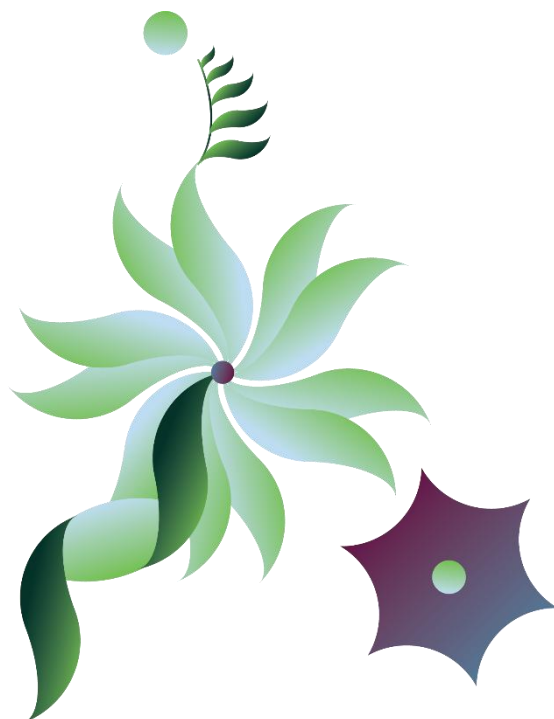


X OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM
MIKROBIOLOGICZNE
METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK



KSIĘGA ABSTRAKTÓW
abstracts book



Katedra Biochemii i Mikrobiologii
Instytut Biologii
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
Warszawa, 29-30 czerwca 2026 roku

**Redakcja Naukowa:**

dr hab. inż. Ewa Górską prof. SGGW

dr hab. Sławomir Orzechowski, prof. SGGW

dr hab. Edyta Zdunek-Zastocka prof. SGGW

dr Aleksandra Chojnacka

dr Małgorzata Grzesiuk-Bieniek

dr Agata Goryluk-Salmonowicz

Przygotowanie KSIĘGI ABSTRAKTÓW:

dr Marianna Krysińska

mgr Marta Galas

mgr Marta Grabska

ISBN 978-83-8237-329-5

Wydawnictwo SGGW

ul. Nowoursynowska 161, 02-787 Warszawa

tel. 22 593 55 22

e-mail: wydawnictwo@sggw.edu.pl

www.wydawnictwo.sggw.edu.pl

ORGANIZATORZY



Instytut Biologii



UMCS
UNIwersYTET MARIi CURIE-SKŁODOWSKIEJ

**KATOLICKI
UNIwersYTET
LUBELSKI**
JANA PAWŁA II

KUL
1918



Instytut Uprawy
Nawożenia i Gleboznawstwa
Państwowy Instytut Badawczy

IUNG

PAN
POLSKA AKADEMIA NAUK

**Komitet
Nauk
Agronomicznych**



**INSTYTUT
AGROFIZYKI**
P A N

PATRONATY HONOROWE



prof. dr hab. Michał Zasada

Rektor Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie



ks. prof. dr hab. Mirosław Kalinowski

Rektor Katolickiego Uniwersytetu Lubelskiego Jana Pawła II, Lublin



Instytut Biologii

dr hab. Sławomir Jaworski, prof. SGGW

Dyrektor Instytutu Biologii,
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie



UMCS
UNIWERSYTET MARII CURIE-SKŁODOWSKIEJ

dr hab. Grzegorz Janusz, prof. UMCS

Dyrektor Instytutu Nauk Biologicznych
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie



dr hab. Maciej Małyk, prof. KUL

Dyrektor Instytutu Nauk Biologicznych,
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Lublin



prof. dr hab. Mariusz Matyka

Dyrektor Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa w Puławach



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

Dyrektor Instytutu Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego
Polskiej Akademii Nauk, Lublin



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

Zastępca Dyrektora ds. Naukowych Instytutu Agrofizyki
im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, Lublin



prof. dr hab. Ryszard Maciejewski

Dziekan Wydziału Medycznego,
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Lublin



UMCS
UNIWERSYTET MARII CURIE-SKŁODOWSKIEJ

dr hab. Anna Matuszewska, prof. UMCS

Dziekan Wydziału Biologii i Biotechnologii
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie



dr hab. Magdalena Pawełkowicz, prof. SGGW

Dziekan Wydziału Biologii i Biotechnologii,
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie



Polskie Towarzystwo Mikrobiologów

PATRONAT HONOROWY



patronat honorowy
Burmistrza dzielnicy
Ursynów

PATRONAT



Prof. dr hab. Radosław Dobrowolski
Rektor Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

PATRONAT NAUKOWY



Polskie
Towarzystwo
Gleboznawcze



PARTNER MERYTORYCZNY



Fundusze Europejskie
dla Rozwoju Społecznego



Rzeczpospolita
Polska

Dofinansowane przez
Unię Europejską



Sektorowa Rada
ds. Kompetencji
Life Sciences

PATRONAT MEDIALNY



Biotechnologia.pl



e-agrotechnika.pl

laboratorium



FORUM

AKADEMICKIE

Biomist.pl



PWN



DOFINANSOWANO ZE ŚRODKÓW BUDŻETU PAŃSTWA

**WEKTORY NAUKI - WSPARCIE
KONFERENCJI NAUKOWYCH**

**X OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE
„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”**

**DOFINANSOWANIE
138 600 zł**

**CAŁKOWITA WARTOŚĆ
216 600 zł**

**DATA PODPISANIA UMOWY
styczeń 2026**

Sympozjum otrzymało dofinansowanie ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego pod nazwą „Wektory Nauki” nr projektu WNK/SP/0336/2025/01
kwota dofinansowania 138 600,00 zł, całkowita wartość projektu 216 600,00 zł



**Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego**



**WEKTORY
NAUKI**



**Minister Nauki
i Szkolnictwa Wyższego**

KOMITET NAUKOWY

Przewodniczący:

prof. dr hab. Adam Jaworski, UŁ, Łódź

dr hab. Tomasz Stępkowski, prof. SGGW, SGGW, Warszawa

Wiceprzewodniczący:

prof. dr hab. Wiesław Barabasz, PANS, Jarosław

prof. dr hab. Dariusz Bartosik, UW, Warszawa

Członkowie:

prof. dr hab. Adam Chomą, UMCS, Lublin

prof. dr hab. Monika Janczarek, UMCS, Lublin

prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka, czł. koresp. PAN, IGR PAN, Poznań

prof. dr hab. Joanna Kruszewska, IBB PAN, Warszawa

prof. dr hab. Zofia Piotrowska-Seget, UŚ, Katowice

prof. dr hab. Stefan Tyski, NIL, Warszawa, Prezes Zarządu Głównego Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów

prof. dr hab. Agnieszka E. Laudy, WUM, Warszawa

prof. dr hab. inż. Jadwiga Wyszowska, UWM, Olsztyn

prof. dr Alessio Mengoni, University of Florence, Italy

prof. dr Adriano Sofo, University of Basilicata, Italy

dr hab. Mieczysław Błaszczuk, prof. SGGW, SGGW, Warszawa

dr hab. inż. Ewa Górską prof. SGGW, SGGW, Warszawa

dr hab. Urszula Jankiewicz prof. SGGW, SGGW, Warszawa

dr hab. Andrzej Mazur prof. UMCS, UMCS, Lublin

dr hab. Sylwia Różalska prof. UŁ, UŁ, Łódź

dr hab. Anna Szafranek-Nakonieczna prof. KUL, KUL, Lublin

dr hab. Marta Wrzosek prof. UW, UW, Warszawa

dr hab. Edyta Zdunek-Zastocka prof. SGGW, SGGW, Warszawa

dr hab. Karolina Furtak, IUNG, Puławy

dr hab. Agnieszka Kuźniar, KUL, Lublin

dr hab. Karolina Oszust, Instytut Agrofizyki PAN, Lublin

dr hab. Anna Pytlak, Instytut Agrofizyki PAN, Lublin

dr hab. Urszula Zielenkiewicz, IBB PAN, Warszawa

dr Aleksandra Chojnacka, SGGW, Warszawa

dr Małgorzata Grzesiuk-Bieniek, SGGW, Warszawa

dr Anna Marzec-Grządziel, IUNG, Puławy

KOMITET ORGANIZACYJNY

Przewodnicząca:

dr Agata Goryluk-Salmonowicz, SGGW, Warszawa

Członkowie z instytucji współorganizujących Sympozjum:

prof. dr hab. Magdalena Frąc, czł. Koresp. PAN, IA PAN, Lublin

prof. dr hab. Anna Gałązka, IUNG PIB, Puławy

dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ściseł, prof. UMCS, Lublin

prof. dr hab. Agnieszka Wolińska, KUL, Lublin

Członkowie komitetu organizacyjnego:

dr hab. Sławomir Jaworski, prof. SGGW, Dyrektor Instytutu Biologii, SGGW, Warszawa

dr hab. Magdalena Stobiecka, prof. SGGW, Z-ca Dyrektora Instytutu Biologii, SGGW, Warszawa

dr hab. Sławomir Orzechowski, prof. SGGW, KBiM, IB, SGGW, Warszawa

dr Chrystian Chomontowski, KBiFR, IB, SGGW, Warszawa

dr Marcin Gradowski, KBiM, IB, SGGW, Warszawa

dr Edmund Kozieł, KBiFR, IB, SGGW, Warszawa

dr Marianna Krysińska, KBiM, IB, SGGW, Warszawa

dr Katarzyna Ratajczak, KFiB, IB, SGGW, Warszawa

dr Marlena Zielińska-Górska, KN, IB, SGGW, Warszawa

mgr Marta Galas, KBiM, IB, SGGW, Warszawa

mgr Marta Grabska, KBiM, IB, SGGW, Warszawa

Sekretariat konferencji:

dr Monika Skawińska, KBiM, IB, SGGW, Warszawa

mgr Izabela Oktała, KBiM, IB, SGGW, Warszawa

mgr Marta Sarzyńska, IB, SGGW, Warszawa

mgr Izabela Szablówicz, KGHIB, IB, SGGW, Warszawa

kontakt:

e-mail: metagenomy2026@sggw.edu.pl

KAPITUŁY NAGRÓD W KONKURSIE DLA MŁODYCH NAUKOWCÓW

Komisje Naukowe ds. oceny i przyznania nagród w konkursie dla młodych naukowców:

Najlepszy plakat:

dr Anna Marzec-Grządziel, IUNG w Puławach – koordynatorka prac komisji
dr hab. Agnieszka Kuźniar, KUL
dr hab. Andrzej Mazur prof. UMCS
dr hab. Anna Pytlak, IA PAN
dr hab. Marta Wrzosek, prof. UW

Najlepszy referat:

dr hab. Karolina Furtak, IUNG w Puławach – koordynatorka prac komisji
prof. dr hab. Adam Choma, UMCS
prof. dr hab. Monika Janczarek, UMCS
prof. dr hab. Joanna Kruszewska, IBB PAN
dr hab. Karolina Oszust, IA PAN

KAPITUŁA NAGRÓD POLSKIEGO TOWARZYSTWA MIKROBIOLOGÓW

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

prof. dr hab. Agnieszka E. Laudy
Warszawski Uniwersytet Medyczny, Sekretarz PTM

prof. dr hab. Magdalena Frąc
czł. koresp. PAN, Instytut Agrofizyki PAN Członkini zwyczajna PTM

prof. dr hab. Anna Gałązka
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, PIB w Puławach Członkini zwyczajna PTM

prof. dr hab. Agnieszka Wolińska
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Członkini zwyczajna PTM

dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ścisieł
prof. UMCS, Uniwersytet Marii Curie Skłodowskiej, Przewodnicząca OT PTM w Lublinie

PROGRAM
X OGÓLNOPOLSKIEGO SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNEGO
„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”
SGGW, Warszawa, 29-30.06.2026 rok

Miejsce obrad: budynek Wydziału Biologii i Biotechnologii SGGW, ul. Nowoursynowska 159
budynek 37, Aula IV

Pierwszy dzień Sympozjum – poniedziałek (29.06.2026)

8:15 – 9:00	Rejestracja uczestników konferencji
9:00 – 9:45	Uroczyste Otwarcie Konferencji dr hab. Sławomir Jaworski, prof. SGGW; dr Agata Goryluk-Salmonowicz; dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ściseł, prof. UMCS; prof. dr hab. Anna Gałązka; prof. dr hab. Agnieszka Wolińska; prof. dr hab. Magdalena Frąc Przywitanie uczestników konferencji przez organizatorów, władze SGGW, władze jednostek współorganizujących oraz przedstawicieli patronów Honorowych i Naukowych
9:45 – 10:00	Wystąpienie przedstawiciela Sektorowej Rady ds. Kompetencji
SESJA INAUGURACYJNA Moderatorzy prowadzący sesję: prof. dr hab. Adam Jaworski; prof. dr hab. Stefan Tyski	
10:00 – 10:40	Wykład inauguracyjny I <u>dr hab. Tomasz Stępkowski, prof. SGGW</u> „Ewolucja i filogeografia bakterii brodawkowych na przykładzie rodzaju Bradyrhizobium”
10:40 – 11:20	Wykład inauguracyjny II <u>prof. dr hab. Wiesław Barabasz</u> „Jak odczytano genom człowieka”
11:20 – 11:30	Dyskusja
11:30 – 12:00	Przerwa kawowa

SESJA I Metagenomika w poznawaniu społeczności mikroorganizmów różnych środowisk Moderatorzy prowadzący sesję: prof. dr hab. Zofia Piotrowska-Seget; prof. dr hab. Anna Gałązka	
12:00 – 12:30	Wykład plenarny I <u>prof. dr hab. Dariusz Bartosik</u> „Udomawianie mobilnego DNA w genomach bakterii”
12:30 – 13:00	Wykład na zaproszenie <u>dr hab. Marta Wrzosek, prof. UW</u> „Rude mrówki leśne (<i>Formica</i> spp.) jako holobionty”
13:00 – 13:15	Referat 1 <u>Piotr Machnicki</u> , Karolina Czarnecka-Chrebelska, Jacek Kordiak, Krzysztof Lewandowski, Filip Bielec, Tomasz Płoszaj, Ewa Brzeziańska-Lasota, Dorota Pastuszek-Lewandoska „Dynamika zmian mikrobiomu płucnego w przebiegu nie drobnokomórkowego raka płuca”
13:15 – 13:30	Referat 2 <u>Jakub Wysokiński</u> , Piotr Koper, Andrzej Mazur „Plazmidowy repertuar wirulencji <i>Legionella lytica</i> : od efektorów do systemów replikacyjnych”
13:30 – 13:45	Referat 3 <u>Paulina J. Wałpuska</u> , Alicja Okraśńska, Zofia Bakuła, Tomasz Jagielski „(Nie)widzialni lokatorzy: prątki niegruźlicze w środowisku domowym, szpitalnym i naturalnym”
13:45 – 14:00	Referat 4 <u>Natalia Wiktorczyk-Kapischke</u> , Anna Budzyńska, Julia Czuba, Katarzyna Grudlewska-Buda, Eugenia Gospodarek-Komkowska1, Krzysztof Skowron „Wpływ subletalnych poziomów czynników stresowych na ekspresję wybranych genów zlokalizowanych na wysepkach przetrwania stresu (SSI) u <i>Listeria monocytogenes</i> ”
14:00 – 14:15	Dyskusja
14:15 – 15:00	Przerwa obiadowa

SESJA II Nowe technologie w monitoringu i wspomaganiu produkcji roślinnej Moderatorzy prowadzący sesję: prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska; prof. dr hab. Magdalena Frąc	
15:00 – 15:30	Wykład plenarny <u>prof. dr hab. Małgorzata Jędryczka</u> „Metagenomika w monitoringu i wspomaganiu produkcji roślinnej”
15:30 – 16:00	Wykład na zaproszenie <u>prof. Adriano Sofo</u> “Metagenomic insights into soil cyanobacterial communities: functional diversity, ecological roles, and implications for sustainable agriculture”
16:00 – 16:15	Referat 5 <u>Monika Malicka</u> , Piotr Siupka, Małgorzata Pawlik, Katarzyna Kasperkiewicz, Zofia Piotrowska-Seget „Genomy promieniowców wspomagających rozwój mykoryzowych grzybów arbuskularnych”
16:15 – 16:30	Referat 6 <u>Maksymilian Emil Nowak</u> , Małgorzata Jędryczka, Witold Irzykowski, Asli Çimen, Mikołaj Dziurzyński, Julia Pawłowska „Hodowle czy Metabarcoding? Wyznaczanie granic w detekcji patogenów grzybowych bobiku (<i>Vicia faba</i>)”
16:30 – 16:45	Referat 7 <u>Yevheniia Smirnova</u> , Iwona Komaniecka, Kamil Żebracki, Adam Choma „Analiza lipidomu <i>Agrobacterium fabrum</i> C58 oraz jego mutantu defektywnego w genie syntazy fosfatydyloserynowej (pssA) w warunkach imitujących proces infekcji”
16:45 – 16:55	Prezentacja firmy Intermag (sponsor konferencji)
16:55 – 17:05	Prezentacja firmy Genxone (sponsor konferencji)
17:05 – 17:20	Dyskusja i krótkie podsumowanie
17:20 – 17:30	Wspólne zdjęcie przed budynkiem Wydziału Biologii i Biotechnologii
19:00	Uroczysta kolacja w budynku Auli Kryształowej SGGW

Drugi dzień Sympozjum – wtorek (30.06.2026)

SESJA III

Wpływ czynników abiotycznych na funkcjonowanie i strukturę mikrobiomów różnych środowisk

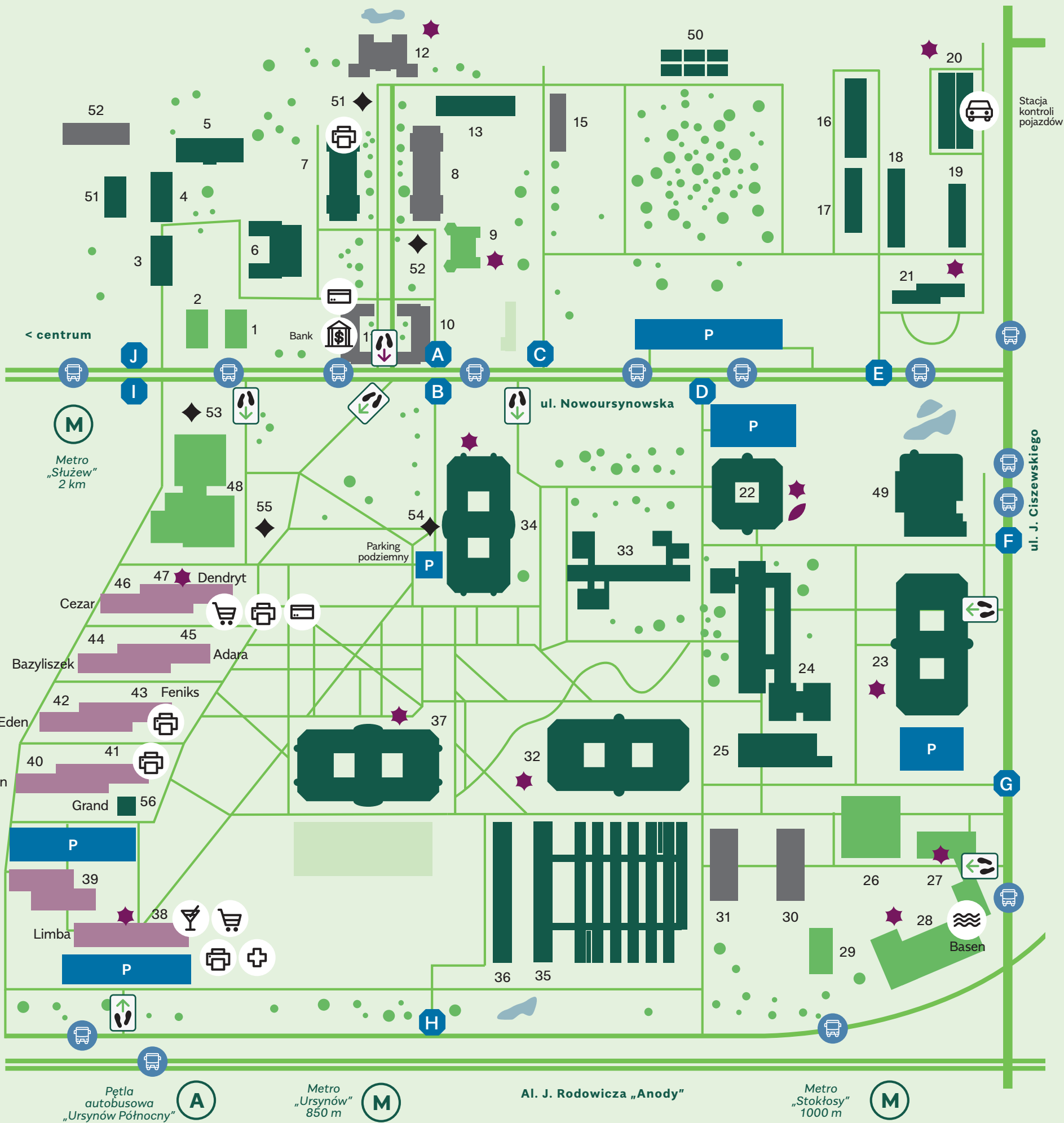
Moderatorzy prowadzący sesję:

dr hab. Urszula Zielenkiewicz; prof. dr hab. Agnieszka Wolińska

9:30 – 10:00	Kawa powitalna, dyskusje plenarne
10:00 – 10:30	Wykład plenarny <u>prof. Alessio Mengoni</u> “Interkingdom interactions and epigenomic plasticity in the evolution of symbiotic bacterial genomes”
10:30 – 10:45	Referat 8 <u>Tomasz Grzyb</u> , Małgorzata Grzyb, Radosław Bonikowski, Justyna Szulc „Endobakteriom i wolatilom inwazyjnej Ambrosia artemisiifolia L. – w poszukiwaniu rdzenia w liściach, korzeniach i nasionach”
10:45 – 11:00	Referat 9 <u>Katarzyna Grudlewska-Buda</u> , Julia Czuba, Natalia Wiktoczyk-Kapischke, Anna Budzyńska, Krzysztof Skowron „Środowisko oczyszczalni ścieków jako rezerwuuar antybiotykoopornych bakterii z grupy ESKAPE”
11:00 – 11:15	Referat 10 <u>Marta Kujawska</u> , Tomasz Leski, Daniel Janowski, Leszek Karliński, Maria Rudawska, Robin Wilga „Zmiany w mykobiomie glebowym daglezi zielonej i modrzewia europejskiego dotkniętych pożarem”
11:15 – 11:30	Referat 11 <u>Rafał Łopucki</u> , Marcei Pacan, Janusz Wójciak, Dagmara Stępień-Pyśniak, Sara Jurczyk, Agnieszka Kuźniar „Wczesna ontogeneza bakteryjnej i grzybowej mikrobioty jelitowej u piskląt ptaków drapieżnych na przykładzie bielika i orlika krzykliwego”
11:30 – 11:45	Referat 12 <u>Mikołaj Wołacewicz</u> , Mikołaj Iwan i wsp. „Antybiotyki jako czynnik ograniczający efektywność pasywnego oczyszczania ścieków oraz funkcjonowanie organizmów wodnych: wyniki badań wielostopniowego systemu laboratoryjnego”
11:45 – 11:55	Prezentacja firmy Novogene (sponsor konferencji)
11:55 – 12:10	Dyskusja
12:10 – 12:30	Przerwa kawowa

12:30 – 13:30	SESJA PLAKATOWA Prezentacja wybranych plakatów młodych naukowców Moderatorzy prowadzący sesję: dr hab. Karolina Furtak; dr Anna Marzec-Grządział
13:30 – 14:30	Przerwa obiadowa
SESJA IV Metagenomika w usprawnianiu procesów biotechnologicznych Moderatorzy prowadzący sesję: Prof. dr hab. Anna Szafranek-Nakonieczna; dr hab. Jolanta Jaroszuk-Ścisiel, prof. UMCS	
14:30 – 15:00	Wykład plenarny <u>dr hab. Sylwia Różalska, prof. UŁ</u> „Grzyby entomopatogenne jako źródło bioaktywnych metabolitów dla biotechnologii”
15:00 – 15:15	Referat 13 <u>Mikołaj Dziurzyński</u> , Sophie Szedlacsek, Maraike Probst, Ursula Peintner, Julia Pawłowska „Od eDNA do izolacji: zastosowanie metabarcodingu do celowanej izolacji nowych gatunków Mortierellaceae z gleb wysokogórskich”
15:15 – 15:30	Referat 14 <u>Natalia Wiktorczyk-Kapischke</u> , Nadja Pracse i wsp. „Sekwencjonowanie całego genomu i charakterystyka fenotypowa Listeria monocytogenes izolowanych z żywności i materiału klinicznego”
15:30 – 15:45	Referat 15 Hanna Mańkowska-Pliszka, Maciej P. Golan, <u>Sebastian Piśtyk</u> „Mikrobiom egipskiej mumii z czasów ptolemejskich: potencjalne wykorzystanie grzybów w bioremediacji terenów skażonych węglowodorami”

15:45 – 16:00	Referat 16 Katarzyna Hryniewicz i wsp. „Mikrobiom halofitów jako łącznik między bezpieczeństwem żywności a rolnictwem zasolonym”
16:00 – 16:20	Dyskusja
16:20 – 16:40	Narada Komisji Konkursowych oceniających referaty i postery
SESJA ZAMYKAJĄCA SYMPOZJUM	
16:40 – 17:00	Panel dyskusyjny podsumowujący Sympozjum Wręczenie nagród
17:00 – 17:15	Uroczyste zakończenie konferencji



Budynki wydziałowe

- 3. 5. 6. 7.** Wydział Ekonomiczny, Drukarnia
- Faculty of Economics, Print House
- 4.** Wydział Socjologii i Pedagogiki
- Faculty of Sociology and Education
- 13.** Pracownia Sztuki Krajobrazu (Wydział Budownictwa i Inżynierii Środowiska)
- Landscape Art Studio (Faculty of Civil and Environmental Engineering)
- 16.** Hala Maszyn Wydziału Technologii Drewna
- Machines Hall of Faculty of Wood Technology
- 17.18.19.** Wydział Inżynierii Produkcji
- Faculty of Production Engineering
- 20.** Hala Maszyn Wydziału Inżynierii Produkcji, Stacja Kontroli Pojazdów
- Machines Hall of Production Engineering, SGGW Vehicle Inspection Station
- 21.** Wydział Inżynierii Produkcji
- Faculty of Production Engineering
- 22.** Klinika Małych Zwierząt
- Small Animals Clinic
- 23.** Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Wydział Hodowli, Bioinżynierii i Ochrony Zwierząt, Centrum Analityczne
- Faculty of Veterinary Medicine, Faculty of Animal Breeding, Bioengineering and Conservation, SGGW Analytics Centre
- 24.** Wydział Medycyny Weterynaryjnej
- Faculty of Veterinary Medicine
- 25.** Zwierzętarnia
- The Animal House
- 32.** Wydział Technologii Żywności, Wydział Żywnienia Człowieka
- Faculty of Food Technology, Faculty of Human Nutrition
- 33.** Wydział Budownictwa i Inżynierii Środowiska
- Faculty of Civil and Environmental Engineering
- 34.** Wydział Leśny, Wydział Technologii Drewna, Wydział Zastosowań Informatyki i Matematyki
- Faculty of Forestry, Faculty of Wood Technology, Faculty of Applied Informatics and Mathematics
- 35.36.** Wydział Ogrodnictwa i Biotechnologii, Wydział Socjologii i Pedagogiki
- Faculty of Horticulture and Biotechnology, Faculty of Sociology and Education
- 37.** Wydział Ogrodnictwa i Biotechnologii, Wydział Rolnictwa i Biologii
- Faculty of Horticulture and Biotechnology, Faculty of Agriculture and Biology

Budynki administracyjne

- 8.** Administracja Uczelni: Biuro Spraw Studenckich, Biuro Współpracy Międzynarodowej, LZA „Promni”, Chór Akademicki
- University Administration: Student's Affairs Office, International Relations Office, Folk Art Group „Promni”, Academic Choir
- 10.** Administracja Uczelni: Biuro Spraw Osobowych, Biuro Promocji, Biuro Karier, Biuro Prasowe
- University Administration: Human Resources Office, Promotion Office, Career Office, Press Office
- 11.** Kwestura, Bank
- Financial Department, Bank
- 12.** Rektorat, Kanclerz
- Rector's and Chancellor's Office
- 15.** Administracja Uczelni
- University Administration
- 30. 31.** Administracja Uczelni
- University Administration
- 52.** Administracja Terenów Zieleni
- Administration Green Estates
- 49.** Centrum Wodne SGGW
- Water Centre of SGGW
- 50.** Ogród Bylinowy - Perennial garden
- 51.** Samodzielna Pracownia Pszczelnictwa
- Independent Beekeeping Laboratory

