwzględniając ich zdolność do wykorzystania ACC jako źródła azotu.

Aktywność deaminazy ACC stwierdzono u wszystkich badanych izolatów endofitycznych (5/5), podczas gdy wśród izolatów ryzosferowych cechę tę wykazywał jeden z czterech badanych szczepów. Endofity reprezentowane były przez grzyby należące do rodzaju *Talaromyces*, jednak pomimo ich zbliżonej przynależności taksonomicznej obserwowano wyraźne różnice w poziomie aktywności deaminazy ACC. Najwyższą aktywnością charakteryzował się izolat FE4. Wśród bardziej zróżnicowanych taksonomicznie grzybów ryzosferowych aktywność deaminazy ACC wykazywał izolat FR3. Obserwowane różnice wskazują, że zdolność ta nie jest jednakowa nawet wśród blisko spokrewnionych izolatów.

Uzyskane wyniki wskazują, że aktywność deaminazy ACC jest cechą szczepozależną i może różnić się pomiędzy grzybami zasiedlającymi odmienne nisze układu gleba-roślina. Ocena tej właściwości może stanowić dodatkowe kryterium selekcji mikroorganizmów o korzystnym potencjale funkcjonalnym i wspierać wybór szczepów do dalszych badań nad ich wykorzystaniem w ograniczaniu skutków stresu środowiskowego u roślin.

Badania wykonano w ramach tematu badawczego 1.17 pt. „Biofortyfikacja mikrobiologiczna jako zrównoważona metoda wspomagająca uprawę pszenicy w obliczu zjawiska „ukrytego głodu" – potencjał i perspektywy zastosowania", realizowanego w ramach podprogramu 1 działalności statutowej IUNG-PIB.

WYSTAWCY

LABGEARS – NARZĘDZIE WSPIERAJĄCE ZARZĄDZANIE WIEDZĄ W ORGANIZACJACH R&D

Damian Graczyk[1,2], Jacek Banach[2]

[1]*Adamed Pharma S.A*
[2]*Labgears (Adamed Discovery spin-out)*

W projekcie badawczym z każdym kolejnym eksperymentem przybywa danych, wyników i decyzji. Gdy informacje są rozproszone między plikami, osobami i instytucjami, trudno zachować powiązania potrzebne do zrozumienia wcześniejszych prac. Ma to znaczenie szczególnie dla zespołów działających w różnych lokalizacjach i konsorcjów badawczych, w których z tych samych informacji korzystają różni partnerzy.

Labgears to aplikacja wspierająca zarządzanie wiedzą projektową. Powstała w dziale badawczym polskiej firmy farmaceutycznej Adamed Pharma, i była tam rozwijana oraz weryfikowana w codziennej pracy nad rzeczywistymi projektami badawczymi. Pozwala gromadzić materiały projektowe w jednym miejscu, organizować je w konfigurowalnych kategoriach i łączyć powiązane elementy, na przykład eksperymenty, badane substancje i wyniki. Dostęp oparty na rolach ułatwia współdzielenie informacji w zespole oraz z partnerami zewnętrznymi, a historia zmian pozwala sprawdzić, kto, co i kiedy zmienił.

Labgears jest narzędziem wspierającym system zarządzania wiedzą, nie zastępuje jednak wspólnych zasad dokumentowania ani pracy badaczy nad interpretacją wyników. Podczas konferencji jako wystawca chcemy rozmawiać o tym, jak zespoły mogą zachowywać kontekst badań i wykorzystywać zgromadzoną wiedzę na kolejnych etapach projektu.

Więcej informacji: https://www.labgears.app/

LABGEARS – NARZĘDZIE WSPIERAJĄCE ZARZĄDZANIE WIEDZĄ W ORGANIZACJACH R&D

Damian Graczyk[1,2], Jacek Banach[2]

[1]*Adamed Pharma S.A.*
[2]*Labgears (Adamed Discovery spin-out)*

Zespół wraca do wyniku eksperymentu sprzed kilku miesięcy, ale nie może ustalić, dlaczego wybrano daną metodę ani jak zinterpretowano niejednoznaczną obserwację. W trakcie projektu przybywa danych, analiz i decyzji, a powiązania między nimi nie zawsze są zapisywane. Gdy zmienia się skład zespołu, coraz trudniej odtworzyć kontekst potrzebny do dalszej pracy i wykorzystania wcześniejszych doświadczeń, zwłaszcza w zespołach rozproszonych i konsorcjach badawczych.

Zarządzanie wiedzą (ang. *knowledge management*, KM) to świadome organizowanie sposobów tworzenia, zachowywania, udostępniania i ponownego wykorzystywania tego, czego nauczyła się organizacja. Jego celem nie jest samo gromadzenie dokumentów, lecz budowanie pamięci organizacyjnej: możliwości odnalezienia wcześniejszych informacji wraz z kontekstem potrzebnym do ich zrozumienia. System zarządzania wiedzą (ang. *knowledge management system*, KMS) należy rozumieć szerzej niż aplikację. Tworzą go ludzie, zasady i procesy pracy, odpowiedzialność za jakość informacji, wsparcie liderów oraz narzędzia. W modelu Jennexa warunkami skutecznego wykorzystania wiedzy są zarówno jakość systemu i samej wiedzy, jak i organizacyjne wsparcie zarządzania wiedzą (Jennex, 2020).