Domy studenckie

- 38.** Administracja Domów i Stołówek Studenckich
- Administration of Dormitories and Student Canteens
- 38.** Dom studencki „LIMBA”, Przychodnia lekarska, Apteka, Sklep, Drukarnia
- „LIMBA” Dormitory, Ambulatory, Pharmacy, Shop, Printing house
- 39.** Hotel „IKAR”, Agendy studenckie, Kluby turystyczne, AZS, Akademicki Inkubator Przedsiębiorczości, ESN-Erasmus Student Network SGGW - „IKAR” Hotel, Students Organizations, AIP World of Startups, ESN-Erasmus Student Network, Student Council, Academic Sports Association (AZS)
- 40. 41.** Domy studenckie „GRAND” i „HILTON”, Drukarnia
- Dormitories „GRAND” and „HILTON”, Printing house
- 42. 43.** Domy Studenckie „EDEN” i „FENIKS”, Drukarnia, Samorząd Studentów (RUSS)
- Dormitories „EDEN” and „FENIKS”, Printing house, Student Council (RUSS)
- 44. 45.** Domy Studenckie „ADARA” i „BAZYLISZEK”, Orkiestra Reprezentacyjna SGGW (DS Adara)
- Dormitories „ADARA” and „BAZYLISZEK”, Representative Orchestra of SGGW
- 46. 47.** Domy Studenckie „DENDRYT” i „CEZAR”, Sklep
- Dormitories „DENDRYT” and „CEZAR”, Shop

Pomniki

- 51.** Pomnik Edwarda hrabiego Raczyńskiego
- Count Edward Raczyński Monument
- 52.** Pomnik Juliana Ursyna Niemcewicza
- Julian Ursyn Niemcewicz Monument
- 53.** Pomnik Władysława Grabskiego
- Władysław Grabski Monument
- 54.** Pomnik Stanisława Wawrzyńca Staszica
- Stanisław Wawrzyniec Staszic Monument
- 55.** Dąb Jana Pawła II
- Oak of John Paul II

Wjazdy do SGGW

- A** - Brama Główna
B - Parking podziemny
C - Droga do Zrębca
D - Klinika Małych Zwierząt
E - Wydział Inżynierii Produkcji
F - Centrum Wodne
G - Obiekty Sportowe
H - Wjazd od ul. Rodowicza „Anody”
I - Domy Akademickie
J - Wjazd „Pasieka”

- Przystanek autobusowy** - Bus stop
- Bankomat 24h** - ATM
- Sklep** - Shop
- Kluby studenckie** - Student's clubs
- Przychodnia Lekarska** - Student Health Centre
- Apteka** - Drugstore
- Xero**

Klinika weterynaryjna - Veterinary clinic

Automatyczny defibrylator zewnętrzny
- Automated External Defibrillator AED

Parking

SPIS TREŚCI

WYKŁADY INAUGURACYJNE inaugural lectures	28
Ewolucja i filogeografia bakterii brodawkowych na przykładzie rodzaju <i>Bradyrhizobium</i>	29
The Evolution and Phylogeography of Nodule Bacteria Revealed by the Studies of the Genus <i>Bradyrhizobium</i>	29
Jak odczytano genom człowieka	30
How the Human Genome Was Read	30
WYKŁADY PLENARNE I NA ZAPROSZENIE plenary lectures.....	31
Udamawianie mobilnego DNA w genomach bakterii	32
Domestication of Mobile DNA in Bacterial Genomes	32
Metagenomika w monitoringu i wspomaganiu produkcji roślinnej	33
Metagenomics in Monitoring and Support for Plant Production	33
Interkingdom Interactions and Epigenomic Plasticity in the Evolution of Symbiotic Bacterial Genomes	34
Grzyby entomopatogenne jako źródło bioaktywnych metabolitów o potencjale biotechnologicznym	35
Entomopathogenic Fungi as a Source of Bioactive Metabolites with Biotechnological Potential	35
Rude mrówki leśne jako holobionty	36
Red Wood Ants as Holobionts	36
Metagenomic Insights into Soil Cyanobacterial Communities: Functional Diversity, Ecological Roles, and Implications for Sustainable Agriculture	37
REFERATY oral presentations	38
# Endobakteriom i wolatilom inwazyjnej <i>Ambrosia artemisiifolia</i> L. – w poszukiwaniu rdzenia w liściach, korzeniach i nasionach	39
# The Endobacteriome and the Volatilome of Invasive <i>Ambrosia artemisiifolia</i> L. – in Search of the Core in Leaves, Roots, and Seeds	39
# Od eDNA do izolacji: zastosowanie metabarcodingu do celowanej izolacji nowych gatunków <i>Mortierellaceae</i> z gleb wysokogórskich	40
# From eDNA to Isolation: Metabarcoding-informed Targeted Isolation of Novel <i>Mortierellaceae</i> Species from High-Mountain Soils.	40
# Środowisko oczyszczalni ścieków jako rezerwuuar antybiotykoopornych bakterii z grupy ESKAPE	41
# Wastewater Treatment Plant Environment as a Reservoir of Antibiotic-Resistant ESKAPE Bacteria ..	41
Mikrobiom halofitów jako łącznik między bezpieczeństwem żywności a rolnictwem zasolonym	42
Halophyte Microbiomes Linking Food Safety and Saline Agriculture	42
# Zmiany w mykobiomie glebowym daglezi zielonej i modrzewia europejskiego dotkniętych pożarem	43

# Post-fire Soil Mycobiome Dynamics: Greater Resilience in Alien Douglas Fir Than in Native European Larch	43
Wczesna ontogeneza bakteryjnej i grzybowej mikrobioty jelitowej u piskląt ptaków drapieżnych na przykładzie bielika i orlika krzykliwego	44
Early Development of the Bacterial and Fungal Gut Microbiota in Raptor Nestlings: Insights from the White-tailed Eagle and the Lesser Spotted Eagle	44
# Dynamika zmian mikrobiomu płucnego w przebiegu niedrobnokomórkowego raka płuca.....	45
# Dynamics of Lung Microbiome Changes in the Course of Non-small Cell Lung Cancer	45
# Genomy promieniowców wspomagających rozwój mykoryzowych grzybów arbuskularnych.....	46
# The Genomes of Actinobacteria Improving the Growth of Arbuscular Mycorrhizal Fungi	46
Mikrobiom egipskiej mumii z czasów ptolemejskich: potencjalne wykorzystanie grzybów w bioremediacji terenów skażonych węglowodorami.....	47
Microbiome of the Egyptian Ptolomeian Mummy Towards Bioremediation of Hydrocarbon Pollution	47
# Hodowle czy Metabarcoding? Wyznaczanie granic w detekcji patogenów grzybowych bobiku (<i>Vicia faba</i>).....	48
# Culturing or Metabarcoding? Mapping the Boundaries of Pathogenic Fungi Detection in Faba Bean (<i>Vicia faba</i>).....	48
# Analiza lipidomu <i>Agrobacterium fabrum</i> C58 oraz jego mutantu defektywnego w genie syntazy fosfatydyloserynowej (<i>pssA</i>) w warunkach imitujących proces infekcji	49
# Lipidome Analysis of <i>Agrobacterium fabrum</i> C58 and its Mutant Defective in the Phosphatidylserine Synthase Gene (<i>pssA</i>) Under Conditions Imitating the Infection Process.....	49
# (Nie)widzialni lokatorzy: prątki niegruźlicze w środowisku domowym, szpitalnym i naturalnym	50
# (In)visible Tenants: Non-tuberculous Mycobacteria Across Domestic, Clinical, and Natural Environments.....	50
# Sekwencjonowanie całego genomu i charakterystyka fenotypowa <i>Listeria monocytogenes</i> izolowanych z żywności i materiału klinicznego.....	51
# Whole Genome Sequencing and Phenotypic Characterization of <i>Listeria monocytogenes</i> from Food and Clinical Material	51
# Wpływ subletalnych poziomów czynników stresowych na ekspresję wybranych genów zlokalizowanych na wysepkach przetrwania stresu (SSI) u <i>Listeria monocytogenes</i>.....	52
# Effect of Sublethal Levels of Stress Factors on the Expression of Selected Genes Located on Stress Survival Islets (SSIs) in <i>Listeria monocytogenes</i>	52
# Antybiotyki jako czynnik ograniczający efektywność pasywnego oczyszczania ścieków oraz funkcjonowanie organizmów wodnych: wyniki badań wielostopniowego systemu laboratoryjnego.....	53
# Antibiotics as a Factor Limiting the Efficiency of Passive Wastewater Treatment and the Functioning of Aquatic Organisms: Results of a Multi-stage Laboratory System Study	53
# Plazmidowy repertuar wirulencji <i>Legionella lytica</i>: od efektorów do systemów replikacyjnych.....	54
# The Plasmid Virulence Repertoire of <i>Legionella lytica</i> : from Effectors to Replication Systems.....	54

PLAKATY posters.....	55
-----------------------------	-----------

Oddziaływanie prosulfokarbu i polimerów na różnorodność bakterii glebowych.....	56
The Impact of Prosulfocarb and Polymers on Soil Bacterial Diversity.....	56
# Analiza zmian mikrobiomu mikrolistków buraka po inokulacji nasion szczepem <i>Bacillus megaterium</i> B107/23.....	57
# Analysis of Microbiome Shifts in Beetroot Microgreens After Seeds Inoculation with <i>Bacillus megaterium</i> B107/23 Strain.....	57
# Wpływ stresu osmotycznego wywołanego różnymi czynnikami na potencjał metaboliczny społeczności bakterii glebowych.....	58
# The Impact of Osmotic Stress Induced by Different Factors on the Metabolic Potential of Soil Bacterial Communities.....	58
Charakterystyka genomowa <i>Acinetobacter baumannii</i> izolowanych od dzikich ptaków.....	59
Genomic Characterization of <i>Acinetobacter baumannii</i> Isolated from Wild Birds.....	59
Wpływ popiołów z biomasy drzewnej na profil grzybów glebowych.....	60
The Effect of Wood Biomass Ash on the Profile of Soil Fungi.....	60
Oporność bakterii glebowych i odporność <i>Zea mays</i> na stres wywołany przez kadm.....	61
Resistance of Soil Bacteria and the Tolerance of <i>Zea mays</i> to Cadmium-induced Stress.....	61
# Dynamika zmienności i struktura populacji wirusa mozaiki arbuza w uprawach cukinii w Polsce.....	62
# Dynamics and Population Structure of Watermelon Mosaic Virus Infecting Zucchini Crops in Poland.....	62
Różnorodność i ewolucja replikonów plazmidowych w rodzaju <i>Legionella</i>.....	63
Plasmid Replicon Diversity and Evolution in the Genus <i>Legionella</i>	63
Ukryta heterogeniczność sadów jabłoniowych: różnorodność, skład i potencjał funkcjonalny zbiorowisk bakteryjnych w rzędach drzew i międzyrzędziach.....	64
Hidden Heterogeneity in Apple Orchards: Contrasting Bacterial Diversity, Composition, and Functional Potential Between Crop Rows and Inter-rows.....	64
Znaczenie jakości pofermentu: konfiguracja procesu fermentacji beztlenowej kształtuje metabolizm mikrobiomu glebowego i przemiany azotu.....	65
Digestate Quality Matters: Anaerobic Digestion Configuration Shapes Soil Microbial Metabolism and Nitrogen Cycling.....	65
Analiza porównawcza kwasów tłuszczowych uwolnionych z wybranych bakterii Gram-ujemnych oraz z pęcherzyków błonowych (OMVs) wydzielanych przez te bakterie.....	66
Comparative Analysis of Fatty Acids Released from the Selected Gram-negative Bacteria and from OMVs Secreted by These Bacteria.....	66
Analiza zróżnicowania genetycznego bakterii wyizolowanych z brodawek korzeniowych komonicy zwyczajnej (<i>Lotus corniculatus</i>) z wykorzystaniem techniki BOX-PCR.....	67
Analysis of the Genetic Diversity of Bacteria Isolated from the Root Nodules of Birds-foot Trefoil (<i>Lotus corniculatus</i>) Using the BOX-PCR Technique.....	67
Analiza mykologiczna izolatów grzybowych uzyskanych z karp chmielu zwyczajnego (<i>Humulus lupulus</i> L.).....	68
Mycological Analysis of Fungal Isolates Obtained from the Rhizomes of Common Hop (<i>Humulus lupulus</i> L.).....	68
# Mykobiom odchodów dzikich przeżuwaczy: zastosowanie ksyłanaz w przemyśle paszowym.....	69

# Mycobiome of Wild Ruminant Dung: Towards Xylanolytic Activity in the Fodder Industry	69
Wpływ konfiguracji beztlenowego rozkładu melasy buraczanej na dynamikę mikrobiomu oraz potencjał nawozowy pofermentu.....	70
Impact of Sugar Beet Molasses Anaerobic Digestion Configuration on Microbiome Dynamics and Fertilizing Potential of Digestate	70
Wpływ uprawy współrzędnej oraz systemu produkcji rolniczej na mikrobiom gleby i rośliny – podejście genomiczne i metaboliczne.....	71
Impact of Intercropping and Agricultural Production Systems on Soil and Plant Microbiomes: Genomic and Metabolic Approach.....	71
Obieg metanu w glebach: od klasycznych modeli do nowych mechanizmów mikrobiologicznych	72
Methane Cycling in Soils: from Classical Models to Novel Microbiological Mechanisms	72
Ocena aktywności i różnorodności społeczności bakterii w glebach dotkniętych powodzią w perspektywie badań krótko i długoterminowych	73
Assessment of Bacterial Community Activity and Diversity in Flood-affected Soils from a Short- and Long-term Research Perspective	73
Porównanie reakcji mikrobiomu glebowego na stres suszy i stres solny w doświadczeniu wazonowym z pszenicą ozimą.....	74
A Comparison of the Soil Microbiome's Response to Drought Stress and Salt Stress in a Pot Experiment with Winter Wheat	74
Analiza mikrobiomu i różnorodności funkcjonalnej bakterii w zależności od stopnia zanieczyszczenia gleb na przykładzie gleb długoletnio zanieczyszczonych ropą naftową	75
Assessment of the Mycobiome and Functional Diversity of Bacteria Depending on the Degree of Soil Contamination, Based on the Example of Soils Long-term Contaminated with Crude Oil	75
Predykcja funkcji metabolicznych mikrobiomu jako element charakterystyki jakości serów produkowanych w Gospodarstwie Rolnym Ślesin.....	76
Prediction of Metabolic Functions of the Microbiome as an Element of Quality Characterization of Cheeses Produced at Gospodarstwo Rolne Ślesin	76
# Morfologiczna i molekularna identyfikacja grzybów glebowych potencjalnie należących do rodzaju <i>Samsoniella</i>.....	77
# Morphological and Molecular Identification of Soil Fungi Potentially Belonging to the Genus <i>Samsoniella</i>	77
Bioróżnorodność prokaryota w glebie przy zróżnicowanym nawożeniu mineralnym z obornikiem.....	78
Biodiversity of Prokaryotes in Soil under Varied Mineral Fertilisation with Manure.....	78
# Bezpieczeństwo środowiskowe koktajlu fagowego skierowanego przeciwko bakteriom ESKAPEE w modelu ryb słodkowodnych	79
# Environmental Safety of a Bacteriophage Cocktail Targeting ESKAPEE Bacteria in a Freshwater Fish Model.....	79
Funkcjonalny potencjał mikrobiomu nasion sałaty na podstawie analizy sekwencji markerowych	80
Functional Potential of the Lettuce Seed Microbiome Based on Marker Sequence Analysis.....	80
Wpływu fluoksetyny na mikrobiom filtratorów słodkowodnych	81

The Effect of Fluoxetine on the Microbiome of Freshwater Filter Feeders	81
Szczepy <i>Bacillus</i> łagodzą skutki stresu abiotycznego u pszenicy poprzez modulację odpowiedzi osmotycznej, lipidomu i statusu oksydacyjnego roślin.....	82
<i>Bacillus</i> Strains Mitigate the Effects of Abiotic Stress in Wheat by Modulating Osmotic Response, the Plant Lipidome and Oxidative Status	82
Właściwości fitostymulujące i tolerancja na stresory środowiskowe u szczepów <i>Bacillus</i> wspierających pszenicę	83
Plant Growth-promoting Properties and Resistance to Environmental Stressors in <i>Bacillus</i> Strains Supporting Wheat Growth.....	83
# Mykobiom pod presją azotową: co zmienia 20% redukcja nawożenia?.....	84
# Soil Mycobiome under Nitrogen Pressure: What Changes with a 20% Reduction in Fertilization?	84
Zróźnicowanie epidemiologiczne głównych chorób odkleszczowych w Europie i Ameryce Północnej: analiza porównawcza Polski, Włoch oraz Luizjany i Kentucky w USA	85
Epidemiological Variations in Major Tick-borne Diseases in Europe and North America: A Comparative Analysis of Poland, Italy and the US States of Louisiana and Kentucky	85
Abiotyczne uwarunkowania biologicznego wiązania azotu w układzie symbiotycznym rośliny bobowate–<i>Rhizobium</i>	86
Abiotic Factors Influencing Biological Nitrogen Fixation in the Legume– <i>Rhizobium</i> Symbiosis.....	86
Genetyczna identyfikacja szczepów <i>Rhizobium</i> i <i>Bradyrhizobium</i> wyizolowanych z brodawek korzeniowych roślin bobowatych.....	87
Genetic Identification of <i>Rhizobium</i> and <i>Bradyrhizobium</i> Strains Isolated from Root Nodules of Leguminous Plants	87
# Zmiany w mikrobiomie małży w warunkach ekspozycji na antybiotyki i bakterie oporne	88
# Changes in the Mussel Microbiome under Exposure to Antibiotics and Antibiotic-resistant Bacteria	89
Identyfikacja genów wirulencji u opornych na cefalosporyny <i>Escherichia coli</i> izolowanych od bydła.....	90
Identification of Virulence Genes in Cephalosporin-resistant <i>Escherichia coli</i> Isolated from Cattle	90
# Cechy fenotypowe uwzględniające profil metaboliczny grzybów entomopatogennych z rodzaju <i>Akanthomyces</i>	91
# Phenotypic Traits Including the Metabolic Profile of Entomopathogenic Fungi of the Genus <i>Akanthomyces</i>	91
# Identyfikacja molekularna i morfologiczna grzyba entomopatogennego <i>Penicillium soppii</i>	92
# Molecular and Morphological Identification of the Entomopathogenic Fungi <i>Penicillium soppii</i>	92
Metatranskryptomiczna analiza aktywnego mikrobiomu i rezystomu gleb skażonych wielopierścieniowymi węglowodorami aromatycznymi (WWA)	93
Metatranscriptomic Analysis of the Active Microbiome and Resistome of Soils Contaminated with Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs)	93
Różnorodność mikrobiologiczna gleb skażonych w kontekście monitorowania zanieczyszczeń środowiskowych.....	94
Microbial Diversity of Contaminated Soils in the Context of Environmental Pollution Monitoring	94
# Wpływ biostymulatorów na potencjalny profil funkcjonalny mikrobiomu bakteryjnego nasion pomidora.....	95

# The Effect of Biostimulants on the Potential Functional Profile of the Tomato Seeds Bacterial Microbiome	95
Wpływ nanocząstek tlenku cynku (ZnO NPs) na bakterie glebowe promujące wzrost roślin.....	96
The Effect of Zinc Oxide Nanoparticles (ZnO NPs) on Plant Growth-promoting Soil Bacteria	96
Strategia adaptacyjna szczepów grzybowych wyizolowanych z gleby ryzoferowej rzodkiewki (<i>Raphanus sativus</i> var. <i>sativus</i>).....	97
Adaptive Strategies of Fungal Strains Isolated from the Rhizosphere Soil of Radish (<i>Raphanus sativus</i> var. <i>sativus</i>).....	97
Optymalizacja produkcji egzopolisacharydów (EPS) przez <i>Fusarium avenaceum</i> metodą Response Surface Methodology (RSM): wpływ źródła i stężenia węgla oraz azotu	98
Optimization of Exopolysaccharide (EPS) Production by <i>Fusarium avenaceum</i> Using Response Surface Methodology (RSM): The Effect of Carbon and Nitrogen Sources and Concentrations	98
Podłoże hodowlane jako czynnik determinujący aktywność postbiotyków bakterii fermentacji mlekowej.....	99
Culture Medium as a Factor Determining the Activity of Postbiotics Produced by Lactic Acid Bacteria	99
Aktywność metaboliczna <i>Beauveria bassiana</i> w obecności zearalenonu i ekstraktów <i>Fusarium graminearum</i>.....	100
Metabolic Activity of <i>Beauveria bassiana</i> in the Presence of Zearalenone and <i>Fusarium graminearum</i> Extracts	100
Charakterystyka grzybów zasiedlających nasiona soi <i>Glycine max</i> L. w uprawie ekologicznej	101
Characterization of Fungi Colonizing Soybean (<i>Glycine max</i> L.) Seeds in Organic Cultivation	101
Wpływ biostymulatora mikrobiologicznego zawierającego szczepu <i>Bacillus</i> spp. na zmiany w profilu metabolicznym bakterii endofitycznych wyizolowanych z nasion wybranych gatunków warzyw	102
Effect of a Microbiological Biostimulant Based on <i>Bacillus</i> spp. on Changes in the Metabolic Profile of Endophytic Bacteria Isolated from Seeds of Selected Vegetable Species	102
Pierwszy wgląd w strukturę i ładunek genetyczny genomów oportunistycznej bakterii <i>Cronobacter turicensis</i>.....	103
First Insights into the Structure and Genetic Content of the Genomes of the Opportunistic Bacterium <i>Cronobacter turicensis</i>	103
Fotoautotroficzne mikroorganizmy tworzące biocrust pola uprawnego	104
Photoautotrophic Microorganisms Forming the Biocrust of the Cultivated Field	104
Wpływ inokulacji podłoża hodowlanego i nasion przez <i>Priestia megaterium</i> (<i>Bacillus megaterium</i>) B107/23 na mykobiom mikrolistków kolendry.....	105
The Effect of Inoculating the Culture Medium and Seeds with <i>Priestia megaterium</i> (<i>Bacillus megaterium</i>) B107/23 on the Mycobiome of Coriander Microgreens	105
Impact of Zinc Oxide Nanoparticles on Soil Bacterial Microbiome Structure Assessed by PacBio 16S Amplicon Sequencing.....	106
Reakcja mikrolistków rzodkiewki (<i>Raphanus sativus</i>) na obecność grzybów endofitycznych (<i>Serendipita indica</i>) i arbuskularnych	107
Response of radish microgreens (<i>Raphanus sativus</i>) to the presence of endophytic (<i>Serendipita indica</i>) and arbuscular fungi.	107

# Wpływ metrybuzyny na aktywność metaboliczną <i>Hirsutella</i> spp.	108
# Effects of Metribuzin on the Metabolic Activity of <i>Hirsutella</i> spp.	108
Wpływ środowiska halofilnego Kopalni Soli Bochnia na aktywność antybakteryjną i enzymatyczną bytujących w niej grzybów.....	109
Impact of the Halophilic Environment of the Bochnia Salt Mine on the Antibacterial and Enzymatic Activity of the Fungi Living There.....	109
# Wpływ inokulacji <i>Priestia megaterium</i> na profil węglowodanów mikrolistków rzodkiewki.....	110
# Effect of <i>Priestia megaterium</i> Inoculation on the Carbohydrate Profile of Radish Microgreens	110
Ocena przeciwrzybiczych szczepów <i>Trichoderma</i> na wczesny rozwój fasoli.....	111
Evaluation of Antifungal <i>Trichoderma</i> Strains in Early Bean Development	111
# Porównanie składu taksonomicznego zbiorowisk bakteryjnych zasiedlających ryzosferę bobu w roślinach zdrowych oraz chorych	112
# Comparison of the Taxonomic Composition of Bacterial Communities Inhabiting the Rhizosphere of Healthy and Diseased Fava Bean Plants.....	112
Wykorzystanie metagenomiki do identyfikacji i usprawniania procesów fermentacji roślinnej.....	113
Metagenomics for the Identification and Optimization of Plant-Based Fermentation Processes	113
Wpływ suplementacji glukooligosachydami na strukturę i różnorodność mikrobioty jelitowej pszczoł.....	114
Impact of Glucooligosaccharide Supplementation on the Structure and Diversity of the Honeybee Gut Microbiota	114
Potencjał biotechnologiczny szczepów <i>Phyllobacterium</i> sp. W zrównoważonej produkcji roślinnej.....	115
Biotechnological Potential of <i>Phyllobacterium</i> sp. Strains in Sustainable Crop Production	115
Wyzwania i perspektywy rozwoju preparatów mikrobiologicznych – od badań laboratoryjnych do aplikacji polowej.	116
Challenges and Prospects for the Development of Microbial Products: From Laboratory Research to Field Application	116
# Sezonowa dynamika różnorodności mikroorganizmów glebowych uprawie współrzędnej pszenicy i koniczyny.....	117
# Seasonal Dynamics of Soil Microbial Diversity in Wheat-clover Intercropping Cultivation	117
# Mikroorganizmy ryzosferowe z gleb zanieczyszczonych jako potencjalne biostymulatory wspomagające wzrost roślin w środowiskach zdegradowanych.....	119
# Rhizosphere Microorganisms from Contaminated Soils as Potential Biostimulants for Enhancing Plant Growth in Degraded Environments	119
# Wykorzystanie lotnych związków organicznych produkowanych przez bakterie z rodzaju <i>Bacillus</i> do ochrony biologicznej przed <i>Fusarium avenaceum</i>	120
# Use of Volatile Organic Compounds Produced by <i>Bacillus</i> Bacteria for the Biological Control of <i>Fusarium avenaceum</i>	120
Wpływ dwuletniej aplikacji przetworzonych odpadów ligno-celulozowych na aktywność i różnorodność mikroorganizmów glebowych w wybranych uprawach ogrodnich	121
The Effect of a Two-year Application of Processed Lignocellulosic Waste on the Activity and Diversity of Soil Microorganisms in Selected Horticultural Crops	121

Grzyby z rodzaju <i>Fusarium</i> jako czynnik biodeterioracji: implikacje środowiskowe i metody kontroli.....	122
<i>Fusarium</i> Fungi as a Biodeterioration Agent: Environmental Implications and Control Methods.....	122
# Potencjał bioaktywnych związków pochodzących z glonów morskich w poprawie zdrowia jelit: implikacje dla ograniczenia stosowania antybiotyków w hodowli zwierząt	123
# Potential of Seaweed-derived Bioactive Molecules to Improve Gut Health: Implications for Reducing Antibiotic Use in Animal Farming.....	123
Splash jako wektor transportu mikrobioty glebowej.....	124
Splash as a Vector of Soil Microbiota Transport	124
# Projektowanie i wstępna ocena konsorcjów mikroorganizmów wspomagających wzrost roślin na glebach zanieczyszczonych metalami	125
# Design and Preliminary Evaluation of Microbial Consortia for Enhancing Plant Growth in Metal-Contaminated Soils	125
Zastosowanie activity-annotated molecular networking w odkrywaniu bioaktywnych morskich produktów naturalnych o aktywności przeciwbakteryjnej	126
Application of Activity-Annotated Molecular Networking in the Discovery of Bioactive Marine Natural Products with Antibacterial Activity.....	126
# Struktura mykobiomu i profil metaboliczny grzybów endofitycznych roślin ruderalnych z terenów zanieczyszczonych ropą naftową.....	127
# Mycobiome Structure and Metabolic Profile of Endophytic Fungi from Ruderal Plants in Oil-contaminated Areas.....	128
# Różnorodność grzybów arktycznej plastisfery	129
# Fungal Diversity of the Arctic Plastisphere.....	129
Charakterystyka wybranych izolatów bakterii i grzybów ryzosferowych pszenicy na podstawie analizy sekwencji 16S rRNA i ITS oraz ich potencjału w mobilizacji mikroelementów	130
Characterization of Selected Rhizosphere Bacterial and Fungal Isolates from Wheat Based on 16S rRNA and ITS Sequence Analysis and Their Potential for Micronutrient Mobilization.....	130
Preparaty mikrobiologiczne a mikrobiom glebowy – znaczenie dla funkcjonowania agroekosystemów	131
Microbial Preparations and the Soil Microbiome – Implications for Agroecosystem Functioning	131
Mikrobiom gleby zanieczyszczonej chromem (VI) i obsianej <i>Zea mays</i>.....	132
Microbiome of Soil Contaminated with Chromium (VI) and Sown with <i>Zea mays</i>	132
Charakterystyka genomowa <i>Acinetobacter baumannii</i> niosących gen <i>blaOXA-51</i>	133
Whole-genome Characteristics of <i>Acinetobacter baumannii</i> Carrying <i>blaOXA-51</i>	133
Endofity roślin jadalnych jako potencjalny rezerwuuar antybiotykooporności w środowisku rolniczym	134
Edible Plants Endophytes as a Potential Reservoir of Antibiotic Resistance in Agricultural Environments	134
Metagenomika wirusów zbóż w Polsce: od znanych do nowo wykrytych gatunków	135
Metagenomic of Polish Cereal Viruses: from Known to New Species	135

**Zintegrowana analiza bioinformatyczna genomu *Rhizobium leguminosarum*:
identyfikacja hipotetycznych acetylotransferaz typu GNAT związanych z odpowiedzią
na stres 136**

Integrated Bioinformatic Analysis of the *Rhizobium leguminosarum* Genome: Identification of Putative
GNAT-type Acetyltransferases Associated with the Stress Response 136

**Analiza filogenetyczna szczepów *Rhizobium leguminosarum* wyizolowanych z brodawek
korzeniowych bobiku (*Vicia faba*) techniką BOX-PCR..... 137**

Phylogenetic Analysis of *Rhizobium leguminosarum* Strains Isolated from Root Nodules of Faba Bean
(*Vicia faba*) Using the BOX-PCR Technique 138

SPONSORZY..... 139

WYKŁADY INAUGURACYJNE

inaugural lectures



Ewolucja i filogeografia bakterii brodawkowych na przykładzie rodzaju *Bradyrhizobium*

Tomasz Stępkowski

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

Skład gatunkowy społeczności mikroorganizmów kształtuje się pod wpływem selekcji, mutacji, dryftu genetycznego oraz rozprzestrzeniania się bakterii. Te cztery czynniki odgrywają też zasadniczą rolę w ewolucji bakterii brodawkowych, ewolucja których zależy ponadto od ewolucji ich gospodarzy roślinnych z rodziny Fabaceae. Badania filogenetyczne symbiontów bakteryjnych roślin należących do plemienia Genisteae wykazały dominację szczepów należących do rodzaju ***Bradyrhizobium***. Szczepy ***Bradyrhizobium*** infekujące Genisteae należą do trzech (***Bradyrhizobium japonicum***, ***B. elkanii*** oraz ***B. jicamae***) spośród siedmiu głównych grup zidentyfikowanych na podstawie wielogenowych analiz filogenetycznych. Szczepy te grupują się ponadto w obrębie sześciu kładów (spośród 16 znanych) wyodrębnionych na podstawie filogenezy genów symbiotycznych. O ile ewolucja kładu II, dominującego w Basenie Morza Śródziemnego oraz w zachodnich częściach Ameryki Południowej i Północnej, wydaje się być ściśle związana z ewolucją samych Genisteae, pozostałe symbiotyczne kłady w obrębie ***Bradyrhizobium*** grupują szczepy zakażające różne plemiona Fabaceae. Odzwierciedla to uniwersalne zjawisko „ewolucyjnego oportunizmu” polegające na adaptacji symbiontów ryzobiowych do lokalnych gospodarzy roślinnych. Badania filogenetyczne szczepów ***Bradyrhizobium*** wykazały istotne znaczenie izolacji geograficznej, wynikające głównie z ograniczonych możliwości rozprzestrzeniania się Fabaceae. Zjawisko to zaobserwowano w trakcie badań izolatów ***Bradyrhizobium*** pochodzących przede wszystkim z Australii oraz południowej części Afryki, tj. z obszarów będących głównymi centrami różnicowania się Fabaceae.

The Evolution and Phylogeography of Nodule Bacteria Revealed by the Studies of the Genus *Bradyrhizobium*

Microbial communities are shaped by selection, mutation, genetic drift, and bacterial dispersal. These four factors also play a fundamental role in the evolution of root-nodule bacteria, whose evolution is also dependent on the evolution of their Fabaceae hosts. Phylogenetic studies of bacterial symbionts of plants belonging to the Genisteae tribe have revealed the dominance of strains belonging to the genus ***Bradyrhizobium***. ***Bradyrhizobium*** strains infecting Genisteae belong to three (***Bradyrhizobium japonicum***, ***B. elkanii***, ***B. jicamae***) of the seven major groups identified thanks to multigene phylogenetic analyses. These strains also group within six major symbiotic gene clades (out of 16). While the evolution of Clade II, the dominant group in the Mediterranean Basin and western South and North America, appears to be closely linked to the evolution of the Genisteae, the remaining symbiotic clades group strains infecting various Fabaceae tribes. This reflects a rather universal phenomenon of "evolutionary opportunism," which involves the adaptation of rhizobial symbionts to local plant hosts. Phylogenetic studies of ***Bradyrhizobium*** strains have demonstrated the importance of geographic isolation, resulting primarily from the limited dispersal potential of their Fabaceae hosts. This phenomenon was observed during studies of ***Bradyrhizobium*** isolates originating primarily from Australia and southern Africa, areas that are the main centers of Fabaceae diversification.

Jak odczytano genom człowieka

Anna Pikulicka, Wiesław Barabas

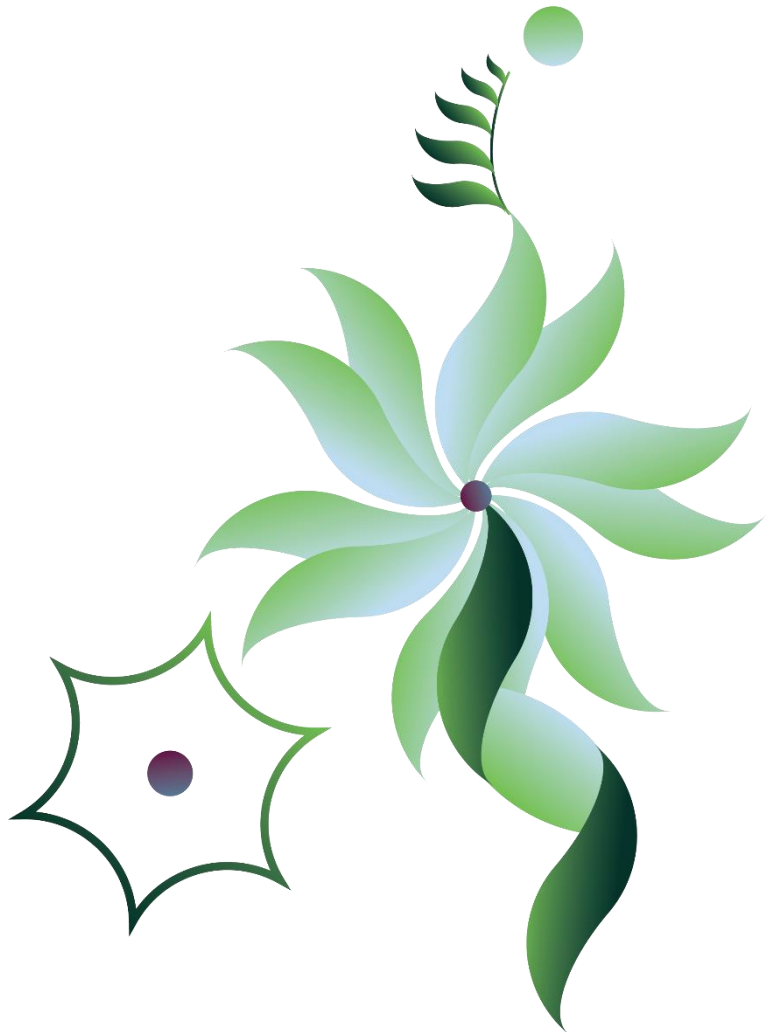
Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Jarosławiu

Najważniejszym przedsięwzięciem związanym z poznaniem ludzkiego genomu był międzynarodowy projekt badawczy zwany Human Genome Project. Rozpoczęto go w 1990 roku z inicjatywy naukowców ze Stanów Zjednoczonych, Wielkiej Brytanii, Japonii, Francji, Niemiec i Chin. Głównym celem projektu było ustalenie pełnej sekwencji DNA człowieka oraz identyfikacja wszystkich genów znajdujących się w genomie. Odczytanie genomu człowieka było jednym z największych osiągnięć naukowych XX i XXI wieku. Proces odczytywania genomu był bardzo skomplikowany. W początkowym okresie wykorzystywano głównie metodę opracowaną przez Frederick Sanger. W trakcie realizacji projektu pojawiła się także konkurencja ze strony prywatnej firmy Celera Genomics, kierowanej przez J. Craig Venter. W czerwcu 2000 roku ogłoszono ukończenie pierwszej roboczej wersji sekwencji genomu człowieka. Był to historyczny moment dla biologii i medycyny. Następnie przez kolejne lata naukowcy poprawiali dokładność danych i uzupełniali brakujące fragmenty. Oficjalne zakończenie Human Genome Project ogłoszono w 2003 roku. Ustalono wówczas ponad 99% sekwencji genomu z dokładnością przekraczającą 99,99%. Odczytanie genomu człowieka przyniosło wiele korzyści przede wszystkim w medycynie, diagnostyce oraz rozwijanie medycyny spersonalizowanej, w której leczenie dostosowuje się do indywidualnych cech genetycznych pacjenta.

How the Human Genome Was Read

The most important international research effort to understand the human genome was the Human Genome Project. It began in 1990 at the initiative of scientists from the United States, Great Britain, Japan, France, Germany, and China. The project's primary goal was to determine the complete human DNA sequence and identify all the genes contained within the genome. Decoding the human genome was one of the greatest scientific achievements of the 20th and 21st centuries. The process of decoding the genome was highly complex. Initially, the method developed by Frederick Sanger was primarily used. During the project, competition also emerged from the private company Celera Genomics, headed by J. Craig Venter. In June 2000, the completion of the first working draft of the human genome sequence was announced. This was a historic moment for biology and medicine. Over the following years, scientists improved the accuracy of the data and filled in the missing fragments. The official conclusion of the Human Genome Project was announced in 2003. At that time, over 99% of the genome sequence had been determined, with an accuracy exceeding 99.99%. Deciphering the human genome has brought many benefits, primarily in medicine, diagnostics, and the development of personalized medicine, in which treatment is tailored to the patient's individual genetic characteristics.

WYKŁADY PLENARNE
I NA ZAPROSZENIE
plenary lectures



Udamawianie mobilnego DNA w genomach bakterii

Dariusz Bartosik

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

Dzięki rozwojowi genomiki uzyskaliśmy szczegółowy wgląd w organizację genomów bakteryjnych. Powszechnie wiadomo, że charakterystyczną cechą wielu z nich jest wieloreplikonowy charakter, wynikający z obecności pozachromosomowych replikonów o zróżnicowanej wielkości, właściwościach i ewolucyjnym pochodzeniu. Wśród nich dominują wszędobylskie plazmidy, które stanowią główne naturalne wektory horyzontalnego transferu genów. Duża mobilność plazmidów w znacznym stopniu determinuje ich zmienność, utrudniając jednocześnie odtworzenie historii ewolucyjnej tych replikonów w dłuższych przedziałach czasowych. Jednak analizy genomowe ujawniły także istnienie udomowionych replikonów – plazmidów, megaplazmidów i chromidów – które od dziesiątek, a nawet setek milionów lat współewoluują z określonymi grupami taksonomicznymi bakterii, towarzysząc im w kolejnych etapach specjacji. Tak bezprecedensowy związek określonego typu replikonu z wąską grupą blisko spokrewnionych gatunków rodzi istotne pytania dotyczące zarówno przyczyn powstania, jak i molekularnych, fizjologicznych oraz ewolucyjnych konsekwencji tak ścisłej i długotrwałej asocjacji.

Finansowanie badań z tej tematyki: Narodowe Centrum Nauki (grant nr: DEC-2022/47/B/NZ8/03264)

Domestication of Mobile DNA in Bacterial Genomes

Advances in genomics have provided unprecedented insights into the structure and organization of bacterial genomes. A characteristic feature of many genomes is their multireplicon organization, resulting from the presence of diverse extrachromosomal replicons that vary in size, properties, and evolutionary origin. Among these, plasmids are by far the most widespread and constitute the primary natural mediators of horizontal gene transfer. The remarkable mobility of plasmids is a key driver of their diversity. At the same time, however, it makes reconstructing their long-term evolutionary history particularly challenging. Nevertheless, comparative genomic analyses have revealed the existence of domesticated replicons – including plasmids, megaplasmids, and chromids – that have been remained stably associated with particular bacterial lineages for tens or even hundreds of millions of years, persisting through multiple speciation events. This unprecedented linkage of one structural type of plasmid with a narrow group of related species raises important questions about the causes and effects (at the molecular, physiological and evolutionary levels) of such a close long-term association.

Metagenomika w monitoringu i wspomaganiu produkcji roślinnej

Małgorzata Jędryczka

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Metagenomika stanowi jedną z najdynamiczniej rozwijających się dziedzin biologii molekularnej i biotechnologii, znajdując szerokie zastosowanie w nowoczesnym rolnictwie. Polega ona na analizie materiału genetycznego mikroorganizmów obecnych w środowisku bez konieczności ich wcześniejszej izolacji i hodowli laboratoryjnej. Dzięki zastosowaniu technik sekwencjonowania DNA możliwe jest poznanie składu oraz funkcji całych społeczności mikroorganizmów występujących w glebie, wodzie, na powierzchni roślin oraz wewnątrz ich tkanek. Analiza mikrobiomu i patobiomu z zastosowaniem technik metagenomicznych odgrywa istotną rolę w monitoringu środowiska rolniczego oraz w udoskonalaniu produkcji roślinnej przyczyniając się do zwiększania wydajności produkcji roślinnej poprzez poprawę zdrowotności roślin uprawnych i ograniczenie negatywnego wpływu rolnictwa na środowisko. Dzięki niej możliwe jest szybsze wdrażanie działań ochronnych, ograniczenie strat plonów oraz bardziej precyzyjne stosowanie środków ochrony roślin. Metagenomika wspiera tym samym rozwój integrowanej ochrony roślin oraz rolnictwa precyzyjnego. Rozwój technologii sekwencjonowania oraz bioinformatyki sprawia, że metagenomika ma szansę, by w przyszłości odgrywać coraz większą rolę w zapewnieniu bezpieczeństwa żywnościowego i ochronie środowiska naturalnego.

Metagenomics in Monitoring and Support for Plant Production

Metagenomics is one of the most rapidly developing fields of molecular biology and biotechnology, finding wide applications in modern agriculture. It involves the analysis of the genetic material of microorganisms present in the environment without the need for their prior isolation and cultivation in laboratory conditions. Due to the application of DNA sequencing techniques, it is possible to determine the composition and functions of entire microbial communities occurring in soil, water, on plant surfaces, and within plant tissues. The analysis of the microbiome and pathobiome using metagenomic techniques plays an important role in monitoring the agricultural environment and improving crop production by contributing to increased agricultural effectiveness through enhancing the health of cultivated plants and reducing the negative environmental impact of agriculture. It enables the faster implementation of protective measures, reduction of crop losses, and more precise application of plant protection products. In this way, metagenomics supports the development of integrated pest management and precision agriculture. The development of sequencing technologies and bioinformatics gives metagenomics the potential to play an increasingly important role in ensuring food security and protecting the natural environment in the future.

Interkingdom Interactions and Epigenomic Plasticity in the Evolution of Symbiotic Bacterial Genomes

Alessio Mengoni, Francesca Coscione, Camilla Fagorzi, Iacopo Passeri,
Francesca Vaccaro

Department of Biology, University of Florence, Italy
alessio.mengoni@unifi.it

Understanding how bacterial genomes generate functional diversity in complex environments remains a central challenge in genetics and microbiology. Symbiotic systems provide a powerful framework to investigate how ecological interactions shape gene regulation, genome organization, and evolutionary trajectories. The nitrogen-fixing symbiosis between bacteria called rhizobia and leguminous plants, in particular, offers a model to explore how bacterial adaptation emerges from the interplay between genomic architecture and environmental context.

Here, we investigate how epigenomic plasticity and interkingdom interactions contribute to the functional and evolutionary dynamics of the symbiotic bacterium *Sinorhizobium meliloti*. Genome-wide analyses of DNA methylation patterns reveal a highly dynamic and heterogeneous epigenomic landscape across its multipartite genome, supporting the existence of a “pan-epigenome” that may modulate gene expression and generate phenotypic variability.

By examining genotype-by-genotype interactions between *S. meliloti* and soil fungi, we show that interkingdom cross-talk induces extensive transcriptomic reprogramming in both partners. These responses involve a large fraction of genes with unknown function, suggesting that interaction-dependent traits are embedded within the so called “unknome” and are largely invisible under standard laboratory conditions.

From an evolutionary perspective, these findings highlight how ecological interactions may expose and select for context-dependent gene functions, contributing to genome diversification. The multipartite genome of *S. meliloti*, shaped by horizontal gene transfer, provides a flexible substrate for the integration of novel functions, while epistatic interactions among genetic elements and regulatory layers, including epigenetic modifications, may further constrain or enable adaptive responses. In this view, gene function emerges not as an intrinsic property, but as a context-dependent feature shaped by networks of interactions across genomes and environments.

By integrating epigenomics and cross-omics approaches within ecologically relevant systems, this work frames symbiosis as a model to investigate how bacterial genomes evolve and function in interaction-rich environments, shedding light on the hidden layers of regulation and evolution underlying microbial life.

Grzyby entomopatogenne jako źródło bioaktywnych metabolitów o potencjale biotechnologicznym

Sylwia Różalska, Marta Nowak-Lange, Monika Nowak-Marczyk

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

Grzyby entomopatogenne stanowią ekologicznie zróżnicowaną grupę mikroorganizmów zdolnych do infekowania i zabijania owadów. Ze względu na swoje właściwości biologiczne są one coraz powszechniej wykorzystywane w praktyce rolniczej jako ekologiczna alternatywa dla syntetycznych insektycydów. Rosnące zainteresowanie wzbudza jednak nie tylko ich potencjał biokontrolny, lecz także zdolność do produkcji metabolitów wtórnych. Związki te pełnią u grzybów entomopatogennych istotne funkcje w przebiegu patogenезy, konkurencji międzygatunkowej, komunikacji chemicznej oraz adaptacji do zróżnicowanych nisz ekologicznych. Wykazują one ponadto znaczący potencjał aplikacyjny – zarówno w rolnictwie, gdzie mogą wspierać rozwój nowych biopestycydów i strategii biokontroli, jak i w medycynie jako potencjalne źródło nowych substancji terapeutycznych. Praktyczne wykorzystanie tych metabolitów wymaga jednak dalszych badań nad mechanizmami ich działania, selektywnością, bezpieczeństwem stosowania oraz wpływem na organizmy niedocelowe. Pomimo dynamicznego rozwoju narzędzi omicznych, potencjał biosyntetyczny grzybów entomopatogennych, związany zwłaszcza z produkcją metabolitów wtórnych, pozostaje jedynie częściowo poznany i w znacznym stopniu niewykorzystany.

***Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki,
Grant:2024/53/B/NZ9/01058***

Entomopathogenic Fungi as a Source of Bioactive Metabolites with Biotechnological Potential

Entomopathogenic fungi are an ecologically diverse group of microorganisms capable of infecting and killing insects. Because of their biological properties, they are increasingly being used in agricultural practice as an ecological alternative to synthetic insecticides. However, growing interest is focused not only on their biocontrol potential but also on their ability to produce secondary metabolites. In entomopathogenic fungi, these compounds play an important role in pathogenesis, interspecific competition, chemical communication, and adaptation to diverse ecological niches. Moreover, they exhibit significant application potential – both in agriculture, where they may support the development of new biopesticides and biocontrol strategies, and in medicine, as a potential source of new therapeutic substances. However, the practical use of these metabolites requires further research into their mechanisms of action, selectivity, safety of application, and effects on non-target organisms. Despite the dynamic development of omics tools, the biosynthetic potential of entomopathogenic fungi, particularly that associated with the production of secondary metabolites, remains only partially understood and largely underexploited.

The research was funded by the NCN, Poland, Grant No. 2024/53/B/NZ9/01058

Rude mrówki leśne jako holobionty

Marta Wrzosek, Igor Siedlecki

Ogród Botaniczny, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa
Instytut Biologii Ewolucyjnej, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa

Rude mrówki leśne to grupa kilku gatunków, znanych również jako grupa ***Formica rufa***, które żyją w siedliskach leśnych strefy klimatu umiarkowanego oraz mają zdolność do hybrydyzacji. Pełnią w środowisku istotne role ekologiczne wpływając znacząco na populacje bezkręgowców, a pośrednio na rośliny i zwierzęta kręgowce. W związku z ich istotnym znaczeniem w biocenozie zyskały miano inżynierów ekosystemowych i w Polsce podlegają ochronie gatunkowej. Przeprowadzono badania dotyczące mykobioty mrówek – zarówno powierzchni ich ciała, jak o zawartości kieszonek policzkowych ***Formica polyctena***. Przeanalizowano obecność licznych form drożdżowych – zarówno gatunków należących do typu ***Ascomycota*** jak i ***Basidiomycota***. Oceniono obecność grzybów należących do gatunku ***Aegeritella superficialis*** 50 lat po opisie gatunku w lokalizacji typowej wykazując, że oryginalny opis odnosi się do dwóch gatunków żyjących w konsorcjum. Co więcej, rodzaj ***Aegeritella*** jest polifiletyczny, a gatunek ***A. superficialis***, należący do rodziny Readeriellipsidaceae zawiera gatunek kryptyczny. Wykazano, że metagenom grzybowy ***Formica polyctena*** w dużej mierze odzwierciedla specyfikę siedliska.

Red Wood Ants as Holobionts

Red wood ants are a group of several species, also known as the ***Formica rufa*** group, which inhabit forest habitats in temperate climates and are capable of hybridization. They play important ecological roles in the environment, significantly influencing invertebrate populations and, indirectly, plants and vertebrates. Due to their significant importance in the biocoenosis, they have earned the title of ecosystem engineers and are protected species in Poland. Studies were conducted on the mycobiota of ants—both the surface of their bodies and regarding the contents of the infrabuccal pockets of ***Formica polyctena***. The presence of numerous yeast forms—including species belonging to both the ***Ascomycota*** and ***Basidiomycota*** phyla—was analyzed. The occurrence of fungi belonging to the species ***Aegeritella superficialis*** was assessed 50 years after the species' description at a type locality, demonstrating that the original description refers to two species living in a consortium. Furthermore, the genus ***Aegeritella*** is polyphyletic, and the species ***A. superficialis***, belonging to the family Readeriellipsidaceae, contains a cryptic species. It has been shown that the fungal metagenome of ***Formica polyctena*** largely reflects the characteristics of its habitat.

Metagenomic Insights into Soil Cyanobacterial Communities: Functional Diversity, Ecological Roles, and Implications for Sustainable Agriculture

Adriano Sofo¹, Rosangela Adesso¹, Hazem S Elshafie¹,
Mohammad Yaghoubi Kanghahi^{1,2}

¹Department of Agricultural, Forestry, Food and Environmental Sciences (DAFE),
University of Basilicata, Potenza, Italy.

²Department of Soil, Plant and Food Sciences (DiSSPA), University of Bari “Aldo Moro”, Bari, Italy.

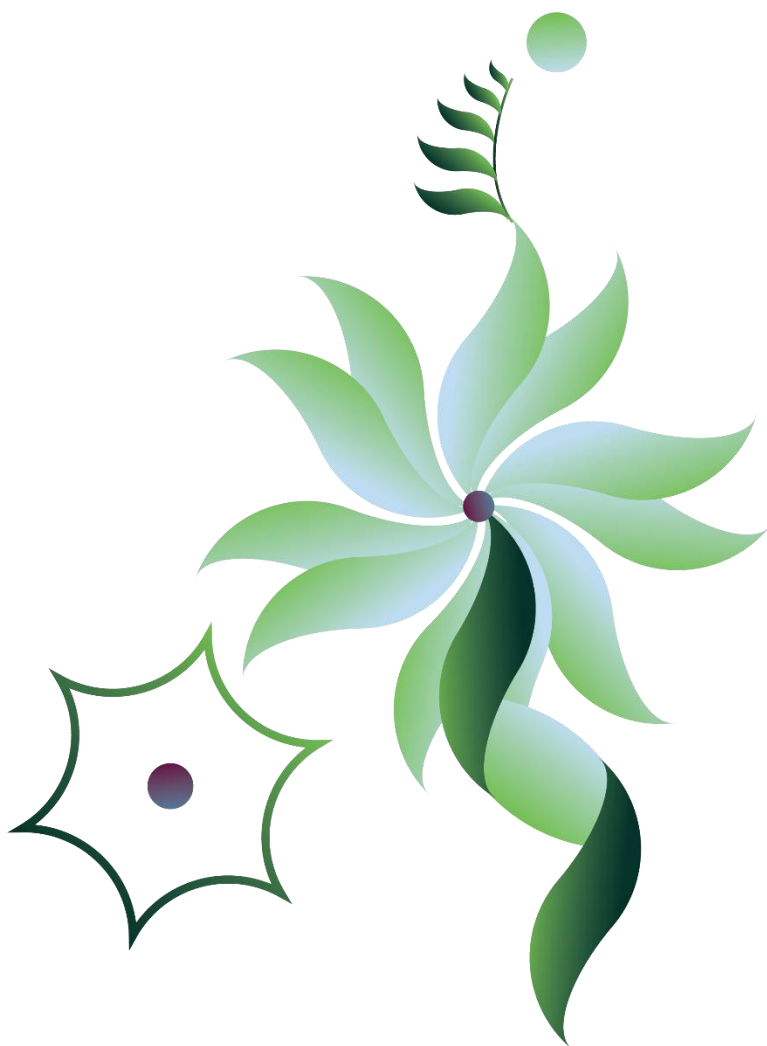
Soil cyanobacteria are key components of terrestrial microbial consortia, contributing to primary production, biological nitrogen fixation, soil aggregation, nutrient cycling, and plant-microbe interactions. By combining evidence from cyanobacteria-dominated communities enriched under nitrogen-free conditions, this abstract highlights how metagenomic and metabolomic approaches can resolve the ecological organization and functional potential of these microorganisms across agricultural and non-agricultural soil systems.

In a Mediterranean olive (*Olea europaea* L.) orchard managed for more than two decades, sustainable practices increased the abundance of cultivable cyanobacteria-enriched communities compared with conventional management (0.408×10^2 vs. 0.240×10^2 cells g⁻¹ fresh soil) and promoted greater phylogenetic diversity and distinct bacterial community clustering. Community shifts were marked by a transition from Leptolyngbya-dominated assemblages under conventional management toward higher representation of Nodosilinea under sustainable management, together with the consistent occurrence of heterocystous Nostoc.

Untargeted metabolomics detected 494 metabolic features and revealed strong functional divergence between management systems. Conventional management was associated with enhanced lipid, fatty acid, and vitamin biosynthetic pathways, consistent with stress-related metabolic investment. In contrast, sustainably managed soils favoured amino acid biosynthesis and signalling- and hormone-related metabolites, including cytokinins and ethylene, suggesting stronger integration of cyanobacteria-dominated assemblages within plant-soil-microbe interactions and nitrogen transfer processes.

Complementary analysis across cropland and non-agricultural terrestrial habitats further showed that land use and season shaped community composition more strongly than within-sample alpha diversity. Environmental signals were captured mainly by shifts in cyanobacteria-associated heterotrophic partners, whereas filamentous cyanobacteria remained comparatively stable components of these functionally selected consortia. Together, these findings indicate that soil cyanobacteria and their associated bacteria act as sensitive bioindicators and functional agents of soil resilience, supporting their use in sustainable agriculture, soil restoration, and ecosystem-based climate adaptation strategies.

REFERATY oral presentations



Endobakteriom i wolatilom inwazyjnej *Ambrosia artemisiifolia* L. – w poszukiwaniu rdzenia w liściach, korzeniach i nasionach

Tomasz Grzyb¹, Małgorzata Grzyb², Radosław Bonikowski², Justyna Szulc¹

¹Katedra Biotechnologii Środowiskowej, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności,
Politechnika Łódzka, Łódź

²Instytut Surowców Naturalnych i Kosmetyków, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności,
Politechnika Łódzka, Łódź

Ambrozja bylicolistna (*Ambrosia artemisiifolia* L.) należy do najbardziej ekspansywnych i alergizujących gatunków roślin inwazyjnych w Europie, o nierozpoznanych mechanizmach inwazji.

W niniejszej pracy po raz pierwszy scharakteryzowano endobakteriom liści, korzeni i nasion *A. artemisiifolia*, z sześciu stanowisk o różnym profilu siedliskowym, metodą metataksonomiczną w oparciu o sekwencjonowanie regionu V3-V4 16S rDNA i analizę danych (DNBSeq; baza GTDB, QIIME2, R, PICRUST2, PGPT-Pred). Najniższą α -różnorodnością charakteryzowały się nasiona, a PERMANOVA potwierdziła grupowanie prób według tkanki. Rdzeń endobakteriomu, odrębny od rdzenia glebowego, tworzyły cztery rodzaje wskaźnikowe: *Pantoea*, *Paenibacillus*, *Neorhizobium* i *Pseudomonas*; analiza różnicowa wykazała różnice zwłaszcza w obrębie *Alpha*- i *Gammaproteobacteria*. Rdzeń funkcjonalny obejmował 32 cechy PGPT-Pred (poz. 4).

Równolegle oznaczono profil LZO dwuwymiarową techniką GC×GC-MS i zbadano jego korelację ze strukturą endobakteriomu. Profil LZO zawierał związki o potencjale allelopatycznym, takie jak farneszen i β -kariofilen oraz rzadkie terpeny, jak α -izokomen. Spójne wzorce obserwowane pozwalają opisać *A. artemisiifolia* w perspektywie holobiontu i otwierają drogę do identyfikacji mikrobiologiczno-chemicznych mechanizmów jej sukcesu inwazyjnego.

The Endobacteriome and the Volatilome of Invasive *Ambrosia artemisiifolia* L. – in Search of the Core in Leaves, Roots, and Seeds

Common ragweed is one of the most expansive and allergenic invasive plant species in Europe, with poorly understood mechanisms of invasion.

In this study, the endobacteriome of leaves, roots, and seeds of *A. artemisiifolia* was characterised for the first time, across six sites with diverse habitat profiles, using a V3-V4 16S rDNA-based metataxonomic approach (DNBSeq; GTDB database, QIIME2, R, PICRUST2, PGPT-Pred). Seeds showed the lowest α -diversity, and PERMANOVA confirmed grouping by tissue. The endobacteriome core, distinct from the soil core, comprised four indicator genera: *Pantoea*, *Paenibacillus*, *Neorhizobium*, and *Pseudomonas*. Differential abundance analysis revealed differences mainly within *Alpha*- and *Gammaproteobacteria*. The functional core comprised 32 PGPT-Pred Lv4 traits.