W laboratorium oznacza to między innymi uzgodnienie, jakie informacje należy dokumentować, kto dba o ich aktualność oraz jak łączyć wynik z eksperymentem i jego interpretacją. Bez tych ustaleń nawet dobrze wyposażone repozytorium może przechowywać dane, których inny zespół nie będzie umiał wykorzystać. Oprogramowanie może wspierać takie praktyki, ale nie zastąpi decyzji organizacyjnych ani doświadczenia badaczy.

Przykładem technologicznego wsparcia KMS jest Labgears, narzędzie powstałe w zespole zajmującym się odkrywaniem nowych leków w firmie farmaceutycznej Adamed Pharma S.A. Pomaga gromadzić wiedzę projektową w jednym miejscu: pozwala porządkować informacje za pomocą konfigurowalnych kategorii i tworzyć relacje między obiektami badawczymi, na przykład eksperymentami, badanymi substancjami i wynikami. Dostęp oparty na rolach i współdzielenie informacji ułatwiają współpracę zespołom pracującym w różnych lokalizacjach. Narzędzie zachowuje też historię zmian. Te funkcje mogą ułatwiać zachowanie i odnalezienie kontekstu projektu, pod warunkiem że zespół konsekwentnie opisuje swoje obserwacje i przesłanki decyzji. Wystąpienie pokaże, dlaczego trwała pamięć organizacyjna wymaga równoczesnego zadbania o ludzi, sposób pracy i technologię.

Literatura: Jennex, M. E. (2020). A Re-Examination and Re-Specification of the Jennex Olfman Knowledge Management Success Model. W: M. E. Jennex (red.), *Current Issues and Trends in Knowledge Management, Discovery, and Transfer* (s. 1–29). IGI Global.

GENOMED S.A.

ul. Ponczowa 12, 02-971 Warszawa
tel.: 22 644 60 19, 22 498 2 498, fax. 22 644 60 25
info@genomed.pl, www.genomed.pl

Genomed S.A. oferuje wszelkiego rodzaju analizy sekwencji DNA, w tym analizę polimorfizmu („Gene Scan"), sekwencjonowanie materiału genetycznego w technologii Sangera i NGS, syntezę oligonuklotydów standardowych (wysalanych i oczyszczanych HPLC), oligonukleotdów modyfikowanych oraz znakowanych podwójnie sond.

Oferujemy dwa podejścia do analiz genetycznych o charakterze metagenomowym: metabarkoding oparty o amplikony 16S/18S/ITS oraz pełną analizę metagenomiczną typu shotgun. Poza tym w ofercie posiadamy:

sekwencjonowanie de novo całych genomów prokariotycznych i eukariotycznych,
resekwencjonowanie wybranych fragmentów genomów i amplikonów,
sekwencjonowanie eksomów,
sekwencjonowanie całego genomu po reakcji z wodorosiarczynem (WGBS),
sekwencjonowanie transkryptomów (RNA-Seq),
sekwencjonowanie małych RNA.

Oferujemy pełne wsparcie dla naukowców – od przygotowania próbki, izolację DNA po interpretację danych i analizy bioinformatyczne. Angażujemy się w liczne projekty B+R, w tym: diagnostykę nowotworów z wykorzystaniem płynnej biopsji, strategię leczenia chorób neurodegeneracyjnych, tworzenie narzędzi do medycyny spersonalizowanej. W ramach projektu POLGENOM współtworzyliśmy pierwszą polską referencyjną bazę genomową – dzięki sekwencjonowaniu i analizie pełnych genomów zdrowych, długowiecznych Polaków.

Dysponujemy nowoczesnym parkiem technologicznym, w tym sekwenatorami Illumina (MiSeq, NextSeq 550Dx), Element Biosciences (AVITI), Oxford Nanopore (MinION, PromethION), stacjami pipetującymi i robotami laboratoryjnymi. Korzystamy z autorskiego systemu do zarządzania danymi laboratoryjnymi oraz z bezpiecznych platform do udostępniania wyników. Jakość naszych usług potwierdzają certyfikaty European Molecular Genetics Quality Network i Cystic Fibrosis Network. Jesteśmy Laboratorium Rekomendowanym przez Polskie Towarzystwo Genetyki Człowieka.

Za każdym wynikiem stoi nasz zespół – eksperci, którzy łączą pasję do nauki z troską o pacjentów i rozwój medycyny. Rezultaty naszej pracy opublikowane zostały w ponad 20 pracach w prestiżowych czasopismach naukowych. To dzięki tej wiedzy i pasji oferujemy rozwiązania na światowym poziomie.