In parallel, the VOC profile was determined by two-dimensional GC×GC-MS, and its correlation with endobacteriome structure was assessed. The VOC profile contained compounds with allelopathic potential, such as farnesene, β -caryophyllene, as well as rare terpenes, including α -isocomen. The observed consistent patterns enable us to describe *A. artemisiifolia* from a holobiont perspective and pave the way toward identifying the microbiological-chemical mechanisms underlying its invasive success.

Od eDNA do izolacji: zastosowanie metabarcodingu do celowanej izolacji nowych gatunków *Mortierellaceae* z gleb wysokogórskich

Mikołaj Dziurzyński¹, Sophie Szedlacsek², Maraike Probst², Ursula Peintner², Julia Pawłowska¹

¹Instytut Biologii Ewolucyjnej, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Polska

²Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Leopolda i Franciszka w Innsbrucku, Austria

Mortierellaceae to kosmopolityczna rodzina szybko rosnących grzybów glebowych o istotnym znaczeniu biotechnologicznym i ponad 150-letniej historii badań taksonomicznych. Mimo tak ugruntowanej pozycji, metabarkodowanie środowiskowego DNA (eDNA) wciąż ujawnia ogromną, nieopisaną różnorodność filogenetyczną pozbawioną reprezentantów w kolekcjach kultur.

W niniejszej pracy, korzystając z bazy GlobalFungi, porównaliśmy górskie sekwencje eDNA z referencyjnym zestawem sekwencji z kultur. Zidentyfikowaliśmy 28 410 potencjalnie nowych sekwencji zgrupowanych w 813 molekularnych jednostek taksonomicznych. Profilowanie ekologiczne największych klastrów wykazało podział na linie związane z lasami regla dolnego oraz linie ściśle przystosowane do warunków wysokogórskich. Poprawność zastosowanego podejścia potwierdziliśmy na przykładzie niedawno opisanego rodzaju ***Cryptocalciella***. Aby ułatwić celowaną izolację tych organizmów, uruchomiliśmy portal MortiMap (<https://mdziurzynski.github.io/MortiMap/>).

Badanie to pokazuje, jak metaanaliza danych eDNA może skutecznie kierować kulturomiką oraz odkryciami taksonomicznymi w zagrożonych ekosystemach alpejskich.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu MOFALE (nr 2024/06/Y/NZ8/00013).

From eDNA to Isolation: Metabarcoding-informed Targeted Isolation of Novel *Mortierellaceae* Species from High-Mountain Soils.

Mortierellaceae is a cosmopolitan family of fast-growing soil fungi with significant biotechnological importance and over 150 years of taxonomic research. Despite this well-established status, environmental DNA (eDNA) metabarcoding continues to reveal vast, undescribed phylogenetic diversity lacking representation in culture collections.

In this study, we used the GlobalFungi database to compare mountain eDNA sequences against a curated, culture-derived reference dataset. We identified 28,410 potentially novel sequences clustered into 813 molecular operational taxonomic units. Ecological profiling of the most abundant clusters revealed two distinct groups: one associated with lower-elevation forest biomes, and another adapted to high-altitude habitats with strong affinities for montane shrublands. We validated our analytical framework using the recently described genus ***Cryptocalciella***. To facilitate the targeted isolation of novel taxa, we launched MortiMap (<https://mdziurzynski.github.io/MortiMap/>), a dedicated web portal for exploring undescribed clusters.

This study demonstrates that eDNA meta-analysis can effectively guide culturomics and taxonomic discovery in threatened mountain ecosystems.

This research was funded by the Polish National Science Centre, project MOFALE (no. 2024/06/Y/NZ8/00013)

Środowisko oczyszczalni ścieków jako rezerwuár antybiotykoopornych bakterii z grupy ESKAPE

Katarzyna Grudlewska-Buda, Julia Czuba, Natalia Wiktoczyk-Kapischke,
Anna Budzyńska, Krzysztof Skowron

Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Narastająca antybiotykooporność bakterii stanowi istotne wyzwanie współczesnej medycyny i zdrowia publicznego. Szczególne znaczenie mają drobnoustroje z grupy ESKAPE, obejmującej wankomycynooporne **Enterococcus faecium** (VRE), metycylinooporne **Staphylococcus aureus** (MRSA) oraz pałeczki **Klebsiella pneumoniae**, **Acinetobacter baumannii**, **Pseudomonas aeruginosa** **Enterobacter** spp. wytwarzające karbapenemazy. Celem pracy była ocena częstości występowania bakterii ESKAPE w środowisku oczyszczalni ścieków z wykorzystaniem screeningowych metod fenotypowych. Badaniem objęto 532 próbki ścieków komunalnych i szpitalnych, z których wyizolowano 2580 szczepów bakteryjnych. Wykazano obecność 805 szczepów pałeczek Gram-ujemnych wytwarzających karbapenemazy, 379 szczepów VRE oraz 44 szczepów MRSA. Najwięcej szczepów antybiotykoopornych wykryto w ściekach oczyszczonych i pochodzących z kolektorów szpitalnych. Wyniki podkreślają konieczność stałego nadzoru mikrobiologicznego nad oczyszczalniami ścieków w kontekście zagrożeń epidemiologicznych i zdrowia publicznego.

Badania finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki przyznanych na podstawie decyzji nr 2023/51/D/NZ9/02265 w konkursie SONATA-19

Wastewater Treatment Plant Environment as a Reservoir of Antibiotic-Resistant ESKAPE Bacteria

The increasing antibiotic resistance of bacteria constitutes a significant challenge for modern medicine and public health. Of particular importance are microorganisms belonging to the ESKAPE group, including vancomycin-resistant **Enterococcus faecium** (VRE), methicillin-resistant **Staphylococcus aureus** (MRSA), and carbapenemase-producing strains of **Klebsiella pneumoniae**, **Acinetobacter baumannii**, **Pseudomonas aeruginosa**, and **Enterobacter** spp. The aim of the study was to assess the prevalence of ESKAPE bacteria in the wastewater treatment plant environment using screening phenotypic methods. The study included 532 samples of municipal and hospital wastewater, from which 2,580 bacterial strains were isolated. The presence of 805 carbapenemase-producing Gram-negative bacilli, 379 VRE strains, and 44 MRSA strains was demonstrated. The highest number of antibiotic-resistant strains was detected in treated wastewater and wastewater originating from hospital sewage collectors. The results highlight the need for continuous microbiological surveillance of wastewater treatment plants in the context of epidemiological threats and public health.

This work was supported by the National Science Centre, Poland, under Project No. 2023/51/D/NZ9/02265 SONATA-19 competition

Mikrobiom halofitów jako łącznik między bezpieczeństwem żywności a rolnictwem zasolonym

Katarzyna Hryniewicz^{1,2}, Debosmita Chakraborty¹, Dominika Thiem^{1,2},
Bliss U. Furtado^{1,2}, Kristine Petrosyan¹, Edyta Deja-Sikora¹, Sonia Szymańska^{1,2},
Marcin Gołębiewski², Matteo Marangi¹, Marcin Sikora², Katarzyna Tomczak¹,
Adam Kutymba¹, Laura Pietruszka¹, Antonella Castagna³, Kate Negacz⁵, Nadia Bazihizina⁴

¹Department of Microbiology, Faculty of Biological and Veterinary Sciences,
Nicolaus Copernicus University in Toruń, Poland

²Institute for Advanced Studies, Nicolaus Copernicus University in Toruń, Poland

³Department of Agriculture, Food and Environment, University of Pisa, Italy

⁴Department of Biology, University of Florence, Italy

⁵Environmental Studies, Vrije Universiteit Amsterdam, the Netherlands

Zasolenie gleb wymaga upraw opartych na roślinach i mikroorganizmach przystosowanych do stresu osmotycznego. W projektach SaliFood i SaltyBEATS mikrobiom ***Salicornia europaea*** L. traktujemy jako łącznik między bezpieczeństwem żywności halofitycznej a projektowaniem odpornych systemów rolnictwa zasolonego. W SaliFood analizowano glebę, ryzosferę, korzenie i pędy ***S. europaea*** z europejskich siedlisk zasolonych, łącząc oznaczenia hodowlane wybranych HPMO z profilowaniem amplikonów 16S rRNA. Wyniki wskazują, że zasolenie nie jest prostą barierą ochronną, lecz filtrem ekologicznym zależnym od organu rośliny, tożsamości bakterii i lokalnego mikrobiomu. W SaltyBEATS tę wiedzę przenosimy do doświadczeń z uprawą współrzedną ***S. europaea*** i Kernza® (***Thinopyrum intermedium***), inokulacją AMF oraz fenotypowaniem ryzosfery metodą BIOLOG. Integracja obu projektów pozwala przejść od opisu mikrobiomu halofitów do projektowania rozwiązań opartych na naturze dla bezpiecznej, bioróżnorodnej i odpornej produkcji na glebach zasolonych.

Finansowanie/Funding: NCN OPUS SaliFood (2019/33/B/NZ9/02803); Biodiversa+ European Biodiversity initiative (BiodivNBS) and NCN, Poland (UMO-2024/06/Y/NZ9/00139) SaltyBEATS project; POB OBSIDIAN.

Halophyte Microbiomes Linking Food Safety and Saline Agriculture

Soil salinisation requires cropping strategies based on plants and microorganisms adapted to osmotic stress. In the SaliFood and SaltyBEATS projects, we view the microbiome of ***Salicornia europaea*** L. as a link between the food safety of halophytic crops and the design of resilient saline agriculture. Within SaliFood, bulk soil, rhizosphere, roots and shoots of ***S. europaea*** from European saline habitats were analysed by combining culture-based enumeration of selected HPMOs with 16S rRNA amplicon profiling. The results indicate that salinity is not a simple protective barrier, but an ecological filter whose effect depends on plant compartment, bacterial identity and local microbiome context. SaltyBEATS translates this knowledge into intercropping experiments with ***S. europaea*** and Kernza® (***Thinopyrum intermedium***), AMF inoculation and BIOLOG-based rhizosphere phenotyping. Integrating both projects moves from halophyte microbiome description towards nature-based design of safe, biodiverse and resilient farming systems for salt-affected soils.

Funding: NCN OPUS SaliFood (2019/33/B/NZ9/02803); Biodiversa+ European Biodiversity initiative (BiodivNBS) and NCN, Poland (UMO-2024/06/Y/NZ9/00139) SaltyBEATS project; POB OBSIDIAN.

Zmiany w mykobiomie glebowym daglezji zielonej i modrzewia europejskiego dotkniętych pożarem

Marta Kujawska, Tomasz Leski, Daniel Janowski, Leszek Karliński, Maria Rudawska, Robin Wilgan

Instytut Dendrologii Polskiej Akademii Nauk, Kórnik

Pożary lasów odgrywają istotną rolę w kształtowaniu ekosystemów leśnych na świecie. Choć do tej pory były stosunkowo rzadkie w Europie Środkowo-Wschodniej, ich częstość wzrasta w wyniku nasilających się ekstremalnych zjawisk pogodowych oraz letnich susz. Zrozumienie zmian mikrobiomu glebowego staje się kluczowe dla prowadzenia zrównoważonej gospodarki leśnej. W niniejszym badaniu analizowano proces regeneracji mykobiomu glebowego po pożarze na eksperymentalnych powierzchniach z rodzimym modrzewiem europejskim (*Larix decidua*) oraz obcym gatunkiem – daglezją zieloną (*Pseudotsuga menziesii*), rosnących w bezpośrednim sąsiedztwie w Leśnym Zakładzie Doświadczalnym Zwierzyniec w centralnej Polsce. Zbiorowiska grzybów glebowych analizowano metodą sekwencjonowania nowej generacji (NGS) regionu ITS w latach 2021–2023, w siedmiu terminach po pożarze.

Na spalonych powierzchniach drzewostanów daglezjowych stwierdzono wyższą różnorodność mykobiomu oraz większą obfitość grzybów ektomykoryzowych w porównaniu z drzewostanami modrzewiowymi. Oba gatunki wykazywały podobną dynamikę zmian zbiorowisk grzybowych w czasie, jednak daglezja zachowała lepszą kondycję, podczas gdy modrzewie szybko utraciły igły i obumarały.

Badania sfinansowano ze środków Instytutu Dendrologii PAN (DEC-2024/04/ZB/FBW/06).

Post-fire Soil Mycobiome Dynamics: Greater Resilience in Alien Douglas Fir Than in Native European Larch

Wildfires are key drivers of forest ecosystems worldwide. Although historically rare in Central and Eastern Europe, their frequency is increasing due to intensifying extreme weather events and summer droughts. Understanding belowground microbial responses is therefore essential for sustainable forest management. We investigated post-fire soil mycobiome recovery in native European larch (*Larix decidua*) and alien Douglas fir (*Pseudotsuga menziesii*) growing adjacently under comparable conditions in the Zwierzyniec Experimental Forest (Central Poland). Soil fungal communities were analyzed using ITS metabarcoding (NGS) over three years (2021–2023) at seven time points following the fire. Burned Douglas fir stands exhibited higher mycobiome diversity and greater abundance of ectomycorrhizal fungi compared to larch stands. Both species showed similar temporal trajectories of fungal community change; however, Douglas fir maintained better vitality, whereas larch rapidly defoliated and died. These results indicate higher post-fire resilience of Douglas fir-associated mycobiomes, though its use in forestry should be considered cautiously due to its non-native status.

The project was financially supported by the Institute of Dendrology PAS (DEC-2024/04/ZB/FBW/06).

Wczesna ontogeneza bakteryjnej i grzybowej mikrobioty jelitowej u piskląt ptaków drapieżnych na przykładzie bielika i orlika krzykliwego

Rafał Łopucki¹, Marcei Pacan^{1,5}, Janusz Wójciak², Dagmara Stępień-Pyśniak³,
Sara Jurczyk⁴, Agnieszka Kuźniar⁵

¹Instytut Nauk Biologicznych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II,

²Lubelskie Towarzystwo Ornitologiczne,

³Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie,

⁴Instytut Informatyki, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II,

⁵Instytut Nauk Medycznych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

Wczesny rozwój mikrobioty jelitowej jest jednym z kluczowych procesów wpływających na fizjologię, odporność i kondycję kręgowców, jednak u dzikich ptaków drapieżnych kształtowanie się mikrobioty na wczesnym (gniazdowym) etapie życia jest słabo poznane. Badano determinanty kształtujące mikrobiotę jelitową piskląt dwóch sympatrycznie występujących gatunków ptaków drapieżnych (bielika *Haliaeetus albicilla* i orlika krzykliwego *Clanga pomarina*), w tym wpływ przynależności gatunkowej, ekologię troficzną rodziców oraz środowisko gniazdowe. Materiał do badań zebrano podczas obrączkowania piskląt w ich naturalnym środowisku. Skład mikrobioty analizowano na podstawie markerów 16S rRNA i ITS. Wykazano odmienną strukturę zespołów, istotne różnice we wskaźnikach różnorodności α oraz β , a także różnice w przewidywanym potencjale funkcjonalnym mikrobioty między badanymi gatunkami. Stwierdzono też różne wzorce zmienności sieci bakteryjno-grzybowych zależne od wieku. Odległość geograficzna między gniazdami nie była istotnym czynnikiem różnicującym mikrobiotę. Badania dostarczają rzadkich danych referencyjnych i mogą mieć znaczenie w ekologii i ochronie gatunków drapieżnych.

Early Development of the Bacterial and Fungal Gut Microbiota in Raptor Nestlings: Insights from the White-tailed Eagle and the Lesser Spotted Eagle

Early development of the gut microbiota is one of the key processes influencing the physiology, immunity, and condition of vertebrates. However, in wild raptors, microbiota assembly during the early, nestling stage of life remains poorly understood. This study investigated the determinants shaping the gut microbiota of nestlings of two sympatric raptor species, the White-tailed Eagle (*Haliaeetus albicilla*) and the Lesser Spotted Eagle (*Clanga pomarina*), including the effects of host species identity, parental trophic ecology, and the nest environment. The study material was collected during the ringing of nestlings in their natural environment. Microbiota composition was analyzed based on 16S rRNA and ITS markers. The results revealed distinct community structures, significant differences in α - and β -diversity indices, and differences in the predicted functional potential of the microbiota between the studied species. Age-dependent differences in the variability patterns of bacterial-fungal networks were also observed. Geographic distance between nests was not a significant factor in differentiating the microbiota. These findings provide rare reference data and may be relevant to the ecology and conservation of raptor species.

Dynamika zmian mikrobiomu płucnego w przebiegu niedrobnokomórkowego raka płuca

Piotr Machnicki, Karolina Czarnecka-Chrebelska, Jacek Kordiak, Krzysztof Lewandowski, Filip Bielec, Tomasz Płoszaj, Ewa Brzezińska-Lasota, Dorota Pastuszek-Lewandoska

Uniwersytet Medyczny w Łodzi

Interakcje między mikrobiomem a gospodarzem mogą wpływać na rozwój niedrobnokomórkowego raka płuca (NDRP). Aby wyeliminować niespójności metodologiczne poprzednich badań, zastosowano model oparty na sparowanych próbkach tkanki płuca.

Do badania włączono 32 pacjentów z NDRP. Od każdego pobrano tkankę guza oraz kontrolną tkankę z makroskopowo niezmienionego, przyległego obszaru płuca. Wyniki sekwencjonowania regionu V3-V4 genu 16S rRNA, analizowano narzędziem QIIME2.

W tkance guza odnotowano obniżenie różnorodności alfa i beta, co wskazuje na zmniejszoną złożoność mikrobiologiczną i większą homogenność mikrośrodowiska. Skład taksonomiczny obu grup był zbliżony. W obu dominował rodzaj **Escherichia-Shigella** (ok. 12%). Analiza zmienności w odniesieniu do odległości przestrzennej między próbkami wykazała trend ku istotności statystycznej ($p=0,07$; $R^2=0,207$). Zmiany mikrobiomu w NDRP są bardziej widoczne na poziomie ekologicznym (uproszczenie struktury społeczności) niż taksonomicznym. Tkanka sąsiadująca z guzem nie stanowi w pełni neutralnej kontroli ze względu na wpływ bliskości nowotworu. Stała obecność **Escherichia-Shigella** sugeruje jego potencjał jako biomarkera w badaniach nad NDRP.

Badania sfinansowane przez Fundację im. Jakuba hr. Potockiego

Dynamics of Lung Microbiome Changes in the Course of Non-small Cell Lung Cancer

Interactions between the microbiome and the host may contribute to non-small cell lung cancer (NSCLC) progression. To overcome previous methodological inconsistencies, our study employed a paired, tissue-based design.

Samples were collected from 32 patients with NSCLC, including tumor tissue from the lesion core and matched control tissue from adjacent lung tissue. NGS results of the V3-V4 region of the 16S rRNA gene, were analyzed using a QIIME2 workflow.

Tumor tissue showed a reduction in alpha and beta diversity, indicating decreased microbial complexity and increased community homogeneity. At the taxonomic level, overall composition was similar, with **Escherichia-Shigella** identified as the dominant genus (~12% in both tissue types). Microbiome variation relative to spatial distance between samples revealed a strong trend toward statistical significance ($p=0,07$; $R^2=0,207$). Microbiome alterations in NSCLC manifest primarily as community simplification at the ecological level rather than taxonomic replacement. Tumor-adjacent tissue may not serve as a fully neutral control due to tumor proximity and sampling geometry. The consistent presence of **Escherichia-Shigella** highlights its potential as a candidate biomarker for further investigation in NSCLC.

This research was funded by Fundacja im. Jakuba hr. Potockiego

Genomy promieniowców wspomagających rozwój mykoryzowych grzybów arbuskularnych

**Monika Malicka, Piotr Siupka, Małgorzata Pawlik, Katarzyna Kasperkiewicz,
Zofia Piotrowska-Seget**

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

Interakcje pomiędzy roślinami, grzybami i bakteriami w ryzosferze cechuje wysoki poziom złożoności. Najpowszechniejszą symbiozą w ryzosferze jest mykoryza arbuskularna, w której arbuskularne grzyby mykoryzowe (AMF – ang. Arbuscular Mycorrhizal Fungi) kolonizują korzenie, wymieniając się z rośliną składnikami odżywczymi. Strzępki AMF są obficie zasiedlone przez bakterie, w tym bakterie wspomagające mykoryzę (ang. MHB – Mycorrhiza Helper Bacteria). Celem badań była genotypowa i fenotypowa ocena potencjału promieniowców MHB do wspomagania mykoryzoremediacji. Promieniowce wyizolowano ze strzępek grzybowych pobranych z gleby skażonej wielopierścieniowymi węglowodorami aromatycznymi (WWA) i poddano selekcji pod kątem tolerancji WWA oraz potencjału do promowania wzrostu roślin. Stosując kultury korzeni włóknikowatych marchwi i AMF wybrano promieniowce różniące się typem oddziaływania z AMF: szczepy MHB, neutralne i antagonistyczne. Analiza genomów tych promieniowców umożliwiła identyfikację genów kodujących enzymy uczestniczące w metabolizmie węgla, azotu i fosforu, rozkładzie WWA oraz biosyntezie metabolitów wtórnych. Wykazano wśród nich geny potencjalnie związane z promowaniem wzrostu roślin oraz z synergistycznymi lub antagonistycznymi oddziaływaniami względem AMF.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki (2022/47/D/NZ8/03432).

The Genomes of Actinobacteria Improving the Growth of Arbuscular Mycorrhizal Fungi

Interactions between plants, fungi and bacteria in the rhizosphere are characterized by the highest level of complexity. The most common symbiosis in the rhizosphere is the arbuscular mycorrhiza, where arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) colonize roots and exchange nutrients with plants. AMF hyphae are abundantly colonized by bacteria, including mycorrhiza helper bacteria (MHB). The aim of research was the genotypic and phenotypic assessment of the potential of MHB actinobacteria to improve mycorrhizoremediation. Actinobacteria were isolated from the fungal hyphae, obtained from the soil contaminated with polynuclear aromatic hydrocarbons (PAHs), and selected for their tolerance to PAHs and plant growth-promoting (PGP) features. Root organ cultures of carrot and AMF were used to select actinobacteria demonstrating different interactions with AMF: MHB, neutral and antagonists. The genome mining of these bacteria revealed the genes encoding: the enzymes involved in the metabolism of carbon, phosphorus and nitrogen, and PAH degradation; the secondary metabolites and enzymes involved in PGP and the synergism and antagonisms towards AMF.

The research was funded by the National Science Centre, Poland (2022/47/D/NZ8/03432).

Mikrobiom egipskiej mumii z czasów ptolemejskich: potencjalne wykorzystanie grzybów w bioremediacji terenów skażonych węglowodorami

Hanna Mańkowska-Pliszka¹, Maciej P. Golan², Sebastian Piłsyk³

¹Zakład Anatomii Prawidłowej i Klinicznej, Warszawski Uniwersytet Medyczny

²Instytut Psychologii, Akademia Pedagogiki Specjalnej im. Marii Grzegorzewskiej, Warszawa.

³Instytut Biochemii i Biofizyki, Polskiej Akademii Nauk

Badana mumia jest przechowywana w Muzeum Katedry Anatomii Prawidłowej i Klinicznej Uniwersytetu Medycznego w Warszawie. Sposób przygotowania mumii (ewisceracja, usunięcie mózgu) wskazuje na wysoki status społeczny z mumifikowanego mężczyzny pochodzącego z wczesnej dynastii Ptolemeusza (305 r. p.n.e.-30 r. n.e). Podczas badań antropologicznych skupiono się na identyfikacji mikroorganizmów wpływających na stan zachowania żywicy balsamującej (wosku pszczelego), które pojawiły się w trakcie transportu mumii z Egiptu do Polski (1959-62r.). W związku z konserwacją mumii tylko nieliczne mikroorganizmy przetrwały na jej powierzchni. W jamach twarzoczaszki zidentyfikowano *Bacillus cereus* i *Kocuria palustris*. Jamę nosową zasiedlały zarodniki *Penicillium corylophilum*, natomiast powierzchnię brzucha - *P. sumatraense*. Ponieważ *Penicillium* spp. znane są ze swojej aktywności hydrolitycznej, zbadano te izolaty. Jeden z gatunków wykazał znaczną zdolność do hydrolizy wosku pszczelego i rozkładu węglowodorów alifatycznych, takich jak parafina. Badania enzymatyczne wskazują, że degradacja zachodzi z udziałem peroksygenaz. Ponadto *Penicillium* spp. wykazują silną zdolność do zakwaszania otaczającego środowiska, co stanowi zagrożenie dla bezpieczeństwa i integralności mumii.

Microbiome of the Egyptian Ptolomeian Mummy Towards Bioremediation of Hydrocarbon Pollution

The examined mummy has been housed in the Museum of the Department of Descriptive and Clinical Anatomy at the Medical University of Warsaw. The specimen was prepared (evisceration, brain removal) characteristic of individuals of noble status from the early Ptolemaic Dynasty (305 BCE-30 CE). During the anthropological study, particular interest was given to identifying the microorganisms affecting the preservation state of the embalming resin (beeswax), which appeared during mummy transport from Egypt to Poland (1959-62y.). Regarding high quality conservation, only a few microorganisms have survived on the mummy's surface. From the craniofacial cavities, *Bacillus cereus* and *Kocuria palustris* were identified. The nasal cavity was inhabited by spores of *Penicillium corylophilum*, while the abdominal surface of the mummy - *P. sumatraense*. Since *Penicillium* spp. are known for their hydrolytic activity, these isolates were examined. One of the species demonstrated a significant ability to hydrolyze beeswax and degrade aliphatic hydrocarbons such as paraffin. Enzymatic study indicate that the degradation follows by peroxigenases. Moreover, *Penicillium* spp. display strong ability to acidify surrounding environment, which pose a threat for safety and integrity of the mummy.

Hodowle czy Metabarcoding? Wyznaczanie granic w detekcji patogenów grzybowych bobiku (*Vicia faba*)

Maksymilian Emil Nowak¹, Małgorzata Jędryczka², Witold Irzykowski², Asli Çimen²,
Mikołaj Dziurzyński¹, Julia Pawłowska¹

¹Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych,
Instytut Biologii Ewolucyjnej

²Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk

Fitopatogeny grzybowe są jedną z głównych przyczyn strat w rolnictwie na całym świecie. Wśród zagrożonych upraw znajdują się także rośliny strączkowe, które odgrywają istotną rolę ze względu na symbiozę z bakteriami wiążącymi azot oraz wysoką zawartość białka, co czyni je ważnym źródłem żywności dla ludzi i paszy dla zwierząt. W celu zbadania grzybowych patogenów atakujących bobik, pastewną odmianę bobu, z roślin pobrano fragmenty liści z objawami chorobowymi. Następnie klasyczna izolacja fitopatogenów grzybowych z porażonych liści na podłoża hodowlane została porównana z metabarkodowaniem pełnego regionu ITS wykonanym z wykorzystaniem platformy Oxford Nanopore.

Z 43 porażonych liści uzyskano 64 kultury grzybów. W wyniku metabarkodowania tych samych liści wykryto 217 OTU zaklasyfikowanych do grzybów. Podkreśla to potencjał metabarkodowania jako komplementarnego narzędzia do detekcji i charakterystyki fitopatogenów grzybowych.

Finansowanie: PestSpace – Improving resilience to the spread of plant diseases via a regional Pest Common Data Space

Culturing or Metabarcoding? Mapping the Boundaries of Pathogenic Fungi Detection in Faba Bean (*Vicia faba*)

Fungal phytopathogens are a major contributor to agricultural losses worldwide. Among the affected crops, legumes play a crucial role in agriculture due to their symbiotic association with nitrogen-fixing bacteria and their high protein content. In this study, we investigate fungal pathogens associated with faba bean, a fodder variety of ***Vicia faba***. We combine classical methods of culturing of fungal phytopathogens from infected leaf tissue with Oxford Nanopore full-length fungal ITS metabarcoding performed on the same samples.

We isolated a total of 64 cultures from 43 infected leaves. Metabarcoding of the same samples resulted in the detection of 217 fungal OTUs. This highlights the potential of metabarcoding as a complementary tool for detecting and characterizing fungal phytopathogens.

Funding: Interreg Baltic Sea Region: PestSpace – Improving resilience to the spread of plant diseases via a regional Pest Common Data Space

Analiza lipidomu *Agrobacterium fabrum* C58 oraz jego mutanta defektywnego w genie syntazy fosfatydyloserynowej (*pssA*) w warunkach imitujących proces infekcji

Yevheniia Smirnova, Iwona Komaniecka, Kamil Żebracki, Adam Choma

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

Glebowe bakterie Gram-ujemne należące do gatunku ***Agrobacterium fabrum*** to groźne fitopatogeny infekujące głównie rośliny dwuliścienne. Bakterie te odpowiadają za formowanie guzowatych narośli (tumorów) w miejscu zranienia rośliny, powstające w wyniku transformacji genetycznej tkanek, za którą odpowiadają geny ***vir*** zlokalizowane na plazmidzie Ti patogena. Takie czynniki jak np.: niskie pH, obecność cukrów prostych oraz związków fenolowych (acetosyringonu) są kluczowe dla ich aktywacji. W bezpośredniej interakcji bakterii z rośliną istotną rolę pełnią struktury powierzchniowe fitopatogenu, w tym lipidy błonowe. Przeprowadzono analizę lipidomu ***A. fabrum*** C58 oraz jego mutanta defektywnego w genie ***pssA***. Oba szczepy hodowano w warunkach standardowych oraz imitujących proces infekcji. Analiza preparatów lipidów błonowych została wykonana przy użyciu techniki UPLC-ESI-MS. U obu szczepów zaobserwowano różnice ilościowe w ogólnej puli lipidów w zależności od warunków hodowli. Szczep dziki produkował znaczne ilości fosfatydyloetanolaminy, podczas gdy mutant zwiększył pulę bezfosforowych lipidów aminokwasowych, a także fosfatydyloglicerolu i kardiolipiny.

Badania wykonano w ramach projektu finansowanego przez Instytut Nauk Biologicznych Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie (Nr MN/2026/5)

Lipidome Analysis of *Agrobacterium fabrum* C58 and its Mutant Defective in the Phosphatidylserine Synthase Gene (*pssA*) Under Conditions Imitating the Infection Process

Gram-negative soil bacteria belonging to the ***Agrobacterium fabrum*** species are dangerous phytopathogens that primarily infect dicotyledonous plants. These bacteria are responsible for the formation of tumors at plant wound sites, resulting from genetic transformation of tissues. ***Vir*** genes located on the Ti plasmid, are responsible for the tissue transformation. Such factors as: low pH, presence of simple sugars and phenolic compounds (acetosyringone) are crucial for their activation. Surface structures of the phytopathogen, including membrane lipids, play a crucial role in the direct interaction between the bacterium and the plant. Lipidome analysis was conducted on ***A. fabrum*** C58 and its mutant defective in the ***pssA*** gene. Both strains were cultured under standard and imitating the infection process conditions. Analysis of membrane lipid preparations was performed using UPLC-ESI-MS technique. Quantitative differences in the total lipid pool were observed in both strains, depending on the culture conditions. The wild-type strain produced significant amounts of phosphatidylethanolamine, whereas the mutant increased the pool of phosphorus-free amino acid lipids, as well as phosphatidylglycerol and cardiolipin.

(Nie)widzialni lokatorzy: prątki niegruźlicze w środowisku domowym, szpitalnym i naturalnym

Paulina J. Wałpuska, Alicja Okraśńska, Zofia Bakula*, Tomasz Jagielski

Department of Medical Microbiology, Faculty of Biology, University of Warsaw

#Autor korespondencyjny (zofiabakula@uw.edu.pl)

Prątki niegruźlicze (**non-tuberculous mycobacteria**, NTM) to grupa ponad 200 gatunków mykobakterii, będących oportunistycznymi patogenami ludzi i zwierząt. W ostatnich latach zakażenia wywoływane przez NTM stanowią narastający problem epidemiologiczny.

Celem badania była jakościowa i ilościowa ocena obecności NTM w próbach pochodzących z gospodarstw domowych, szpitali i środowisk zewnętrznych. Wyniki badań metagenomicznych porównano z uzyskanymi konwencjonalnymi metodami hodowlanymi.

Analizy objęły 295 prób (woda: 125; biofilm: 140; gleba: 30). Metody hodowlane dały wynik pozytywny w połowie (52%) badanych prób i pozwoliły na wyizolowanie łącznie 222 szczepów. Z kolei analizy metagenomiczne wykazały wyższą ogólną skuteczność, identyfikując NTM w dwóch trzecich prób (67%) i rozpoznając 801 genomów. W biofilmach analizy metagenomiczne wykryły NTM dwukrotnie częściej niż metody hodowlane (72% **vs** 34%). Odwrotną zależność odnotowano dla prób gleby, gdzie NTM zidentyfikowano w 77% posiewów i zaledwie 7% analiz metagenomicznych.

Metagenomika umożliwia szybkie i potencjalnie dokładniejsze wykrywanie NTM w próbach, z pominięciem ograniczeń związanych z hodowlą mikrobiologiczną. Wybór skutecznej metody detekcji NTM w środowisku zależy od próby; podejście metagenomiczne lepiej sprawdza się w biofilmach, a metody hodowlane w glebie.

Badanie zrealizowano w ramach projektu Narodowego Centrum Nauki «SONATA» (2021/43/D/NZ6/01250; kierownik: ZB)

(In)visible Tenants: Non-tuberculous Mycobacteria Across Domestic, Clinical, and Natural Environments

Non-tuberculous mycobacteria (NTM) comprise a group of more than 200 mycobacterial species that act as opportunistic pathogens in animals and humans. In recent years, NTM infections have emerged as an increasing epidemiological concern.

The aim of this study was to qualitatively and quantitatively assess the presence of NTM in samples collected from households, hospitals, and outdoor environments. The results obtained utilizing metagenomic analyses were compared with those generated by conventional culture-based methods.

A total of 295 samples were analyzed (water: 125; biofilm: 140; soil: 30). Culture-based methods yielded positive results in 52% of the examined samples and enabled the isolation of 222 strains in total. In contrast, metagenomic analyses demonstrated higher overall sensitivity, detecting NTM in 67% of samples and identifying 801 genomes. In biofilm samples, metagenomic analyses detected NTM twice as frequently as culture-based methods (72% **vs** 34%). The opposite trend was observed for soil samples, where NTM were identified in 77% of cultures but in only 7% of metagenomic analyses.

Metagenomic approaches enable fast and potentially more accurate detection of NTM in samples while avoiding limitations associated with microbiological culture. The choice of the most effective method for environmental NTM detection depends on the sample type: metagenomic analysis performs better in biofilms, whereas culture-based methods are more effective for soil samples.

Sekwencjonowanie całego genomu i charakterystyka fenotypowa *Listeria monocytogenes* izolowanych z żywności i materiału klinicznego

Natalia Wiktorczyk-Kapischke¹, Nadja Pracser², Jakub Korkus³, Jovana Kovacevic⁴,
Stephanie Brown⁴, Katarzyna Grudlewska-Buda¹, Anna Budzyńska¹, Kathrin Rychli²,
Krzysztof Skowron¹, Ewa Wałęcka-Zacharska³

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

²Unit of Food Microbiology, Institute for Food Safety, Food Technology and Veterinary Public Health,
University of Veterinary Medicine Vienna, Austria

³Katedra Higieny Żywności i Ochrony Zdrowia Konsumenta,
Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Polska

⁴Food, Nutrition and Health Program, Faculty of Land and Food Systems,
University of British Columbia, Vancouver, BC, Canada

Listeria monocytogenes to patogen przenoszony głównie przez żywność; czynnik etiologiczny listeriozy. Celem badania była analiza fenotypowa i genotypowa (WGS) 10 szczepów ***L. monocytogenes*** izolowanych z materiału klinicznego i żywności. Wszystkie szczepy posiadały LIPI-1; LIPI-3 wykryto u jednego szczepu linii I, natomiast LIPI-4 nie stwierdzono. SSI-1 i SSI-2 potwierdzono odpowiednio u 60,0% i 20,0% szczepów. Sekwencje plazmidowe wykryto u 50,0% szczepów. Fenotypowo, 60,0% szczepów wykazywało oporność na chlorek benzalkoniowy, a 70,0% na kadm. Szczepy kliniczne były istotnie bardziej inwazyjne niż izolowane z żywności (8,08% ± 3,49% vs. 3,98% ± 3,26%). Wykazano oporność na fosfomicynę i moksyflokscynę, co korelowało z obecnością odpowiednio genu ***fosX*** i ***norB***. Analiza genotypowo-fenotypowa podkreśla rolę plazmidów i wysp genomowych w oporności na środki dezynfekujące i metale ciężkie u ***L. monocytogenes***.

Whole Genome Sequencing and Phenotypic Characterization of *Listeria monocytogenes* from Food and Clinical Material

Listeria monocytogenes is a pathogen transmitted primarily through food; it is the causative agent of listeriosis. The aim of the study was to perform phenotypic and genotypic (WGS) analysis of 10 ***L. monocytogenes*** strains isolated from clinical specimens and food. All strains carried LIPI-1; LIPI-3 was detected in one strain of lineage I, while LIPI-4 was not detected. SSI-1 and SSI-2 were confirmed in 60.0% and 20.0% of the strains, respectively. Plasmid sequences were detected in 50.0% of the strains. Phenotypically, 60.0% of the strains exhibited resistance to benzalkonium chloride, and 70.0% to cadmium. Clinical strains were significantly more invasive than those isolated from food (8.08% ± 3.49% vs. 3.98% ± 3.26%). Resistance to fosfomicin and moxifloxacin was demonstrated, which correlated with the presence of the ***fosX*** and ***norB*** genes, respectively. Genotypic-phenotypic analysis highlights the role of plasmids and genomic islands in resistance to disinfectants and heavy metals in ***L. monocytogenes***.

Wpływ subletalnych poziomów czynników stresowych na ekspresję wybranych genów zlokalizowanych na wysepkach przetrwania stresu (SSI) u *Listeria monocytogenes*

Natalia Wiktorczyk-Kapischke, Anna Budzyńska, Julia Czuba, Katarzyna Grudlewska-Buda, Eugenia Gospodarek-Komkowska, Krzysztof Skowron

Katedra Mikrobiologii, Collegium Medicum im. L. Rydygiera w Bydgoszczy,
Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Polska

W odpowiedzi na warunki stresowe u *Listeria monocytogenes* zaangażowane są geny umiejscowione na SSI-1 oraz na SSI-2. Celem badania była ocena wpływu subletalnych poziomów czynników stresowych na ekspresję wybranych genów zlokalizowanych na SSI-1 (**gadT1** i **gadD2**) i SSI-2 (**lin0465**) oraz genu **sigB**. Potwierdzono obecność SSI-1 wśród 231 (62,26%) izolatów, SSI-2 u 67 (18,06%) izolatów, a fragment 1,1 kbp u 73 (19,68%) badanych *L. monocytogenes*. Większość (45; 56,25%) izolatów wyisobnionych z materiału klinicznego posiadało fragment 1,1 kbp. Z kolei, wszystkie izolaty z urządzeń z zakładu przetwórstwa rybnego charakteryzowały się obecnością SSI-2. Do dalszych badań wybrano 16 różnych szczepów. Większość badanych szczepów reprezentowała serogrupę 1/2a-3a, a jeden szczep – 1/2b-3b. Wykazano, że poziom ekspresji badanych genów różni się w zależności od rodzaju stresu (cieplny, zimny, mrożenia, osmotyczny, zasadowy i kwasowy) i źródła izolacji (kontakt z różnymi czynnikami stresowymi) – co wskazuje na indywidualne mechanizmy adaptacyjne.

Badanie sfinansowano w ramach MINIATURA 8 (nr rej. 2024/08/X/NZ1/00771)

Effect of Sublethal Levels of Stress Factors on the Expression of Selected Genes Located on Stress Survival Islets (SSIs) in *Listeria monocytogenes*

In response to stress conditions in *Listeria monocytogenes*, genes located on SSI-1 and SSI-2 are involved. The aim of the study was to assess the effect of sub-lethal levels of stress factors on the expression of selected genes located on SSI-1 (**gadT1** and **gadD2**) and SSI-2 (**lin0465**) as well as the **sigB** gene. The presence of SSI-1 was confirmed in 231 (62.26%) isolates, SSI-2 in 67 (18.06%) isolates, and the 1.1 kbp fragment in 73 (19.68%) of the tested *L. monocytogenes*. Most (45; 56.25%) of the isolates isolated from clinical material possessed the 1.1 kbp fragment. In contrast, all isolates from equipment at the fish processing plant were characterized by the presence of SSI-2. Sixteen different strains were selected for further studies. Most of the tested strains belonged to serogroup 1/2a-3a, and one strain to 1/2b-3b. It was demonstrated that the expression levels of the studied genes vary depending on the type of stress (heat, cold, frozen, osmotic, alkaline, and acidic) and the source of isolation (exposure to various stressors)—which indicates individual adaptive mechanisms.

This study was funded under the MINIATURA 8 program (grant no. 2024/08/X/NZ1/00771)

Antybiotyki jako czynnik ograniczający efektywność pasywnego oczyszczania ścieków oraz funkcjonowanie organizmów wodnych: wyniki badań wielostopniowego systemu laboratoryjnego

Mikołaj Wołacewicz¹, Mikołaj Iwan¹, Michał Stanowski¹, Maria Eugenia Valdés², Adrian Górecki³, Marta Grabska⁴, Małgorzata Grzesiuk⁴, Sara Rodríguez-Mozaz², Carles Borrego Moré^{2,5}, Łukasz Dziewit¹

¹Laboratorium Stosowanej Ekologii Mikroorganizmów, Instytut Bioinżynierii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

²Kataloński Instytut Badań Wody (ICRA-CERCA), Girona, Hiszpania

³Human Biome S.A., Warszawa, Polska

⁴Katedra Biochemii i Mikrobiologii, Instytut Biologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

⁵Zespół Ekologii Mikroorganizmów Molekularnych, Uniwersytet w Gironie

Uwalnianie antybiotyków do ścieków sprzyja rozprzestrzenianiu genów oporności na antybiotyki w społecznościach mikroorganizmów. Celem niniejszej pracy była ocena wydajności niskoenergetycznego, pasywnego systemu oczyszczania w skali laboratoryjnej.

Eksperyment prowadzono na czterech układach, składających się z sekwencyjnych zbiorników. W układzie kontrolnym uzyskano wysoką efektywność usuwania wszystkich monitorowanych zanieczyszczeń. Suplementacja antybiotykami spowodowała znaczne zmniejszenie efektywności usuwania zanieczyszczeń, przez co wpłynęła również negatywnie na organizm testowy – ***Daphnia magna***.

Uzyskane wyniki dowodzą, że obecność antybiotyków obniża efektywność oczyszczania przez co negatywnie wpływa na organizmy wodne.

Badania sfinansowane ze środków Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego w ramach programu „Perły Nauki”.

Antibiotics as a Factor Limiting the Efficiency of Passive Wastewater Treatment and the Functioning of Aquatic Organisms: Results of a Multi-stage Laboratory System Study

The release of antibiotics into wastewater promotes the spread of antibiotic resistance genes within microbial communities. The aim of this study was to evaluate the efficiency of a low-energy, passive treatment system at a laboratory scale.

The experiment was conducted using four setups consisting of sequential tanks. In the control system, a high removal efficiency was achieved for all monitored contaminants. Antibiotic supplementation caused a significant decrease in contaminant removal efficiency and thus negatively affected the test organism, ***Daphnia magna***.

The obtained results demonstrate that the presence of antibiotics reduces treatment efficiency and thus negatively affects aquatic organisms.

The research was funded by the Ministry of Science and Higher Education under the “Perły Nauki” program.

Plazmidowy repertuar wirulencji *Legionella lytica*: od efektorów do systemów replikacyjnych

Jakub Wysokiński, Piotr Koper, Andrzej Mazur

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

Bakterie z rodzaju ***Legionella*** stanowią grupę patogenów wywołujących u ludzi legionellozę. Jako obligatoryjne pasożyty wewnątrzkomórkowe bakterie te wykształciły liczne mechanizmy molekularne umożliwiające przetrwanie i replikację w komórkach gospodarza eukariotycznego, wśród których kluczową rolę odgrywają białka efektorowe dostarczane do komórek gospodarza przez system sekrecji Dot/Icm. W genomie ***L. lytica***, gatunku wyizolowanego z ameb glebowych, wyróżniono chromosom oraz dwa duże plazmidy kodujące hipotetyczne efekторы.

Celem badań była analiza funkcjonalności białek efektorowych zakodowanych w plazmidach ***L. lytica***. Stosując serie fuzji genowych efektor–reporter, określono zdolność translokacji wytypowanych efektorów do komórek gospodarza eukariotycznego. Z kolei konstrukcja minireplikonów oraz testy ich stabilności pozwoliły zbadać mechanizmy replikacji i zakres gospodarzy plazmidów ***L. lytica***. Uzyskane wyniki dostarczają cennych informacji na temat potencjalnego rozprzestrzeniania się determinantów zjadliwości w środowisku z udziałem mobilnych elementów genetycznych rodzaju ***Legionella***.

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

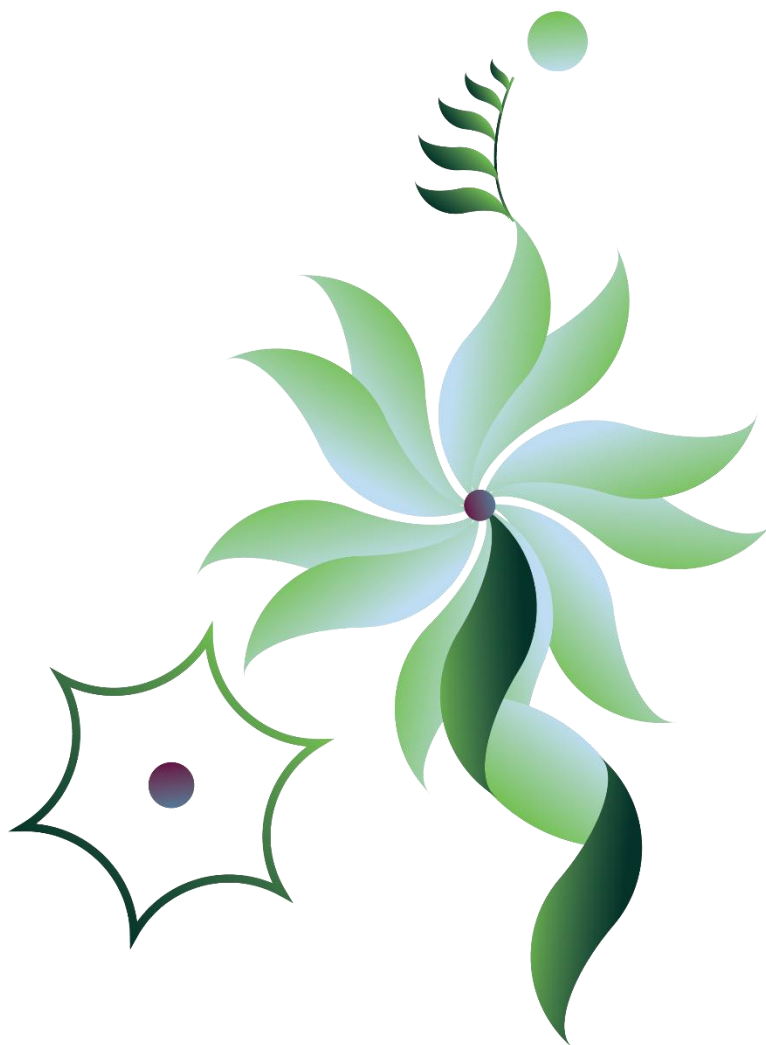
The Plasmid Virulence Repertoire of *Legionella lytica*: from Effectors to Replication Systems

Bacteria of the genus ***Legionella*** constitute a group of pathogens responsible for legionellosis in humans. As obligate intracellular parasites, these bacteria have evolved numerous molecular mechanisms enabling their survival and replication within eukaryotic host cells, among which a key role is played by effector proteins delivered into host cells via the Dot/Icm secretion system. In the genome of ***L. lytica***, a species isolated from soil amoebae, the chromosome and two large plasmids encoding hypothetical effectors were identified.

The aim of this study was a functional characterization of effector proteins encoded by the plasmids of ***L. lytica***. Using a series of effector–reporter gene fusions, the ability of selected effectors to translocate into eukaryotic host cells was determined. In turn, the construction of minireplicons and their stability assays allowed us to investigate the mechanisms of replication and the host range of ***L. lytica*** plasmids. The obtained results provide valuable insights into the potential environmental dissemination of virulence determinants mediated by mobile genetic elements of ***Legionella***.

This research was supported by the NCN Sonata project no. 2022/47/D/NZ8/00258

PLAKATY posters



Oddziaływanie prosulfokarbu i polimerów na różnorodność bakterii glebowych

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

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

Prosulfokarb jest selektywnym herbicydem z grupy tiokarbaminianów, stosowanym do zwalczania chwastów poprzez hamowanie biosyntezy lipidów. Związek ten może migrować w środowisku glebowo-wodnym, stwarzając ryzyko kontaminacji gleb i wód oraz negatywnego wpływu na organizmy niebędące celem działania środka. Celem badań była ocena wpływu prosulfokarbu oraz polimerów (alginianu sodu i poliakrylanu sodu) na strukturę i różnorodność bakterii glebowych. Wykazano, że zarówno prosulfokarb, jak i zastosowane polimery istotnie wpływały na strukturę oraz różnorodność bakterii. We wszystkich analizowanych próbkach dominowały bakterie należące do typu **Proteobacteriota**, stanowiące od 31,49% do 44,69% całkowitej populacji bakterii. Licznie reprezentowane były również **Actinobacteriota**, **Acidobacteriota** oraz **Gemmatimonadota**. Zastosowanie prosulfokarbu sprzyjało wzrostowi bakterii z typów **Proteobacteriota**, **Chloroflexota**, **Cyanobacteriota**, **Bacillota** i **Verrucomicrobiota**, natomiast hamowało rozwój **Acidobacteriota**, **Actinobacteriota**, **Armatimonadota**, **Bacteroidota**, **Bdellovibrionota**, **Gemmatimonadota**, **Myxococcota** i **Planctomycetota**. Dodatek polimerów częściowo łagodził negatywne oddziaływanie prosulfokarbu, powodując wzrost liczebności bakterii należących do typów **Acidobacteriota**, **Armatimonadota**, **Bacteroidota** i **Verrucomicrobiota**.

The Impact of Prosulfocarb and Polymers on Soil Bacterial Diversity

Prosulfocarb is a selective herbicide belonging to the thiocarbamate group, used for weed control through inhibition of lipid biosynthesis. This compound may migrate in soil-water environments, posing a risk of contamination of soils and waters as well as adverse effects on non-target organisms. The aim of the study was to evaluate the effects of prosulfocarb and polymers (sodium alginate and sodium polyacrylate) on the structure and diversity of soil bacteria. The results demonstrated that both prosulfocarb and the applied polymers significantly influenced the structure and diversity of bacterial communities. Across all analyzed samples, bacteria belonging to the phylum **Proteobacteriota** were dominant, accounting for 31.49% to 44.69% of the total bacterial population. **Actinobacteriota**, **Acidobacteriota**, and **Gemmatimonadota** were also highly represented. The application of prosulfocarb promoted the abundance of **Proteobacteriota**, **Chloroflexota**, **Cyanobacteriota**, **Bacillota**, and **Verrucomicrobiota**, while inhibiting the development of **Acidobacteriota**, **Actinobacteriota**, **Armatimonadota**, **Bacteroidota**, **Bdellovibrionota**, **Gemmatimonadota**, **Myxococcota**, and **Planctomycetota**. The addition of polymers partially mitigated the negative effects of prosulfocarb, leading to an increased abundance of bacteria belonging to the phyla **Acidobacteriota**, **Armatimonadota**, **Bacteroidota**, and **Verrucomicrobiota**.

Analiza zmian mikrobiomu mikrolistków buraka po inokulacji nasion szczepem *Bacillus megaterium* B107/23

Daria Barańska¹, Jacek Panek¹, Giorgia Pertile¹, Agata Gryta¹, Dominika Siegieda¹,
Katarzyna Turnau², Sylwia Różalska³, Magdalena Frąć¹

¹Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, Lublin

²Instytut Nauk o Środowisku, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie, Polska

³Zakład Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, Łódź,

Mikrolistki to młode pędy roślin jadalnych, zbierane we wczesnej fazie rozwoju, głównie warzyw, zbóż i ziół, które zyskały popularność dzięki wyjątkowo wysokiej zawartości związków bioaktywnych. Pomimo swoich licznych zalet, mikrolistki są szczególnie wrażliwe na stresy abiotyczne, zwłaszcza suszę, która prowadzi do szybkiej utraty wody, więdnienia, gnicia oraz utraty cennych metabolitów. W celu zwiększenia ich tolerancji na niekorzystne warunki przeprowadzone badania obejmowały inokulację nasion dobroczynnym szczepem *Bacillus megaterium* B107/23 wyizolowanym z kiszonych buraków. Badania obejmowały określenie wpływu inokulacji na mikrobiom mikrolistków buraka, wykorzystując wysokoprzepustowe sekwencjonowanie następnej generacji z użyciem platformy Illumina MiSeq. Zastosowane podejście umożliwia szczegółową charakterystykę składu taksonomicznego i różnorodności społeczności mikroorganizmów oraz dostarcza informacji na temat wpływu inokulacji na dynamikę mikrobiomu i potencjalne interakcje funkcjonalne w środowisku mikrolistków.

Badania zostały przeprowadzone w ramach projektu nr 2022/45/B/NZ9/04254 finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki.

Analysis of Microbiome Shifts in Beetroot Microgreens After Seeds Inoculation with *Bacillus megaterium* B107/23 Strain

Microgreens are young seedlings of edible plants, mainly vegetables, grains, and herbs, which have gained popularity for their high levels of bioactive compounds. Despite their nutritional advantages, microgreens are particularly sensitive to abiotic stresses, especially drought, which can cause rapid dehydration, wilting, tissue decay, and a decline in valuable metabolites. To increase their tolerance to unfavourable conditions, the conducted study involved seed inoculation with the beneficial strain *Bacillus megaterium* B107/23 isolated from fermented beetroot. The research included the determination of the influence of inoculation with this strain on the microbiome of beetroot microgreens, employing high-throughput next-generation sequencing on the Illumina MiSeq platform. This approach allows for detailed profiling of microbial community, taxonomic composition, and diversity, providing insight into how bacterial inoculation shapes microbiome structure and potential functional interactions within the plant-associated environment, including microgreens.

The research was carried out as part of the project no. 2022/45/B/NZ9/04254 financed by the National Science Center, Poland

Wpływ stresu osmotycznego wywołanego różnymi czynnikami na potencjał metaboliczny społeczności bakterii glebowych

Anna Bilokinna¹, Karolina Gawryjołek¹, Klaudia Dębiec-Andrzejewska², Tibor Tóth³, Gyöngyi Barna³, Zsófia Bakacsi³, Karolina Furtak¹

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

²Laboratorium Mikrobiologii Rolniczej i Przemysłowej, Instytut Bioinżynierii, Wydział Biologii,
Uniwersytet Warszawski;

³Institute for Soil Sciences, HUN-REN Centre for Agricultural Research, Budapest, Hungary

Stres osmotyczny wywołany różnymi czynnikami może odmiennie oddziaływać na mikroorganizmy glebowe. Celem badań było wpływu stresu osmotycznego spowodowanego zasoleniem oraz suszą na aktywność mikrobiologiczną gleb.

Materiał stanowiły gleby naturalnie słone z Węgier, gleba z nadmorskiego pasa zieleni w Gdańsku, a także gleby z doświadczenia modelowego. Oznaczono ogólną liczebność hodowalnych bakterii, potencjał metaboliczny (Biolog® EcoPlate™) oraz aktywność enzymatyczną: dehydrogenaz (DHA) oraz fosfatazy kwaśnej (ACP) i zasadowej (ALP). Najniższą aktywność dehydrogenaz DHA i ALP oraz najniższą liczebność bakterii odnotowano w glebie z całkowitą suszą. Najwyższą aktywność enzymatyczną stwierdzono w glebach naturalnie zasolonych. Analiza potencjału metabolicznego wykazała, że mikroorganizmy w glebie poddanej całkowitej suszy charakteryzowały się najniższą aktywnością i różnorodnością. Uzyskane wyniki potwierdzają, że charakter czynnika wywołującego stres osmotyczny determinuje jego skutki dla mikroorganizmów glebowych.

Opracowanie powstało w ramach realizacji projektu nr2024/55/D/ST10/0206, NCN.

The Impact of Osmotic Stress Induced by Different Factors on the Metabolic Potential of Soil Bacterial Communities

Osmotic stress induced by various factors can affect soil microorganisms in different ways. The aim of the study was to investigate the effect of osmotic stress caused by salinisation and drought on soil microbial activity. The samples consisted of naturally saline soils from Hungary, soil from the coastal green belt in Gdańsk, and soils from a model experiment. The total count of cultivable bacteria, metabolic potential (Biolog® EcoPlate™) and enzymatic activity were determined: dehydrogenases (DHA) and acid phosphatase (ACP) and alkaline phosphatase (ALP). The lowest dehydrogenase (DHA) and ALP activity, as well as the lowest bacterial abundance, were recorded in soil subjected to total drought. The highest enzymatic activity was found in naturally saline soils. Analysis of metabolic potential showed that microorganisms in soil subjected to total drought were characterised by the lowest activity and diversity. Results confirm that the nature of the factor causing osmotic stress determines its effects on soil microorganisms.

The report was produced as part of project no. 2024/55/D/ST10/0206, NCN.

Charakterystyka genomowa *Acinetobacter baumannii* izolowanych od dzikich ptaków

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

Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy

Acinetobacter baumannii jest oportunistycznym patogenem o istotnym znaczeniu klinicznym, należącym do grupy bakterii ESKAPE. Gatunek ten często wykazuje oporność na antybiotyki, zwłaszcza β -laktamy i karbapenemy. Coraz częściej podkreśla się znaczenie środowiska oraz zwierząt jako potencjalnych rezerwuarów tego patogenu.

Materiał badawczy stanowiło 16 izolatów ***A. baumannii*** uzyskanych od dzikich ptaków: bocianów białych (n=11), żurawia zwyczajnego (n=1), gawronów (n=2) oraz błotniaków stawowych (n=2). Sekwencjonowanie całogenomowe (WGS) wykonano na platformie Illumina (NextSeq, 2x150bp). Badane szczepy reprezentowały różne typy sekwencyjne (m.in. ST155, ST309, ST602, ST927, ST1150, ST1365, ST1366 i ST1381) oraz posiadały różnorodne warianty genów z rodziny ***bla*_{oxa}**. Dominującym przewidywanym fenotypem była oporność na ampicylinę, natomiast cztery izolaty wykazywały również potencjalną oporność na meropenem. Uzyskane wyniki wskazują na znaczną różnorodność genetyczną izolatów ***A. baumannii*** oraz potencjalną rolę dzikich ptaków w rozprzestrzenianiu determinant oporności na antybiotyki.

Genomic Characterization of *Acinetobacter baumannii* Isolated from Wild Birds

Acinetobacter baumannii is an opportunistic pathogen of significant clinical importance belonging to the ESKAPE group of bacteria. This species frequently exhibits resistance to antibiotics, particularly β -lactams and carbapenems. The environment and animals are increasingly recognized as potential reservoirs of this pathogen.

The study included 16 ***A. baumannii*** isolates obtained from wild birds: white storks (n=11), a common crane (n=1), rooks (n=2), and western marsh harriers (n=2). Whole-genome sequencing (WGS) was performed using the Illumina platform (NextSeq, 2x150 bp).

The analyzed strains represented diverse sequence types (including ST155, ST309, ST602, ST927, ST1150, ST1365, ST1366, and ST1381) and carried various variants of ***bla*_{oxa}** family genes. The predominant predicted phenotype was resistance to ampicillin, while four isolates also showed potential resistance to meropenem. The obtained results indicate substantial genetic diversity among ***A. baumannii*** isolates and suggest a potential role of wild birds in the dissemination of antibiotic resistance determinants.

Wpływ popiołów z biomasy drzewnej na profil grzybów glebowych

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

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

Popiół pochodzący ze spalania drewna *Carpinus betulus* L. i *Salix viminalis* L. może wykazywać potencjał do selektywnej modulacji struktury i różnorodności grzybów glebowych. Celem badań była ocena wpływu popiołów na strukturę i różnorodność mykobiomu, właściwości fizykochemiczne i termodynamiczne białek oraz biomasę *Zea mays* L. Zmiany w profilu taksonomicznym grzybów analizowano metodą sekwencjonowania regionu ITS. W glebie kontrolnej dominowały *Ascomycota*, podczas gdy popiół ze spalania *Salix viminalis* L. zmniejszył ich udział, a z *Carpinus betulus* L. – zwiększył. Rozwój grzybów z rodzajów *Penicillium*, *Fusarium*, *Fusicolla*, *Chaetomium* i *Mortierella* został zahamowany, natomiast *Iodophanus* był stymulowany przez oba dodatki. Liczba *Vishniacozyma* spp. zmniejszyła się po zastosowaniu popiołu z *Carpinus betulus* L., a wzrosła po wprowadzeniu z *Salix viminalis* L. Najbardziej stabilne białka występowały u rodzaju *Fusarium* i *Penicillium*, a najmniej – u *Mortierella* i *Vishniacozyma*. Popioły ze spalania biomasy drewna istotnie modyfikowały różnorodność i równomierność zespołów grzybów oraz wpływały inhibycyjnie na biomasę części nadziemnych i korzeni *Zea mays*.

The Effect of Wood Biomass Ash on the Profile of Soil Fungi

Ash derived from the combustion of *Carpinus betulus* and *Salix viminalis* wood may have the potential to selectively modulate the structure and diversity of soil fungi. This study was to evaluate their effects on the structure and diversity of the mycobiome, the physicochemical and thermodynamic properties of proteins, and the biomass of *Zea mays*. Changes in the taxonomic profile of fungi were analyzed using the ITS region sequencing. *Ascomycota* dominated the control soil, however, ash from the combustion of *Salix viminalis* reduced their relative abundance, and *Carpinus betulus* increased it. The growth of fungi of the genera *Penicillium*, *Fusarium*, *Fusicolla*, *Chaetomium*, and *Mortierella* was inhibited, whereas *Iodophanus* was stimulated by both additives. The abundance of *Vishniacozyma* spp. decreased after the addition of *Carpinus betulus* and increased after the addition of *Salix viminalis*. The most thermodynamically stable proteins were observed in the genera *Fusarium* and *Penicillium*, and the least stable in *Mortierella* and *Vishniacozyma*. Ashes from wood biomass combustion significantly altered the diversity and evenness of fungal communities and exerted an inhibitory effect on both above-ground and root biomass of *Zea mays*.

Oporność bakterii glebowych i odporność *Zea mays* na stres wywołany przez kadm

Agata Borowik, Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski

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

Zanieczyszczenie gleby kadmem wywiera silny toksyczny wpływ na bakterie odpowiedzialne za utrzymanie żyzności gleby, szczególnie mikroorganizmy zasiedlające strefę ryzosfery. Zasadne jest więc poszukiwanie materiałów i technik przywracających homeostazę zaburzonych środowisk. Celem badań była charakterystyka mikrobiomu bakteryjnego w glebie niezanieczyszczonej i zanieczyszczonej kadmem oraz stymulowanej preparatem Humus Active. Rośliną doświadczalną była ***Zea mays***. O odbudowie i aktywności mikrobiomu glebowego zdecydowano na podstawie liczebności oraz różnorodności bakterii badanych metodami klasycznymi i techniką NGS. Oceniono również potencjał metaboliczny bakterii.

Wykazano, że kadm wywiera silny, negatywny wpływ na bakterie glebowe, drastycznie obniżając ich liczebność i hamując wzrost wrażliwych bakterii z rodzaju ***Neobacillus***. Jednocześnie stres powodowany przez kadm faworyzuje bakterie z rodzaju ***Nocardioides***. Wykorzystany w badaniach preparat Humus Active działał jako biostymulator bakterii ***Bacillus***, ***Priestia***, ***Streptomyces*** i ***Arthrobacter***. Zastosowanie kwasów humusowych istotnie przyczyniło się do zwiększenia różnorodności bakterii.

Resistance of Soil Bacteria and the Tolerance of *Zea mays* to Cadmium-induced Stress

Cadmium contamination exerts a strong toxic effect on bacteria responsible for maintaining soil fertility, particularly microorganisms inhabiting the rhizosphere zone. Therefore, it is justified to seek materials and techniques capable of restoring the homeostasis of disturbed environments. The aim of the study was to characterize the bacterial microbiome in uncontaminated and cadmium-contaminated soils, as well as in soils stimulated with the Humus Active preparation. The experimental plant was ***Zea mays***. The reconstruction and activity of the soil microbiome were assessed based on the abundance and diversity of bacteria analysed using classical methods and NGS techniques. The metabolic potential of bacteria was also evaluated.

The results demonstrated that cadmium exerts a strong negative effect on soil bacteria, drastically reducing their abundance and inhibiting the growth of sensitive bacteria belonging to the genus ***Neobacillus***. At the same time, cadmium-induced stress favored bacteria of the genus ***Nocardioides***. The Humus Active preparation used in the study acted as a biostimulant for bacteria belonging to the genera ***Bacillus***, ***Priestia***, ***Streptomyces***, and ***Arthrobacter***. The application of humic acids significantly contributed to an increase in bacterial diversity.

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.

Dynamika zmienności i struktura populacji wirusa mozaiki arbuza w uprawach cukinii w Polsce

Daria Budzyńska, Julia Minicka, Aleksandra Zarzyńska-Nowak, Martyna Szkatulska, Agnieszka Taberska, Beata Hasiów-Jaroszewska

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy w Poznaniu

Wirus mozaiki arbuza (***Potyvirus citrulli***, WMV) należy do wirusów z rodzaju ***Potyvirus***, rodziny ***Potyviridae*** i poraża rośliny z rodziny ***Cucurbitaceae***, w tym cukinie. W Polsce jest regularnie wykrywany na plantacjach cukinii od 2008 roku. W latach 2022–2024 prowadzono monitoring upraw w województwach wielkopolskim i kujawsko-pomorskim. Zebrano ponad 1800 próbek liści cukinii, chwastów oraz mszyc będących wektorem wirusa. Próbkę pogrupowano, a następnie wyizolowano z nich RNA i sekwencjonowano wysokoprzepustowo (ang. **high-throughput sequencing**, HTS). Dynamikę zmienności oraz strukturę polskiej populacji WMV analizowano na podstawie 154 sekwencji genu kodującego białko płaszczka (ang. **coat protein**, **cp**) izolatów WMV zebranych w latach 2013–2024.

Podobieństwo sekwencji nukleotydów polskich izolatów WMV wynosiło od 92,8 % do 100 %. W dziewięciu sekwencjach CP zidentyfikowano nowy motyw KEET. Wśród izolatów z województwa kujawsko-pomorskiego stwierdzono obecność unikalnych mutacji. Analiza filogenetyczna wykazała, że polskie izolaty WMV należą do dwóch grup: CL (**classical**) i EM (**emergent**), w której znajdują się izolaty wywołujące silniejsze objawy chorobowe.

Dynamics and Population Structure of Watermelon Mosaic Virus Infecting Zucchini Crops in Poland

Watermelon mosaic virus (***Potyvirus citrulli***, WMV) belongs to the genus ***Potyvirus***, family ***Potyviridae***. WMV commonly infects cucurbit plants, including zucchini. In Poland, the virus has been consistently recorded in zucchini crops since 2008. Between 2022 and 2024, comprehensive surveys were conducted in two major agricultural regions in Poland: Greater Poland and Kuyavian-Pomeranian. More than 1,800 leaf samples from zucchini and weed plants, as well as aphids, were collected. The samples were grouped and pooled, RNA was isolated, and subjected to high-throughput sequencing (HTS). The dynamics and the population structure of WMV were analysed based on 154 coat protein (CP) coding sequences obtained from WMV isolates collected between 2013 and 2024.

The nucleotide sequence identity of the Polish WMV isolates ranged from 92.8 % to 100 %. Sequence analysis revealed a novel KEET motif in nine coat protein (CP) sequences, as well as unique mutations among isolates from the Kuyavian-Pomeranian region. Phylogenetic analysis revealed that Polish WMV isolates belong to two major phylogenetic groups: CL (classical) and EM (emergent), which comprise isolates causing more severe symptoms on infected plants.

***This study was supported by the project 2021/41/B/NZ9/03574
funded by the National Science Centre in Poland.***

Różnorodność i ewolucja replikonów plazmidowych w rodzaju *Legionella*

Katarzyna Burda, Piotr Koper, Kamil Żebracki, Marta Palusińska-Szys, Andrzej Mazur

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

Plazmidy stanowią ważny, lecz nadal słabo poznany element zmienności genomowej bakterii z rodzaju *Legionella*. W pracy przedstawiono bioinformatyczną charakterystykę replikonów plazmidowych opartą na podstawie publicznie dostępnych sekwencji oraz nowo uzyskanych danych własnych. Analiza koncentrowała się na identyfikacji podstawowych elementów klasyfikujących plazmidy, w tym modułów replikacji, partycji, mobilizacji i koniugacji. Sekwencje plazmidowe przeszukiwano pod kątem obecności genów inicjacji replikacji, białek partycyjnych, relaksaz, miejsc *oriV*, *oriT* oraz innych markerów związanych z mobilizacją i koniugacyjnym transferem plazmidów. Uzyskane profile wykorzystano do porównania replikonów i oceny ich przewidywanego potencjału mobilności. Takie podejście pozwala na uporządkowanie zróżnicowania plazmidów *Legionella*, niezależnie od całkowitej niesionej puli genów. Wyniki wskazują, że plazmidy tego rodzaju obejmują różne typy modułów replikacyjno-mobilnościowych, co może odzwierciedlać ich złożoną historię ewolucyjną oraz udział w horyzontalnym transferze DNA w środowiskowych populacjach *Legionella*.

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

Plasmid Replicon Diversity and Evolution in the Genus *Legionella*

Plasmids are an important but still poorly characterized component of genome variability in bacteria of the genus *Legionella*. Here, we present a bioinformatic characterization of plasmid replicons based on publicly available sequences and newly generated in-house data. The analysis focused on core plasmid classification features, including replication, partitioning, mobilization and conjugation modules. Plasmid sequences were screened for replication initiation genes, partitioning proteins, relaxases, *oriT* and *oriV* sites and other markers associated with plasmid mobilization and conjugative transfer. These profiles were used to compare plasmid replicons and assess their predicted mobility potential. This approach enables a classification of diverse *Legionella* plasmids without relying on a complete analysis of overall gene content or accessory cargo. The results indicate that *Legionella* plasmids contain distinct replication and mobility-associated modules, suggesting a complex evolutionary history and a potential role in horizontal DNA transfer among environmental *Legionella* populations.

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

Ukryta heterogeniczność sadów jabłoniowych: różnorodność, skład i potencjał funkcjonalny zbiorowisk bakteryjnych w rzędach drzew i międzyrzędziach

Aleksandra Chojnacka¹, Jerzy Jonczak², Józef Chojnicki², Sebastian Przybyłko³, Dariusz Wrona³, Piotr Jankowski², Wojciech Kwasowski², Alicja Dzięgielewska-Sitko², Edyta Pawłowicz², Beata Rustowska², Lidia Oktaba², Artur Pędziwiatr², Łukasz Uzarowicz², Zbigniew Zagórski², Dagmara Stangierska-Mazurkiewicz³, Hanna Górską-Warsewicz⁴, and Cristina Carlos⁵

¹Katedra Biochemii i Mikrobiologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,

²Katedra Gleboznawstwa, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,

³Katedra Sadownictwa i Ekonomiki Ogrodnictwa, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,

⁴Wydział Zarządzania, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,

⁵Centre for the Research and Technology of Agro-Environmental and Biological Sciences, Department of Agronomy, University of Trás-os-Montes and Alto Douro, Vila Real, Portugal

Gleba w wieloletnich systemach upraw nie jest środowiskiem jednorodnym, lecz mozaiką mikrosiedlisk kształtowanych przez rośliny, strukturę uprawy i zabiegi agrotechniczne. W sadach różnice te są szczególnie widoczne między rzędami drzew a międzyrzędziami. Celem badań było porównanie różnorodności, składu taksonomicznego i potencjału funkcjonalnego bakterii glebowych w tych strefach. Gleby międzyrzędzi cechowały się wyższą różnorodnością, większym udziałem rodzin Gemmatimonadaceae i Sphingomonadaceae oraz funkcji związanych z rozkładem celulozy i pasożytnictwem. W rzędach drzew stwierdzono niższą różnorodność, ale większy udział rodzin Nitrososphaeraceae, Xanthobacteriaceae, Vicinamibacteriaceae i Gaiellaceae. Analiza funkcjonalna wskazała tam na wyższy udział procesów nitrifikacji, utleniania amoniaku, degradacji związków aromatycznych i fermentacji. Wyniki pokazują, że rzędy drzew i międzyrzędzia tworzą odmienne mikrośrodowiska nawet w obrębie jednego sadu. Uwzględnienie tej heterogeniczności może wspierać opracowywanie bardziej precyzyjnych i zrównoważonych strategii zarządzania glebą w sadach.

Badania finansowane przez Unię Europejską w ramach projektu LivingSoiLL, nr 101157502.

Hidden Heterogeneity in Apple Orchards: Contrasting Bacterial Diversity, Composition, and Functional Potential Between Crop Rows and Inter-rows

Soil in permanent cropping systems forms a mosaic of microhabitats shaped by vegetation, field structure, and management. This study compared bacterial communities in crop rows and adjacent inter-rows of an apple orchard. The analyses revealed clear structural and functional differences between zones. Inter-rows showed higher diversity and enrichment in Gemmatimonadaceae, Sphingomonadaceae, cellulolysis, and parasite-related functions, whereas crop rows had lower diversity but higher contributions of Nitrososphaeraceae, Xanthobacteriaceae, Vicinamibacteriaceae, and Gaiellaceae, with greater predicted roles in nitrification, aerobic ammonia oxidation, aromatic compound degradation, and fermentation.

These results show that crop rows and inter-rows within one orchard support distinct bacterial communities and functional potentials, highlighting the importance of small-scale soil heterogeneity in sustainable orchard soil management.

Znaczenie jakości pofermentu: konfiguracja procesu fermentacji beztlenowej kształtuje metabolizm mikrobiomu glebowego i przemiany azotu

Aleksandra Chojnacka¹, Marta Galas¹, Jerzy Jonczak², Anna Detman-Ignatowska³

¹Department of Biochemistry and Microbiology, Warsaw University of Life Sciences, Warsaw, Poland;

² Department of Soil Science, Warsaw University of Life Sciences, Warsaw, Poland,

³ Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences, Warsaw, Poland

Poferment nie jest prostym zamiennikiem nawozu mineralnego. To biologicznie aktywny materiał, który wnosi do gleby materię organiczną, metabolity i mikroorganizmy. Jego wpływ na glebę może zależeć nie tylko od dawki składników odżywczych, ale także od tego, w jaki sposób został wytworzony. Celem badań było porównanie wpływu pofermentu z jednostopniowego (1SD) i dwustopniowego (2SD) beztlenowego rozkładu melasy na mikrobiom gleby oraz geny związane z obiegiem azotu. Wyniki wykazały, że pofermenty oddziałują na glebę inaczej niż nawóz mineralny. Poferment 1SD, jako mniej ustabilizowany, wywoływał silniejszy impuls mikrobiologiczny, prawdopodobnie związany z obecnością łatwiej dostępnych związków organicznych i pozostałości procesów fermentacyjnych. Poferment 2SD miał bardziej mineralny charakter i sprzyjał bardziej ukierunkowanej odpowiedzi mikrobiomu oraz genów związanych z przemianami azotu. Badania wskazują, że konfiguracja procesu fermentacji beztlenowej determinuje jakość pofermentu, a tym samym jego wartość nawozową oraz mechanizm oddziaływania na mikrobiom gleby i obieg azotu.

Dziękujemy Narodowemu Centrum Nauki za wsparcie finansowe w ramach grantu UMO-2022/47/D/NZ9/01729.

Digestate Quality Matters: Anaerobic Digestion Configuration Shapes Soil Microbial Metabolism and Nitrogen Cycling

Digestate is not a simple substitute for mineral fertilizer. It is a biologically active matrix that delivers organic matter, metabolites, and microorganisms. Therefore, its impact on soil may depend not only on nutrient dose, but also on how the digestate is produced. This study compared the effects of digestates from single-stage (1SD) and two-stage (2SD) anaerobic digestion of molasses on soil microbiome and nitrogen-cycling genes. The results showed that digestates affect soil differently from mineral fertilizers. The less stabilized 1SD digestate induced a stronger microbial impulse, probably related to more readily available organic compounds and residual fermentation products. In contrast, the more mature 2SD digestate promoted a more targeted response of the soil microbiome and nitrogen-cycling genes. Results indicate that anaerobic digestion configuration determines digestate quality and, consequently, its fertilizer value and mechanism of action on soil microbiome and nitrogen cycling.

Analiza porównawcza kwasów tłuszczowych uwolnionych z wybranych bakterii Gram-ujemnych oraz z pęcherzyków błonowych (OMVs) wydzielanych przez te bakterie

Adam Choma, Gabriela Banakiewicz, Anita Swatek, Iwona Komaniecka

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

Pęcherzyki błonowe (OMVs) to struktury przypominające liposomy. Wytwarzane są one przez większość Gram-ujemnych bakterii w warunkach naturalnego środowiska. Intensywność uwalniania OMVs zależy od wielu czynników: fizycznych, chemicznych i wieku hodowli, a przede wszystkim od rodzaju mikroorganizmów. Mimo wieloletnich badań nie zdołano poznać dokładnego mechanizmu powstawania tych struktur. Kilka hipotez tłumaczy przebieg procesów prowadzących do powstawania OMVs. Porównanie składu chemicznego OMVs i bakterii je tworzących może przyczynić się do weryfikacji istniejących poglądów. Analiza kwasów tłuszczowych z bakterii i ich OMVs, to jedna z metod pozwalających na porównanie tych struktur. Uwolniono kwasy tłuszczowe z komórek *Pseudomonas* sp. L1, *Serratia* sp. 10.1WK i *Rhizobium giardinii* CAS24 oraz z frakcji OMV ww. bakterii. Wytypowane bakterie to endofity promujące wzrost roślin. Uzyskane wyniki wskazują na brak znaczących różnic między składem kwasów tłuszczowych OMVs, a bakteriami, które je wytwarzają.

Badania były finansowane z projektu NCN OPUS 19 nr. 2020/37/B/NZ8/00855

Comparative Analysis of Fatty Acids Released from the Selected Gram-negative Bacteria and from OMVs Secreted by These Bacteria

OMVs are liposome-like structures. They are produced by most Gram-negative bacteria in their natural environment. The rate of OMVs release depends on many factors: physical, chemical, and the age of the cultures, and especially, the type of microorganism. Despite many years of research, the precise mechanism of OMVs formation remains elusive. Several hypotheses explain the processes leading to OMVs formation. Comparing the chemical composition of OMVs and the bacteria that form them can help verify existing views. Analysis of fatty acids from bacteria and their OMVs is one of the methods for comparing these structures. Fatty acids were released from cells of *Pseudomonas* sp. L1, *Serratia* sp. 10.1WK, and *Rhizobium giardinii* CAS24, as well as from OMV fractions of these bacteria. The selected bacteria are endophytes that promote plant growth (PGPB). The obtained results indicate no significant differences between fatty acids of OMVs and the bacteria that produce them.

Supported by the National Science Centre in Poland (OPUS 19; 020/37/B/NZ8/00855)

Analiza zróżnicowania genetycznego bakterii wyizolowanych z brodawek korzeniowych komonicy zwyczajnej (*Lotus corniculatus*) z wykorzystaniem techniki BOX-PCR

Jagoda Chylińska¹, Paulina Adamczyk¹, Justyna Dziedzic¹, Julia Wójtowicz¹,
Małgorzata Jędryczka², Monika Janczarek¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie;

²Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin,
Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Komonica zwyczajna (*Lotus corniculatus*), jako roślina bobowata, wchodzi w symbiozę z bakteriami wiążącymi azot atmosferyczny. Obok typowych ryzobiów, brodawki korzeniowe tej rośliny mogą być zasiedlane przez różnorodne bakterie endofityczne. Celem niniejszej pracy było określenie polimorfizmu genetycznego 74 szczepów bakterii wyizolowanych z brodawek korzeniowych komonicy zwyczajnej. Analizę przeprowadzono metodą BOX-PCR, wykorzystującą amplifikację powtarzalnych w genomie sekwencji DNA typu BOX. Rozdział elektroforetyczny produktów PCR oraz analiza uzyskanych profili w programie VisionCapt pozwoliły na konstrukcję dendrogramu podobieństwa genetycznego badanej populacji szczepów.

Wyniki wykazały znaczne zróżnicowanie genetyczne badanych izolatów. Liczba amplikonów uzyskanych w profilach BOX-PCR wahała się od 1 (np. szczepy 13, 26, 36) do 11 (szczep 42), a ich wielkość była w zakresie 407–3831 pz. Większość szczepów charakteryzowała się unikalnymi profilami genetycznymi. Dane te potwierdzają, że brodawki korzeniowe *L. corniculatus* są zasiedlane przez bogatą i zróżnicowaną genetycznie populację drobnoustrojów, co może mieć istotne znaczenie dla efektywności procesów symbiotycznych i kondycji rośliny gospodarza.

Analysis of the Genetic Diversity of Bacteria Isolated from the Root Nodules of Birds-foot Trefoil (*Lotus corniculatus*) Using the BOX-PCR Technique

Birds-foot trefoil (*Lotus corniculatus*) is a legume, which forms a symbiotic relationship with bacteria able to fix atmospheric nitrogen. In addition to rhizobia, root nodules of this plant can be colonized by a variety of endophytic bacteria. The aim of this study was to examine genetic polymorphism of 74 bacterial strains isolated from bird's-foot trefoil root nodules. The analysis was performed using the BOX-PCR method, which utilizes the amplification of genomic repetitive BOX-type DNA sequences. Electrophoretic separation of PCR products and their analysis in VisionCapt software allowed the construction of a dendrogram of genetic similarity of the examined bacterial population.

The results revealed high genetic diversity of the studied isolates. The number of DNA fragments obtained in the BOX-PCR profiles ranged from 1 (e.g., strains 13, 26, 36) to 11 (strain 42), and their sizes were in a range of 407–3831 bp. Most strains exhibited unique genetic profiles. These data confirms that *L. corniculatus* root nodules are occupied by a rich and genetically diverse microbial population, which may be crucial for the effectiveness of symbiotic processes and the health of the host plant.

Analiza mykologiczna izolatów grzybowych uzyskanych z karp chmielu zwyczajnego (*Humulus lupulus* L.)

Diana Czarnecka, Urszula Skomra, Hanna Olszak-Przybyś

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Podziemne kłącza (karpy) chmielu zwyczajnego (*Humulus lupulus* L.) odmiany aromatycznej Cascade z objawami zgnilizny i nekrozy stanowiły materiał do badań. Wiosną 2025 i 2026 roku pozyskano karpy z plantacji ekologicznej w województwie lubelskim w celu ustalenia przyczyny ich zamierania. Eksplantaty odkażano powierzchniowo 1% podchlorynem sodu przez 2 minuty, następnie wykładano je aseptycznie na podłoże PDA z dodatkiem antybiotyku chlorotetracykliny (2,5 mg/l). Szalki inkubowano w temperaturze 22 °C w ciemności. Po 3 dniach przeszczepiano strzępki grzybni na nowe podłoże hodowlane. Rozszczepianie kontynuowano do momentu uzyskania czystych izolatów. Na podstawie obserwacji makroskopowej morfologii grzybni oraz obserwacji mikroskopowej zaszeregowywano je do odpowiedniego rodzaju. Do analizy mykologicznej wytypowano 39 izolatów uzyskanych w 2025 roku oraz 62 izolaty pochodzące z kłączy pozyskanych w 2026 roku. Wstępnie rozpoznano następujące rodzaje grzybów: ***Fusarium* spp.**, ***Rhizoctonia* spp.**, ***Alternaria* spp.**, ***Trichoderma* spp.**, ***Mucor* spp.** Przeprowadzono izolację DNA grzybowego, które będzie analizowane molekularnie w celu określenia przynależności gatunkowej.

Badania finansowane z zadania 1.6 dotacji budżetowej przeznaczonej na realizację zadań MRiRW w 2026 r.

Mycological Analysis of Fungal Isolates Obtained from the Rhizomes of Common Hop (*Humulus lupulus* L.)

The research material consisted of underground rhizomes of the common hop (*Humulus lupulus* L.), specifically the aromatic cultivar Cascade, exhibiting symptoms of rot and necrosis. In the spring of 2025 and 2026, they were collected from an organic plantation in the Lublin Province to determine the cause of their dieback. The explants were surface-disinfected in 1% sodium hypochlorite for 2 minutes and aseptically placed on PDA medium containing 2.5 mg/L chlortetracycline. The plates were incubated at 22°C in the dark. After 3 days, the grown mycelial hyphae were transferred to a new culture medium. Hyphal subculturing was continued until pure fungal isolates were obtained. Based on macroscopic observation of mycelial morphology and microscopic examination, the isolates were assigned to the appropriate genus. Thirty-nine fungal isolates obtained in 2025 and 62 isolates derived from rhizomes collected in 2026 were selected for mycological analysis. They were preliminarily identified as ***Fusarium* spp.**, ***Rhizoctonia* spp.**, ***Alternaria* spp.**, ***Trichoderma* spp.**, and ***Mucor* spp.** Fungal DNA was isolated and will be subjected to molecular analysis to determine the species.

The study was supported by the Polish Ministry of Agriculture and Rural Development (targeted grant for 2026, task 1.6).

Mykobiom odchodów dzikich przeżuwaczy: zastosowanie ksylanaz w przemyśle paszowym

Kacper Czernecki, Urszula Perlińska-Lenart, Sebastian Piłsyk, Joanna S. Kruszewska

Instytut Biochemii i Biofizyki, Polskiej Akademii Nauk

Heteroksylany to zaraz po celulozie najliczniej występujące polisacharydy w ścianach komórkowych roślin. Ze względu na swoją złożoną strukturę, stanowią trudność w efektywnym trawieniu przez udomowione zwierzęta (trzoda, drób). Aby poprawić dostępność składników odżywczych i strawność paszy, przemysł paszowy powszechnie stosuje ksylanazy do wstępnej obróbki pasz roślinnych. W naszych badaniach analizowaliśmy koprofilne zbiorowiska grzybów obecne w odchodach dzikich przeżuwaczy, w tym: żubrów europejskich, danieli zwyczajnych i jeleni szlachetnych, w celu identyfikacji szczepów grzybów zdolnych do efektywnego rozkładu ksylanu. Dominującym zidentyfikowanym typem grzybów były **Ascomycota**, z dużą przewagą gatunków z gromad **Eurotiomycetes**, **Leotiomycetes** i **Sordariomycetes**. Stwierdzono, że kilka izolatów grzybów nie zostało wcześniej scharakteryzowanych, co sugeruje obecność potencjalnie nowych gatunków. Skupiliśmy naszą uwagę na kilku kluczowych rodzajach i gatunkach, które wykazywały szczególnie silną aktywność ksylanolityczną, w tym **Aspergillus terreus**, **Pilidium concavum**, **Coniochaeta** spp., **Talaromyces** spp., **Penicillium** spp. i **Trichoderma** spp. Wyizolowane enzymy wykazują skuteczną aktywność ksylanolityczną działając w kompleksach. Ponadto, po termicznej denaturacji i renaturacji zachowują aktywność, co czyni je użytecznymi w przemyśle paszowym.

Mycobiome of Wild Ruminant Dung: Towards Xylanolytic Activity in the Fodder Industry

Heteroxylans are the most abundant non-cellulosic polysaccharides in plant cell walls, second only to cellulose. Due to their complex structure, they can be difficult for domesticated animals to digest efficiently. To improve nutrient availability and enhance the digestibility of forage, the fodder industry commonly employs xylanases to pre-treat plant-based feed. In our study, we investigated coprophilous fungal communities present in the dung of wild ruminants, including bison, fallow deer, and red deer, with the aim of identifying fungal strains capable of efficiently decomposing xylan. The dominant fungal phylum identified was **Ascomycota**, with a high prevalence of species from the classes **Eurotiomycetes**, **Leotiomycetes**, and **Sordariomycetes**. Several fungal isolates were found to be previously uncharacterized, suggesting the presence of potentially novel species. We focused our attention on a few key genera and species that exhibited particularly strong xylanolytic activity, including **Aspergillus terreus**, **Pilidium concavum**, **Coniochaeta** spp., **Talaromyces** spp., **Penicillium** spp., and **Trichoderma** spp. Isolated enzymes display efficient xylanase activity working in complexes. Moreover, they keep their activity after thermal denaturation-renaturation, which make them useful in the fodder industry.

Wpływ konfiguracji beztlenowego rozkładu melasy buraczanej na dynamikę mikrobiomu oraz potencjał nawozowy pofermentu

Anna Detman-Ignatowska¹, Martyna Paul¹, Jerzy Jonczak², Anna Sikora¹, Aleksandra Chojnacka³

¹Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences

²Warsaw University of Life Sciences, Institute of Agriculture, Department of Soil Science ³Warsaw University of Life Sciences, Institute of Biology

Celem pracy była ocena wpływu jedno- (1SD) i dwustopniowej (2SD) beztlenowego rozkładu melasy buraczanej na strukturę mikrobiomu oraz potencjał nawozowy pofermentów. Przez 155 dni prowadzono ciągły proces AD w konfiguracji 1SD (biogaz) oraz 2SD (biowodór + biogaz). Wydajność procesu, skład chemiczny pofermentów i strukturę społeczności mikroorganizmów skorelowano z efektem nawożenia pszenicy w doświadczeniu szklarniowym. Wykazano, że konfiguracja AD determinuje skład mikrobiomu oraz właściwości końcowego pofermentu. Poferment 2SD był bardziej stabilny, charakteryzował się niższym ChZT, wyższym pH, większą zawartością azotu mineralnego oraz większą bioróżnorodnością i udziałem archeonów. Z kolei poferment 1SD zawierał więcej azotu i fosforu całkowitego oraz długołańcuchowych kwasów tłuszczowych. Oba pofermenty stymulowały wzrost pszenicy, jednak 2SD zapewniał wyższą biomasę, porównywalną z nawożeniem mineralnym. Uzyskane wyniki wskazują, że konfiguracja fermentacji beztlenowej determinuje potencjał wykorzystania końcowego pofermentu, co jest kluczowe w projektowaniu instalacji przemysłowych.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki, Polska, grant UMO-2022/47/D/NZ9/01729.

Impact of Sugar Beet Molasses Anaerobic Digestion Configuration on Microbiome Dynamics and Fertilizing Potential of Digestate

This study aimed to evaluate the effect of single-stage (1SD) and two-stage (2SD) anaerobic digestion of sugar beet molasses on microbiome structure and the fertilizing potential of the final digestates. A continuous AD process was operated for 155 days in two configurations: 1SD (biogas production) and 2SD (biohydrogen followed by biogas production). Process performance, digestate chemical composition, and microbial community structure were correlated with the fertilization effect on wheat growth under greenhouse conditions. The results demonstrated that AD configuration determines both microbiome composition and the properties of the final digestate. The 2SD digestate was more stable and characterized by lower COD, higher pH, increased mineral nitrogen content, as well as greater microbial biodiversity and archaeal abundance. In contrast, the 1SD digestate contained higher concentrations of total nitrogen, total phosphorus, and long-chain fatty acids. Both digestates stimulated wheat growth; however, the 2SD system resulted in higher biomass production, comparable to mineral fertilization. The obtained results indicate that anaerobic digestion configuration determines the application potential of the final digestate, which is of key importance in the design of industrial AD systems.

Wpływ uprawy współrzędnej oraz systemu produkcji rolniczej na mikrobiom gleby i rośliny – podejście genomiczne i metaboliczne

Magdalena Frąc^{1*}, Agata Gryta¹, Dominika Siegieda¹, Jacek Panek¹, Karolina Oszust¹, Michał Pylak¹, Mateusz Mącik¹, Beata Feledyn-Szewczyk², Shamina Imran Pathan³, Giacomo Pietramellara³

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, Polska,
e-mail*: m.frac@ipan.lublin.pl,

²Institute of Soil Science and Plant Cultivation – State Research Institute, Pulawy, Polska,

³Department of Agriculture, Food, Environment and Forestry, University of Florence, Florence, Italy

Badania dotyczyły wpływu różnych systemów produkcji rolniczej, w tym konwencjonalnego, integrowanego i ekologicznego z uwzględnieniem siewu czystego i uprawy współrzędnej, na mikrobiom glebowy i roślinny. Badania zostały przeprowadzone w wielu niszach ekologicznych, w tym glebie, ryzosferze, korzeniach oraz częściach nadziemnych roślin, z wykorzystaniem sekwencjonowania następnej generacji (NGS), analizy metataksonomicznej, różnorodności mikrobiologicznej oraz funkcjonalnego profilowania metabolicznego. Przeprowadzone badania wykazały, że zbiorowiska mikroorganizmów różniły się w szczególności w obrębie poszczególnych nisz ekologicznych, przy czym zbiorowiska grzybów były w większym stopniu kształtowane przez system uprawy niż zbiorowiska bakteryjne. Uprawa współrzędna w systemie ekologicznym spowodowała istotne zwiększenie alfa-różnorodności grzybów i charakteryzowała się najwyższą wydajnością metaboliczną i wykorzystaniem substratów węglowych.

Badania finansowane w ramach projektu realizowanego w ramach Programu Horyzont Europa: Project 101082289 — LEGUMINOSE: Legume-cereal intercropping for sustainable agriculture across Europe.

Impact of Intercropping and Agricultural Production Systems on Soil and Plant Microbiomes: Genomic and Metabolic Approach

This study investigated the effects of different agricultural production systems, including conventional, integrated, and organic management with monocropping and intercropping practices, on soil and plant-associated microbiomes. Analyses were performed across multiple ecological compartments, including bulk soil, rhizosphere, roots, and shoots, using next-generation sequencing (NGS), metataxonomic analyses, microbial diversity assessment, and functional metabolic profiling. The results demonstrated that microbial community composition was primarily shaped by plant-associated compartments, while fungal communities were more strongly influenced by the production system than bacterial communities. Organic intercropping systems significantly enhanced fungal alpha-diversity and promoted the highest microbial metabolic efficiency and carbon source utilization.

Obieg metanu w glebach: od klasycznych modeli do nowych mechanizmów mikrobiologicznych

Adam Furtak¹, Anna Szafranek-Nakonieczna², Anna Walkiewicz¹,
Katarzyna Jaromin-Gleń, Rafał Mazur, Anna Pytlak¹

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, Lublin, Polska

²Katedra Mikrobiologii i Medycyny Translacyjnej, Instytut Nauk Medycznych,
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Lublin, Polska

Metan (CH₄) jest jednym z najważniejszych gazów cieplarnianych, a gleby mogą pełnić funkcję zarówno jego źródła, jak i pochłaniacza. Klasyczny model zakładający beztlenową produkcję metanu oraz jego utlenianie w warunkach tlenowych jest obecnie rewidowany. Badania wskazują na istnienie alternatywnych szlaków metabolicznych obejmujących m.in. anaerobowe utlenianie metanu oraz produkcję CH₄ w środowiskach natlenionych. Nowa wiedza na temat mikroorganizmów uczestniczących w obiegu CH₄, w powiązaniu z danymi dotyczącymi fizykochemicznych uwarunkowań tych procesów, jest niezbędna, aby wyjaśnić brak równowagi w globalnym bilansie metanu. Prezentacja przedstawia wyniki badań uzyskane w tym zakresie w ramach projektów realizowanych w Zakładzie Biogeochemii Środowiska Przyrodniczego Instytutu Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk.

Methane Cycling in Soils: from Classical Models to Novel Microbiological Mechanisms

Methane (CH₄) is one of the most important greenhouse gases, and soils can act as both a source and a sink of this gas. The classical model assuming methane production under anaerobic conditions and its oxidation under aerobic conditions is currently being revised. Recent studies indicate the existence of alternative metabolic pathways, including anaerobic methane oxidation and methane production in oxygenated environments. New knowledge of the microorganisms involved in the methane cycle, together with data on the physicochemical factors controlling these processes, is essential for explaining the observed imbalance in the global methane budget. This presentation summarizes the results obtained in this field through research projects conducted at the Department of Biogeochemistry of the Natural Environment, Institute of Agrophysics, Polish Academy of Sciences.

The research was funded by the Polish National Science Centre under the following projects: In the search for Soil Aerobic Methane Emission as a result of Microbial metabolism of Organophosphonates (SAMEMO) (2025/57/N/NZ8/01154) and Effect of glyphosate on the biological methane oxidation in agricultural soils (2021/41/B/NZ9/03130), and by the Polish National Centre for Research and Development within the framework of the HOLOSEU project (ICTAGRIFOOD/III/64/HOLOSEU/2025), ERA-NET CO-FUND ICT-AGRI-FOOD programme.

Ocena aktywności i różnorodności społeczności bakterii w glebach dotkniętych powodzią w perspektywie badań krótko i długoterminowych

Karolina Furtak, Karolina Gawryjolek, Anna Marzec-Grządziel, Sylwia Siebielec,
Monika Kozieł, Małgorzata Woźniak, Emilia Grzęda, Jarosław Ciepiel

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

Celem prac było porównanie aktywności i różnorodności mikroorganizmów glebowych na dwóch glebach dotkniętych powodzią w 2024 roku.

Próbki gleby pobrano siedem dni i siedem miesięcy po ustąpieniu powodzi. Oznaczono aktywność enzymatyczną, ogólną liczebność, potencjał metaboliczny oraz różnorodność mikroorganizmów. Wykazano, że aktywność badanych enzymów w obu glebach była niższa w 2024 r. w porównaniu z aktywnością zmierzoną siedem miesięcy później. Jednak aktywność metaboliczna była wyższa krótko po powodzi niż w 2025 r.

Chociaż wyniki te dają jedynie wstępny wgląd w podstawowe parametry aktywności biologicznej gleby, pozwalają one zaobserwować trendy zmian w glebie po powodzi i podkreślają znaczenie badań długoterminowych.

Opracowanie powstało w ramach realizacji zadania nr 1.9 pt. „Monitoring mikrobiologiczny gleb uprawnych na terenach dotkniętych powodzią – bezpieczeństwo, żyzność, różnorodność biologiczna”, finansowanego z dotacji celowej Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi na rok 2025

Assessment of Bacterial Community Activity and Diversity in Flood-affected Soils from a Short- and Long-term Research Perspective

The aim of the study was to compare the activity and diversity of soil microorganisms in two soils affected by flooding in 2024.

Soil samples were collected seven days and seven months after the flood had subsided. Enzyme activity, total cell count, metabolic potential and microbial diversity were measured. It was found that the activity of the enzymes studied in both soils was lower in 2024 compared with the activity measured seven months later. However, metabolic activity was higher shortly after the flood than in 2025.

Although these results provide only a preliminary insight into the basic parameters of soil biological activity, they allow trends in soil changes following the flood to be observed and highlight the importance of long-term research.

The report was prepared as part of the implementation of Task 1.9 entitled “Microbiological monitoring of arable soils from post-flood areas - safety, fertility, biodiversity” financed by a targeted grant from the Polish Ministry of Agriculture and Rural Development for 2025

Porównanie reakcji mikrobiomu glebowego na stres suszy i stres solny w doświadczeniu wazonowym z pszenicą ozimą

Karolina Furtak¹, Karolina Gawryjołek¹, Emilia Grzęda¹, Marta Wyzńska²,
Agata Młodzińska³

¹Zakład Mikrobiologii,

²Zakład Uprawy Roślin i Jakości Plonu, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa
Państwowy Instytut Badawczy, Puławy;

³Bioidea, Warszawa

Celem badań była ocena wpływu stresu osmotycznego wywołanego zasoleniem oraz suszą na aktywność oraz różnorodność strukturalną społeczności bakterii w glebie spod uprawy pszenicy ozimej.

Doświadczenie przeprowadzono na hali vegetacyjnej IUNG-PIB. Stres zasolenia wprowadzono poprzez dodanie do gleby 14 mmol/kg NaCl. Stres suszy wprowadzono poprzez zmianę nawadniania na 30% PPW. Próbkę glebową pobrano po zbiorach pszenicy. Kontrolę stanowiły próbki bez dodatku soli i utrzymywane na poziomie 60% PPW. W próbkach oznaczono aktywność metaboliczną mikroorganizmów (EcoPlate™ Biolog®) oraz różnorodność strukturalną (NGS, Illumina, NovaSeq).

Wykazano, że aktywność dehydrogenaz była najwyższa w glebie poddanej stresowi suszy, a najniższa przy stresie solnym. Indeks różnorodności był najwyższy w glebie kontrolnej, a najniższy w glebie poddanej stresowi suszy. W glebach dominowały bakterie z rodzaju **Rhodoplanes**. W glebie zasolonej odnotowano wzrost względnej liczebności **Mycobacterium** sp. w porównaniu do pozostałych wariantów.

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

A Comparison of the Soil Microbiome's Response to Drought Stress and Salt Stress in a Pot Experiment with Winter Wheat

The aim of the study was to assess the effect of osmotic stress caused by salinity and drought on the activity and structural diversity of bacterial communities in soil under winter wheat cultivation. The experiment was conducted in the IUNG-PIB vegetation hall. Salinity stress was induced by adding 14 mmol/kg NaCl to the soil. Drought stress was induced by reducing irrigation to 30% field capacity. Soil samples were collected after the wheat harvest. Control samples were those without added salt and maintained at 60% field capacity. The samples were analysed for microbial metabolic activity (EcoPlate™ Biolog®) and structural diversity (NGS, Illumina, NovaSeq).

It was demonstrated that dehydrogenase activity was highest in soil subjected to drought stress and lowest under salt stress. The diversity index was highest in the control soil and lowest in soil subjected to drought stress. Bacteria of the genus *Rhodoplanes* dominated in the soils. In the saline soil, an increase in the relative abundance of *Mycobacterium* sp. was observed compared to the other variants.

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

Analiza mikrobiomu i różnorodności funkcjonalnej bakterii w zależności od stopnia zanieczyszczenia gleb na przykładzie gleb długoletnio zanieczyszczonych ropą naftową

Anna Gałązka¹, J. Ciepiel¹, K. Gawryjołek¹, K. Wiejak¹, A. Marzec-Grządziel¹,
Aleksandra Ukalska-Jaruga²

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

²Zakład Gleboznawstwa i Analiz Środowiskowych;

e-mail: agalazka@iung.pulawy.pl

Celem badań była ocena zróżnicowania genetycznego i metabolicznego mikroorganizmów zasiedlających gleby długoletnio zanieczyszczone ropą naftową z Kopalni Ropy Naftowej w Węglówce. Próbkę gleb z kopalni ropy naftowej pobrano z wybranych 10 najstarszych odwiertów naftowych. W badanym materiale wykonano oznaczenia aktywności biologicznej fizykochemicznej gleb, w tym: profil metaboliczny na płytkach Biolog Eco Plates oraz zróżnicowanie genetyczne (region 16S rRNA). Przeprowadzone badania charakterystyki mikrobiologicznej i metabolicznej badanych prób były pierwszymi badaniami prowadzonymi w tym miejscu. Pomimo określenia znacznego zanieczyszczenia i długoletniej naturalnej remediacji tych gleb wykazano istotną ich bioróżnorodność. Z badanego materiału wyizolowano także mikroorganizmy o wysokim potencjale biotechnologicznym, w tym wykazujące zdolności promowania wzrostu roślin.

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 długoletnio zanieczyszczonych ropą naftową” (2023-2027).

Assessment of the Mycobiome and Functional Diversity of Bacteria Depending on the Degree of Soil Contamination, Based on the Example of Soils Long-term Contaminated with Crude Oil

The aim of the study was to assess the genetic and metabolic diversity of microorganisms inhabiting soils long term contaminated with crude oil from the Węglówka Oil Mine. Soil samples from the crude oil mine were collected from 10 of the oldest oil wells. The biological physicochemical activity of the soils was determined in the studied material, including a metabolic profile on Biolog Eco Plates and genetic diversity (16S rRNA region). The microbiological and metabolic characterization of the samples was the first conducted at this site. Despite the significant contamination and long-term natural remediation of these soils, significant biodiversity was demonstrated. Microorganisms with high biotechnological potential, including those with plant growth promoting abilities, were also isolated from the studied material.

Predykcja funkcji metabolicznych mikrobiomu jako element charakterystyki jakości serów produkowanych w Gospodarstwie Rolnym Ślesin

Weronika Goraj¹, Agnieszka Kuźniar², Jacek Podlewski³, Anna Sochaczewska¹
Agnieszka Wolińska¹

¹Katedra Mikrobiologii i Medycyny Translacyjnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II,
e-mail: weronika.goraj@kul.pl

²Katedra Genomiki i Genetyki Laboratoryjnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II,

³Fundacja Potulicka, Sicienko

Mikrobiom sera odgrywa istotną rolę w procesie dojrzewania oraz kształtowaniu cech jakościowych serów, takich jak smak, aromat i tekstura. Celem pracy była predykcja funkcji metabolicznych mikrobiomu serów długo-dojrzewających oraz sera pleśniowego z Gospodarstwa Rolnego Ślesin jako element charakterystyki jakości badanych produktów. Materiał badawczy stanowiły cztery rodzaje serów: Dworski (3 miesiące dojrzewania), Hrabiny (6 miesięcy), Hrabiego Kazimierza (12 miesięcy) oraz ser pleśniowy. Społeczność bakteryjną określono metodą sekwencjonowania amplikonów genu 16S rRNA (MiSeq Illumina, Genomed S.A.), a następnie przeprowadzono predykcję funkcjonalną na podstawie uzyskanych profili taksonomicznych. W badanych serach dominowały bakterie należące do kultur starterowych (m.in. ***Lactococcus sp.***, ***Streptococcus sp.***, ***Lactobacillus sp.s***) oraz mikroorganizmy rozwijające się podczas dojrzewania. Predykcja funkcjonalna wykazała obecność szlaków metabolicznych związanych głównie z metabolizmem aminokwasów, lipidów i węglowodanów, które mogą wpływać na właściwości sensoryczne oraz jakość badanych serów.

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

Prediction of Metabolic Functions of the Microbiome as an Element of Quality Characterization of Cheeses Produced at Gospodarstwo Rolne Ślesin

The cheese microbiome plays an important role in the ripening process and in shaping cheese quality traits such as flavor, aroma, and texture. The aim of the study was to predict metabolic functions of the microbiome of long-aged and blue cheeses produced at Gospodarstwo Rolne Ślesin as an element of quality characterization of the analyzed products. The study material consisted of four types of cheeses: Dworski (aged for 3 months), Hrabiny (6 months), Hrabiego Kazimierza (12 months), and blue cheese. The bacterial community was determined using 16S rRNA gene amplicon sequencing (MiSeq Illumina, Genomed Ltd.), followed by functional prediction based on the obtained taxonomic profiles. The analysed cheeses were dominated by starter-culture bacteria, including ***Lactococcus sp.***, ***Streptococcus sp.***, and ***Lactobacillus sp.***, as well as microorganisms developing during the ripening process. Functional prediction revealed metabolic pathways mainly associated with amino acid, lipid, and carbohydrate metabolism, which may influence the sensory properties and overall quality of the analyzed cheeses.

Morfologiczna i molekularna identyfikacja grzybów glebowych potencjalnie należących do rodzaju *Samsoniella*

Dominika Goss¹, Anna Lisowska¹, Marta Nowak-Lange², Monika Nowak-Marczyk², Sylwia Różalska², Mirosława Słaba²

¹Uniwersytet Łódzki, Szkoła Doktorska BioMedChem UŁ i Instytutów PAN w Łodzi

²Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii,
Wydział Biologii i Ochrony Środowiska

Rodzaj ***Samsoniella*** obejmuje słabo poznane grzyby entomopatogenne występujące w środowisku glebowym, których różnorodność pozostaje niewystarczająco scharakteryzowana. Ze względu na potencjalne znaczenie ekologiczne oraz aplikacyjne tych mikroorganizmów, istotne jest badanie ich występowania w różnych środowiskach. Celem pracy była identyfikacja izolatów grzybów potencjalnie należących do rodzaju ***Samsoniella***, wyizolowanych z gleby leśnej pochodzącej z terenów województwa łódzkiego. Uzyskane szczepy poddano obserwacji makro- i mikroskopowej oraz oceniano ich potencjał infekcyjny na larwach modelowych ***Tenebrio molitor***. Następnie wybrane izolaty identyfikowano na podstawie sekwencji regionu ITS uzyskanych metodą sekwencjonowania Sangera. Dzięki analizie sekwencji stwierdzono, że dwa izolaty wykazują wysokie podobieństwo do przedstawicieli rodzaju ***Samsoniella*** (99,84% zgodności sekwencji w bazie NCBI). Otrzymane dane sugerują obecność przedstawicieli rodzaju ***Samsoniella*** w badanych środowiskach glebowych i stanowią podstawę do dalszych analiz taksonomicznych i filogenetycznych.

Badanie zostało sfiansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach grantu nr 2024/53/B/NZ9/01058.

Morphological and Molecular Identification of Soil Fungi Potentially Belonging to the Genus *Samsoniella*

The genus ***Samsoniella*** comprises poorly studied entomopathogenic fungi found in soil environments, whose diversity remains insufficiently characterized. Due to the potential ecological and applied importance of these microorganisms, investigating their occurrence in diverse environments is relevant. The aim of the study was to identify fungal isolates potentially belonging to the genus ***Samsoniella***, isolated from forest soil originating from areas of the Łódź Voivodeship. The isolates were subjected to macro- and micromorphological observations, and their infection potential was assessed using ***Tenebrio molitor*** larvae as a model. Subsequently, selected isolates were identified based on ITS region sequences obtained via Sanger sequencing. Sequence analysis revealed that two isolates show high similarity to members of the genus ***Samsoniella*** (99.84% sequence identity in the NCBI database). The results suggest the presence of ***Samsoniella*** representatives in the studied soil environments and provide a basis for further taxonomic and phylogenetic analyses.

This research was funded by National Science Center, Poland. Grant number 2024/53/B/NZ9/01058.

Bioróżnorodność prokaryota w glebie przy zróżnicowanym nawożeniu mineralnym z obornikiem

Ewa Górską¹, Wiesław Szulc², Beata Rutkowska², Barbara Gworek³, Dariusz Gozdowski⁴, Edyta Hewelke⁵

¹Katedra Biochemii i Mikrobiologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego-SGGW,

²Samodzielny Zakład Chemii Rolniczej i Środowiskowej- SGGW,

³Instytut Ochrony Środowiska-Państwowy Instytut Badawczy w Warszawie,

⁴Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki- SGGW,

⁵Katedra Kształtowania Środowiska i Teledetekcji-SGGW

Zabiegi agrotechniczne, w tym sposób nawożenia wywierają znaczący wpływ na właściwości gleby, w tym na bioróżnorodność społeczności mikroorganizmów. Celem badań jest ocena wpływu zróżnicowanego nawożenia mineralnego z i bez obornika na bioróżnorodność taksonomiczną społeczności prokaryota w glebie płowej oraz wybranie taksonów bakterii w randze rodzaju jako wskaźników zdrowia gleby. Największe różnice w bioróżnorodności społeczności prokaryota występowały między obiektami OB a NK i PN, natomiast największe podobieństwo stwierdzamy między NPK+OB a PN+OB. Fosfor oraz index C/N pełniły kluczową rolę jako czynniki sprzyjające bogactwu gatunkowemu prokaryota. Ponieważ relatywne występowanie *Nitrospira* sp., *Bacillus* sp., *Streptomyces* sp., *Gemmatimonas* sp., *Blastococcus* sp. i *Haliangium* sp. w glebie nie nawożonej potasem (NP) i fosforem (NK) było drastycznie niskie w porównaniu z wariantami NPK i PK oraz glebą nienawożoną, dlatego rekomendujemy je jako wskaźniki niedoboru potasu oraz fosforu w glebie.

Biodiversity of Prokaryotes in Soil under Varied Mineral Fertilisation with Manure

Agrotechnical treatments, including fertilisation methods, significantly influence soil properties, particularly microbial community biodiversity. The study aims to assess the impact of varied mineral fertilisation, with and without manure, on the taxonomic biodiversity of prokaryotic communities in brown soil, and to identify bacterial genera as indicators of soil health. The greatest differences in the biodiversity of prokaryotic communities were observed between the experimental variants fertilized with manure (OB) and the experimental variants (NK) and (PN), while the highest similarity was found between NPK+OB and PN+OB treatments. Phosphorus and the C/N index play a key role as factors promoting prokaryotic species richness. Given that the relative abundance of *Nitrospira* sp., *Bacillus* sp., *Streptomyces* sp., *Gemmatimonas* sp., *Blastococcus* sp., and *Haliangium* sp. in potassium- (NP) and phosphorus-deficient (NK) soils was drastically low compared to NPK, PK variants, and unfertilised soils, we recommend their use as indicators of potassium and phosphorus deficiency in soil.

The research was funded with support provided by the Joint Call for Proposals partners ERA-Nets SusCrop (grant no. 771134), FACCE ERA-GAS (grant no. 696356), ICT-AGRI-FOOD (grant no. 862665) and SusAn (grant no. 696231).

Bezpieczeństwo środowiskowe koktajlu fagowego skierowanego przeciwko bakteriom ESKAPEE w modelu ryb słodkowodnych

Marta Grabska

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

Od wielu lat obserwuje się wzrost antybiotykooporności wśród bakterii klinicznych, a oczyszczalnie ścieków uznawane są za istotne miejsca rozprzestrzeniania genów oporności. Ponieważ tradycyjne metody oczyszczania nie eliminują skutecznie bakterii opornych, poszukuje się alternatywnych metod bioremediacji, takich jak terapia fagowa. Celem badania była ocena wpływu koktajlu fagowego skierowanego przeciwko bakteriom z grupy ESKAPEE na mikrobiom przewodu pokarmowego oraz kondycję karasia pospolitego (*Carassius carassius* L.). Fagi przeciwko szczepom *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* i *Enterobacter ludwigii* dodano do wody, w której przez 15 dni utrzymywano ryby. Utworzono grupę kontrolną i badaną, a następnie przeprowadzono analizę mikrobiomu metodą sekwencjonowania 16S rRNA. Nie stwierdzono istotnych różnic w masie ciała ryb ani w różnorodności mikrobiomu między grupami. Wyniki sugerują, że zastosowany koktajl fagowy nie wpływa negatywnie na mikrobiom ani kondycję ryb, co może wskazywać na jego bezpieczeństwo środowiskowe.

Badania sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki, Polska (nr grantu UMO-2021/03/Y/NZ9/00141) w ramach programu JPIAMR-ACTION (nr umowy GA no 963864).

Environmental Safety of a Bacteriophage Cocktail Targeting ESKAPEE Bacteria in a Freshwater Fish Model

For many years, an increase in antimicrobial resistance among clinically important bacteria has been observed worldwide, and wastewater treatment plants are considered important hotspots for the spread of resistance genes. Since conventional treatment methods are not effective in eliminating resistant bacteria, alternative bioremediation strategies, such as phage therapy, are being explored. The aim of this study was to evaluate the impact of a phage cocktail targeting ESKAPEE bacteria on the gut microbiome and condition of crucian carp (*Carassius carassius* L.). Phages against *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, and *Enterobacter ludwigii* were added to the water in which fish were maintained for 15 days. Control and experimental groups were established, and the gut microbiome was analysed using 16S rRNA sequencing. No significant differences were observed in fish body weight or microbiome diversity between the groups. The results suggest that the applied phage cocktail does not negatively affect the microbiome or condition of fish, indicating its potential environmental safety.

This work was supported by the National Science Centre, Poland (UMO-2021/03/Y/NZ9/00141) under the framework of JPIAMR-ACTION (GA no 963864).

Funkcjonalny potencjał mikrobiomu nasion sałaty na podstawie analizy sekwencji markerowych

Agata Gryta¹, Dominika Siegieda¹, Jacek Panek¹, Mateusz Mącik¹, Loredana Canfora², Flavia Pinzari³, Eligio Malusa⁴, Magdalena Frąć¹

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk; Lublin

²Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e L'Analisi, Roma, Italy

³Institute for Biological Systems (IBS), Council of National Research of Italy (CNR), Monterotondo (RM), Italy

⁴National Institute of Horticulture in Skierniewice, Skierniewice, Poland

Biostymulanty humusowe i mikrobiologiczne są stosowane w uprawach warzywnych, wspierając wczesne etapy rozwoju roślin. Mogą wpływać na mikrobiom nasion, modyfikując jego strukturę i potencjał funkcjonalny, co oddziałuje na kiełkowanie i wczesny wzrost. Regulują dostępność metabolitów, dynamikę kolonizacji oraz interakcje między nasionami a otoczeniem mikrobiologicznym.

Do oceny funkcjonalnego profilu mikrobiomu nasion sałaty wykorzystano analizę PICRUST2, umożliwiającą predykcję ścieżek metabolicznych na podstawie danych markerowych. Wyniki przedstawiono jako grupy przewidywanych kategorii genów, obejmujące m.in. metabolizm aminokwasów, procesy energetyczne oraz szlaki transportu i przetwarzania węglowodanów. Profil wskazuje na zróżnicowany potencjał funkcjonalny mikrobiomu nasion traktowanych biostymulantami, co może wpływać na ich kiełkowanie i adaptację do środowiska.

Badania finansowane w ramach projektu SPIN-FERT 101157265 HORIZON-MISS-2023-SOIL-01: Innovative practices, tools and products to boost soil fertility and peat substitution in horticultural crops

Functional Potential of the Lettuce Seed Microbiome Based on Marker Sequence Analysis

Humic and microbiological biostimulants are used in vegetable cultivation to support the early stages of plant development. These preparations can influence the seed-associated microbiome by modifying its structure and functional potential, which translates into germination processes and early growth. Biostimulants affect the availability of metabolites, the dynamics of microbial colonization, and the interactions between seeds and their microbial environment.

To assess the functional profile of the lettuce seed microbiome, PICRUST2 analysis was applied, enabling the prediction of metabolic pathways based on marker gene data. The results were presented as charts grouping predicted gene categories, including amino acid metabolism, energy-related processes, and pathways associated with carbohydrate transport and processing. The obtained profile indicates a diverse functional potential of the microbiome of seeds treated with biostimulants, which may be relevant to their germination capacity and adaptation to environmental conditions.

Wpływu fluoksetyny na mikrobiom filtratorów słodkowodnych

Małgorzata Grzesiuk, Marta Grabska

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

Zanieczyszczenie wody farmaceutykami jest jednym z najpoważniejszych problemów środowiskowych. Leki antydepresyjne, takie jak fluoksetyna, są powszechne w ekosystemach słodkowodnych. Badania naukowe z kilku ostatnich lat sugerują, że fluoksetyna może posiadać właściwości przeciwbakteryjne.

Celem badania była ocena wpływu fluoksetyny w stężeniach rejestrowanych w środowisku (360 ng L^{-1}) na mikrobiom filtratorów słodkowodnych: rowieltkę *Daphnia magna* oraz małża *Unio tumidus*. Osobniki *Daphnia* eksponowano na lek przez 3 pokolenia (ok 8 tygodni), a małże przez 4 tygodnie. Zwierzęta hodowano w 20°C , fotoperiodzie letnim (16D:8N), karmiono codziennie glonem *Acutodesmus obliquus* w stężeniu $1 \text{ mg C}_{\text{org}} \text{ L}^{-1}$. Medium eksperymentalne było wymieniane co drugi dzień.

Po zakończeniu ekspozycji wyizolowano DNA z *Daphnia* i jelita małży. Następnie przeprowadzono amplifikację genu 16S rRNA przy użyciu techniki PCR, a uzyskane produkty poddano sekwencjonowaniu. Analiza bioinformatyczna dotycząca bioróżnorodności mikrobiomu gospodarza nie wykazała różnic w badanych parametrach.

The Effect of Fluoxetine on the Microbiome of Freshwater Filter Feeders

Pharmaceutical water pollution is one of the most serious environmental problems. Antidepressants, such as fluoxetine, are common in freshwater ecosystems. Scientific studies from the past few years suggest that fluoxetine may have antibacterial properties.

The aim of this study was to assess the effect of fluoxetine at concentrations detected in the environment (360 ng L^{-1}) on the microbiome of freshwater filter feeders: the water flea *Daphnia magna* and the mussel *Unio tumidus*. *Daphnia* individuals were exposed to the medicine for three generations (approx. 8 weeks), and mussels for 4 weeks. The animals were reared at 20°C , in a summer photoperiod (16D:8N), and fed daily with alga *Acutodesmus obliquus* at a concentration of $1 \text{ mg C}_{\text{org}} \text{ L}^{-1}$. The experimental medium was changed every other day.

After the exposure, DNA was isolated from the *Daphnia* and the mussels' intestines. The 16S rRNA gene was then amplified using PCR, and the resulting products were sequenced. Bioinformatic analysis of the host microbiome biodiversity revealed no differences in the parameters studied.

Szczepy *Bacillus* łagodzą skutki stresu abiotycznego u pszenicy poprzez modulację odpowiedzi osmotycznej, lipidomu i statusu oksydacyjnego roślin

Anna Jasińska¹, Krzysztof Boczar², Przemysław Bernat¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, Łódź, Polska

²Studenckie Koło Naukowe Biotechnologiczno-Mikrobiologiczne (Bio-Mik), Uniwersytet Łódzki

Pszenica jest jedną z najważniejszych roślin uprawnych, jednak jej wzrost ograniczają zasolenie gleby, pozostałości herbicydów, takich jak 2,4-D, oraz mikroplastik. Czynniki te zaburzają metabolizm, gospodarkę wodną, zawartość chlorofilu i integralność błon komórkowych.

Celem pracy była ocena wpływu wybranych szczepów *Bacillus* na pszenicę w warunkach stresu wywołanego zasoleniem, 2,4-D i mikroplastikiem. Analizowano wzrost roślin, zawartość chlorofilu, peroksydację lipidów, zmiany w lipidomie oraz produkcję proliny.

Stresory pogarszały kondycję pszenicy, natomiast inokulacja szczepami *Bacillus* ograniczała ich negatywne skutki. Bakterie poprawiały wzrost roślin oraz wpływały na poziom proliny i chlorofilu, peroksydację lipidów oraz profil lipidowy. Wyniki wskazują na ich potencjał w zwiększaniu tolerancji pszenicy na złożone stresory środowiskowe.

Bacillus Strains Mitigate the Effects of Abiotic Stress in Wheat by Modulating Osmotic Response, the Plant Lipidome and Oxidative Status

Wheat is one of the most important crops, but its growth is limited by soil salinity, herbicide residues such as 2,4-D, and microplastics. These factors disrupt plant metabolism, water balance, chlorophyll content, and cell membrane integrity.

The aim of this study was to assess the effect of selected *Bacillus* strains on wheat under stress induced by salinity, 2,4-D, and microplastics. Plant growth, chlorophyll content, lipid peroxidation, lipidome changes, and proline production were analyzed.

The stressors impaired wheat condition, whereas inoculation with *Bacillus* strains reduced their adverse effects. The bacteria improved plant growth and modulated proline and chlorophyll levels, lipid peroxidation, and the lipid profile. The results indicate their potential to increase wheat tolerance to complex environmental stressors.

This research was funded by the National Science Centre, Poland, grant number 2020/39/B/NZ9/00471.

Właściwości fitostymulujące i tolerancja na stresory środowiskowe u szczepów *Bacillus* wspierających pszenicę

Anna Jasińska¹, Daria Siemko², Krzysztof Boczar², Przemysław Bernat¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, Łódź, Polska

²Studenckie Koło Naukowe Biotechnologiczno-Mikrobiologiczne (Bio-Mik), Uniwersytet Łódzki

Bakterie z rodzaju *Bacillus* to mikroorganizmy ryzosferowe zdolne do wspierania wzrostu roślin uprawnych, także w zmiennych warunkach środowiska glebowego. Celem pracy była ocena właściwości fitostymulujących wybranych szczepów *Bacillus* oraz ich żywotności w obecności stresorów środowiskowych.

Badano zdolność szczepów do produkcji sideroforów, kwasu indolilo-3-octowego i enzymów hydrolitycznych, a także ich wpływ na wzrost siewek pszenicy w warunkach laboratoryjnych. Żywotność bakterii w obecności podwyższonego stężenia soli, 2,4-D, azoksystrobiny oraz jonów ołowiu oceniono metodą Alamar Blue.

Analizowane szczepy wykazały zróżnicowany, lecz wyraźny potencjał fitostymulujący oraz różną tolerancję na badane stresory. Uzyskane wyniki wskazują, że wybrane izolaty mogą stanowić wartościowy materiał do dalszych badań nad mikrobiologicznymi preparatami wspierającymi zrównoważoną produkcję rolniczą.

Plant Growth-promoting Properties and Resistance to Environmental Stressors in *Bacillus* Strains Supporting Wheat Growth

Bacteria of the genus *Bacillus* are rhizosphere microorganisms capable of supporting crop plant growth, including under variable soil environmental conditions. The aim of this study was to assess the plant growth-promoting properties of selected *Bacillus* strains and their viability in the presence of environmental stressors.

The strains were evaluated for their ability to produce siderophores, indole-3-acetic acid, and hydrolytic enzymes, as well as for their effect on wheat seedling growth under laboratory conditions. Bacterial viability in the presence of elevated salt concentration, 2,4-D, azoxystrobin, and lead ions was assessed using the Alamar Blue assay.

The analyzed strains showed diverse but clear plant growth-promoting potential and varied tolerance to the tested stressors. The results indicate that selected isolates may represent valuable material for further research on microbiological preparations supporting sustainable agricultural production.

This research was funded by the National Science Centre, Poland, grant number 2020/39/B/NZ9/00471.

Mykobiom pod presją azotową: co zmienia 20% redukcja nawożenia?

Katarzyna Kagan¹, Anna Kruczyńska², Agnieszka Kuźniar³, Ryszard Maciejewski⁴,
Andrea Weronika Gieleta⁵, Agnieszka Wolińska²

¹Katedra Nauk o Rodzinie, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

²Katedra Mikrobiologii i Medycyny Translacyjnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

³Pracownia Genomiki i Genetyki Laboratoryjnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

⁴Klinika Chirurgii Ogólnej i Onkologicznej z Pododdziałem Chirurgii Klatki Piersiowej
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

⁵Medical Officer, Mater Dei Hospital, Triq Dun Karm, Msida, MSD 2090, Malta

Badania prowadzono w latach 2023–2024 na gruntach rolnych w Sicienku (53°12'16"N, 17°47'59"E), należących do CGFP. Pola uprawiano w technologii **strip-till**, stosując 4 warianty nawożenia azotowego: pełne nawożenie (D1.R), redukcję o 20% (D2.R), 40% (D3.R) oraz kontrolę bez nawożenia azotowego (K.R). Próbkę glebowe pobierano dwa razy w roku – przed siewem i po zbiorze – zgodnie z normą PN-R-04031:1997.

Analiza mykobionu wykazała, że umiarkowana (20%) redukcja nawożenia azotowego wpływała na przebudowę struktury zbiorowisk grzybowych, jednak bez gwałtownej utraty różnorodności. Najbardziej widoczną zmianą w efekcie 20% redukcji nawożenia był wzrost udziału **Mortierella** względem pełnego nawożenia (38,4% **vs** 27,7% w 2024 r.). Grzyby te uznawane są za organizmy saprotroficzne wspierające obieg materii organicznej i dostępność składników pokarmowych. Jednocześnie odnotowano spadek obfitości **Podila** (7,1% **vs** 17,2%) oraz grup związanych z potencjalnymi patogenami roślin, takich jak **Nectriaceae_gen_Incertae_sedis** i **Hizophydiales_gen_Incertae_sedis**.

**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)**

Soil Mycobiome under Nitrogen Pressure: What Changes with a 20% Reduction in Fertilization?

Field experiments were conducted in 2023–2024 on agricultural soils belonging to CGFP company in Sicienko, under strip-till management. 4 nitrogen fertilization levels were applied: full fertilization (D1.R), 20% reduction (D2.R), 40% reduction (D3.R), and no nitrogen input (K.R). Soil samples were collected before sowing and after harvest according to PN-R-04031:1997.

Mycobiome analysis showed that a moderate 20% reduction in nitrogen fertilization altered fungal community structure without reducing overall diversity. 20% nitrogen reduction resulted with increased abundance of **Mortierella** (38.4% **vs** 27.7% under full fertilization), fungi associated with organic matter turnover and nutrient cycling. At the same time, the relative abundance of **Podila**, **Nectriaceae_gen_Incertae_sedis**, and **Rhizophydiales_gen_Incertae_sedis** decreased.

Zróżnicowanie epidemiologiczne głównych chorób odkleszczowych w Europie i Ameryce Północnej: analiza porównawcza Polski, Włoch oraz Luizjany i Kentucky w USA

Marta Kłos¹, Angelina Wójcik-Fatla², Joanna Krzowska-Firych², Andrea Gieleta³,
Maryta Sztukowska^{1,4}

¹Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Lublin, Polska

²Instytut Medycyny Wsi im. Witolda Chodźki w Lublinie, Polska

³Mater Dei Hospital, Malta

⁴Uniwersytet Louisville, Kentucky, USA

Tło: Choroby odkleszczowe są coraz częściej uznawane za poważne zagrożenie dla zdrowia ze względu na gwałtowny wzrost zachorowalności w ostatnich latach. Globalne zmiany klimatyczne sprzyjają aktywności i reprodukcji kleszczy.

Hipoteza: zapadalność na choroby odkleszczowe jest najwyższa w regionach cieplejszych a najniższa w klimacie chłodniejszym. Uwzględniono fakt, że zapadalność jest determinowana przez wiele czynników środowiskowych.

Metody: Wybrano gatunki *Ixodes scapularis* oraz *Ixodes ricinus*. Skupiono się na boreliozie, zapaleniu mózgu oraz gorączce plamistej Gór Skalistych.

Wyniki: Dane epidemiologiczne nie potwierdzają postawionej hipotezy. W większości krajów europejskich brakuje danych epidemiologicznych. Raporty ECDC nie są kompletne dla wszystkich analizowanych krajów. W części krajów dostępne są jedynie dane dotyczące neuroboreliozy, co znacząco ogranicza możliwość bezpośredniego porównania całkowitej zapadalności. Wyniki podkreślają konieczność ujednolicenia i rozszerzenia systemów raportowania chorób odkleszczowych.

Epidemiological Variations in Major Tick-borne Diseases in Europe and North America: A Comparative Analysis of Poland, Italy and the US States of Louisiana and Kentucky

Background: Tick-borne diseases are increasingly recognised as a serious health threat due to their sharp rise in incidence in recent years. Global climate change promotes tick activity and reproduction.

Hypothesis: The incidence of tick-borne diseases is highest in warmer regions, and lowest in cooler regions. The fact that incidence is determined by many environmental factors was taken into account.

Methods: The species *Ixodes scapularis* and *Ixodes ricinus* were selected for study. The focus was on Lyme disease, encephalitis and Rocky Mountain Spotted Fever.

Results: Epidemiological data do not support the hypothesis. There is a lack of epidemiological data in most European countries. ECDC reports are incomplete across the countries analysed. In some countries, only data on neuroborreliosis is available, which significantly limits the possibility of directly comparing overall incidence rates. These results highlight the need to standardise and expand reporting systems for tick-borne diseases.

Abiotyczne uwarunkowania biologicznego wiązania azotu w układzie symbiotycznym rośliny bobowate–*Rhizobium*

Monika Kozieł

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Bakterie należące do rodziny ***Rhizobiaceae*** stanowią zróżnicowaną grupę bakterii glebowych, odgrywającą istotną rolę w globalnym obiegu azotu. Bakterie te mają zdolność do nawiązywania symbiozy z określonymi gatunkami roślin bobowatych, powodując powstawanie na ich korzeniach brodawek, w których zachodzi proces wiązania azotu atmosferycznego. Efektywność wiązania azotu zależy nie tylko od właściwości biochemicznych i genetycznych symbiontów ale także od warunków środowiskowych. Do głównych czynników abiotycznych, które mogą ograniczać efektywność symbiozy ***Rhizobium***–roślina bobowata należą: pH gleby, temperatura, zasolenie, zawartość składników odżywczych, stres osmotyczny, nawożenie i zanieczyszczenie metalami ciężkimi. Czynniki te wpływają negatywnie na proces infekcji, nodulacji i efektywność symbiozy, co w konsekwencji prowadzi do ograniczenia wiązania azotu i obniżenia plonowania roślin uprawnych.

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

Abiotic Factors Influencing Biological Nitrogen Fixation in the Legume–*Rhizobium* Symbiosis

Bacteria belonging to the ***Rhizobiaceae*** family are a diverse group of soil bacteria that play an important role in global nitrogen fixation. Rhizobia interact with leguminous plants in the soil to form nitrogen fixing nodules in which rhizobia and plant cells coexist. The efficiency of nitrogen fixation depends not only on the biochemical and genetic properties of the symbionts but also on environmental conditions. The main abiotic factors that can limit the effectiveness of the ***Rhizobium***-legume symbiosis include: soil acidity, temperature, salinity, nutrient content, osmotic stress, chemical fertilizers, and heavy metal contamination. These factors affect key processes, including rhizobia survival, nodule formation, and nitrogenase activity, ultimately determining the growth and productivity of legumes. The better understanding of rhizobial physiological responses to different intrinsic and extrinsic stresses factors is very important to improve crop production by harnessing biological nitrogen fixation process.

This work was carried out as part of Task 1.7 funded by the targeted subsidy of the Ministry of Agriculture and Rural Development in 2026 entitled “Microbial Preparations”

Genetyczna identyfikacja szczepów *Rhizobium* i *Bradyrhizobium* wyizolowanych z brodawek korzeniowych roślin bobowatych

Monika Kozieł, Małgorzata Woźniak

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Bakterie z rodziny ***Rhizobiaceae*** promują wzrost i rozwój roślin nie tylko poprzez symbiotyczne wiązanie azotu atmosferycznego ale również poprzez zdolność do produkcji fitohormonów, zwiększania dostępności fosforu, żelaza oraz produkcji enzymów i związków hamujących rozwój patogenów. Stąd też rosnące zainteresowanie wykorzystaniem bakterii symbiotycznych jako naturalnej, biologicznej metody wspomagania rozwoju różnych roślin uprawnych, będącej alternatywą dla nawozów sztucznych oraz pestycydów. Stosowanie dokładnie przebadanych i dobranych do gatunku rośliny szczepów bakterii z rodzaju ***Rhizobium*** stwarza nowe możliwości dla rozwoju rolnictwa oraz poprawy zdrowia gleby w perspektywie długoterminowej.

Niniejsze badania miały na celu identyfikację genetyczną lokalnych szczepów bakterii symbiotycznych wyizolowanych z brodawek korzeniowych roślin bobowatych. Przynależność gatunkowa wszystkich izolatów została określona na podstawie sekwencjonowania metodą Sanger genu 16S rRNA.

Wyniki identyfikacji genetycznej potwierdziły, że 3 szczepy należą do rodzaju ***Rhizobium***., 2 szczepy do ***Bradyrhizobium*** spp., a pozostałe 3 należą do gatunków ***Rhizobium leguminosarum***, ***Bradyrhizobium japonicum*** i ***Ensifer adhaerens***.

Badania 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

Genetic Identification of *Rhizobium* and *Bradyrhizobium* Strains Isolated from Root Nodules of Leguminous Plants

Bacteria of the ***Rhizobiaceae*** family promote plant growth and development not only through symbiotic fixation of atmospheric nitrogen, but also through their ability to produce phytohormones, increase the availability of phosphorus and iron, and produce enzymes and compounds that inhibit the growth of pathogens. The use of ***Rhizobium*** bacterial strains that have been thoroughly tested and selected for specific plant species it brings great potential for agricultural development and improving soil health in long-term.

This study is designed to genetic characterization of local rhizobial strains from legume root nodules. The species affiliation of all isolates was determined based on Sanger sequencing of the 16S rRNA gene.

Genetic identification outcome confirmed that 3 strains belong to the genus ***Rhizobium***, 2 strains to the genus ***Bradyrhizobium***, and the remaining 3 strains belong to the species ***Rhizobium leguminosarum***, ***Bradyrhizobium japonicum***, and ***Ensifer adhaerens***.

The research was carried out within research task 1.18 entitled “Evaluation of the properties and practical use of bacteria of the genus Rhizobium and Bradyrhizobium as components of microbiological products”, implemented under Subprogramme 1 of the statutory activities of the IUNG-PIB

Zmiany w mikrobiomie małży w warunkach ekspozycji na antybiotyki i bakterie odporne

Joanna Krupa, Marta Grabska

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

Wraz ze wzrostem użycia antybiotyków w ostatnich dekadach obserwuje się przyrost ich stężeń w wodach powierzchniowych, co stanowi poważne zagrożenie dla bytującej tam fauny oraz naturalnych zbiorowisk mikroorganizmów. Małże słodkowodne jako filtratory, łatwo pobierają zanieczyszczenia oraz mikroorganizmy znajdujące się w środowisku wodnym. Warunki w przewodzie pokarmowym mogą intensyfikować procesy wymiany materiału genetycznego (m.in. genów oporności) pomiędzy różnymi bakteriami, co czyni małże potencjalnym wektorem ułatwiającym rozprzestrzenianie i utrzymywanie antybiotykooporności w środowisku naturalnym. Głównym celem przeprowadzonych badań była ocena wpływu (i) mieszaniny trzech antybiotyków: streptomycyny, sulfametoksazolu i chloramfenikolu oraz (ii) ekspozycji na szczep ***Pseudomonas putida*** zawierający plazmid RA3 (niosący oporność na chloramfenikol, streptomycynę i sulfonamidy) na mikrobiom szczepu pospolitej ***Anodonta anatina***. Procedura eksperymentalna obejmowała cztery grupy, z których każda składała się z 5 osobników ***A. anatina***: jedną kontrolną (bez modyfikacji) i trzy badawcze, eksponowane odpowiednio na mieszaninę antybiotyków, szczep ***P. putida*** z plazmidem RA3 oraz oba czynniki jednocześnie. Po zakończeniu dwumiesięcznej ekspozycji wyizolowano DNA z jelit małży. Następnie przeprowadzono amplifikację genu 16S rRNA przy użyciu techniki PCR, a uzyskane produkty poddano sekwencjonowaniu. Uzyskane wyniki zostaną wykorzystane do oceny wpływu obecności antybiotyków i bakterii opornych na różnorodność oraz strukturę taksonomiczną mikrobiomu gospodarza, jak również potencjalnego transferu genów oporności do jego mikrobiomu.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach programu OPUS 21 (numer grantu: 2021/41/B/NZ9/01552).

Changes in the Mussel Microbiome under Exposure to Antibiotics and Antibiotic-resistant Bacteria

Joanna Krupa, Marta Grabska

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

With the increasing use of antibiotics in recent decades, rising concentrations of these compounds have been observed in surface waters, posing a serious threat to resident fauna and natural microbial communities. Freshwater mussels, as filter feeders, readily accumulate contaminants and microorganisms present in the aquatic environment. Conditions within the digestive tract may intensify genetic exchange processes (including antibiotic resistance genes) between different bacterial species, making mussels a potential vector that facilitates the spread and maintenance of antibiotic resistance in natural environments. The main objective of the study was to assess the impact of (i) a mixture of three antibiotics: streptomycin, sulfamethoxazole, and chloramphenicol, and (ii) exposure to a *Pseudomonas putida* strain carrying the RA3 plasmid (conferring resistance to chloramphenicol, streptomycin, and sulfonamides) on the microbiome of the freshwater mussel *Anodonta anatina*. The experimental procedure included four groups, each consisting of five *A. anatina* individuals: one control group (without treatment) and three experimental groups exposed respectively to the antibiotic mixture, the *P. putida* strain carrying the RA3 plasmid, and both factors simultaneously. After the two-month exposure period, DNA was isolated from the mussels' intestines. Subsequently, amplification of the 16S rRNA gene was performed using PCR, and the resulting products were subjected to sequencing. The results will be used to assess the impact of the presence of antibiotics and antibiotic-resistant bacteria on the diversity and taxonomic structure of the host microbiome, as well as the potential transfer of antibiotic resistance genes to its microbiome.

This work was supported by the National Science Centre (Poland), under the OPUS 21 programme (grant number: 2021/41/B/NZ9/01552).

Identyfikacja genów wirulencji u opornych na cefalosporyny *Escherichia coli* izolowanych od bydła

Anna Lalak¹, Magdalena Skarżyńska¹, Magdalena Zająć¹, Renata Kwit¹,
Ewelina Skrzypiec¹, Paulina Pasim¹, Weronika Koza¹, Dominika Wojdat¹, Dominika
Pastuszka¹, Inga Bona¹, Sylwia Hudzik-Pałosz¹, Dominika Bajorek¹, Dariusz Wasyl¹

¹Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy

Escherichia coli oporna na środki przeciwdrobnoustrojowe jest jednym z głównych patogenów odpowiedzialnych za zgony spowodowane brakiem skutecznego leczenia. Bydło stanowi istotny rezerwuuar ***E. coli*** posiadających zarówno mechanizmy oporności na antybiotyki, jak i geny wirulencji. Analiza profili wirulencji tych izolatów jest kluczowa dla oceny ich potencjału chorobotwórczego oraz ryzyka transmisji w łańcuchu żywnościowym.

Badaniom poddano 77 szczepów ***E. coli*** wyizolowanych od klinicznie zdrowych zwierząt. Sekwencjonowanie (WGS) wykonano na platformie Illumina (NextSeq, 2x150bp). Analizy przeprowadzono przy użyciu abriTAMR (Galaxy Europe).

Analizy wykazały zróżnicowane profile genów wirulencji, ujawniając zarówno szczepy EPEC (enteropatogenne ***E. coli***), jak i STEC (shigatoksyczne ***E. coli***). Obecność genów toksyny Shiga (***stx***) w połączeniu z genami wyspy patogenności LEE (***eae***, ***tir***, ***esp***, ***nle***) wskazuje na występowanie szczepów o wysokim potencjale chorobotwórczym (EHEC-like).

Współwystępowanie genów wirulencji charakterystycznych dla różnych patotypów ***E. coli*** sugeruje zwiększoną zdolność adaptacji oraz istotne znaczenie epidemiologiczne tych bakterii.

Identification of Virulence Genes in Cephalosporin-resistant *Escherichia coli* Isolated from Cattle

Antimicrobial-resistant ***Escherichia coli*** is one of the leading pathogens responsible for deaths caused by the lack of effective treatment. Cattle constitute an important reservoir of ***E. coli*** possessing both antibiotic resistance mechanisms and virulence genes. Analysis of the virulence profiles of these isolates is crucial for assessing their pathogenic potential and the risk of transmission in the food chain.

Studies were conducted on 77 strains of ***E. coli*** from clinically healthy animals. WGS was performed on the Illumina platform (NextSeq, 2x150bp). Bioinformatic analyses were conducted using abriTAMR (Galaxy Europe).

The results revealed diverse virulence gene profiles, including both EPEC (enteropathogenic ***E. coli***) and STEC (Shiga toxin-producing ***E. coli***) strains. The presence of Shiga toxin genes (***stx***) in combination with genes from the LEE pathogenicity island (***eae***, ***tir***, ***esp***, ***nle***) indicates the occurrence of strains with high pathogenic potential (EHEC-like).

The co-occurrence of virulence genes characteristic of different ***E. coli*** pathotypes suggests increased adaptive capacity and significant epidemiological importance of these bacteria.

Cechy fenotypowe uwzględniające profil metaboliczny grzybów entomopatogennych z rodzaju *Akanthomyces*

Agnieszka Lenga¹, Siegieda Dominika¹, Jacek Panek¹, Sylwia Różalska², Magdalena Frąc^{1*}

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk

²Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki,

e-mail*: m.frac@ipan.lublin.pl

Grzyby entomopatogenne z rodzaju ***Akanthomyces*** (Cordycipitaceae, Hypocreales) należą do kluczowych czynników biotycznych, odgrywających istotną rolę w środowisku, wpływając na liczebność populacji poszczególnych gatunków stawonogów oraz ich relacje troficzne. Cechy fenotypowe grzybów entomopatogennych, w szczególności ich profil metaboliczny należą do czynników warunkujących ich rozwój, a także determinują ich predyspozycję do deterioracji owadów.

Celem przeprowadzonych badań jest określenie profilu metabolicznego, cech morfologicznych i ekologicznych warunków hodowli ***Akanthomyces***

Wstępne badania rozpoznawcze wskazują na wzmożone wykorzystanie związków bezpośrednio powiązanych ze szlakami metabolicznymi uczestniczącymi w patogenie owadów przez testowane grzyby entomopatogenne (N-acetylo-D-glukozaamina, Tween80, trehaloza). Wyniki te stanowią pośredni wskaźnik adaptacji ekologicznej ***Akanthomyces***, wskazując na możliwość wzmożonej wirulencji i szybszej kolonizacji kutikuli owadów przez grzyby.

**Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach programu OPUS 27,
numer umowy 2024/53/B/NZ9/01058**

Phenotypic Traits Including the Metabolic Profile of Entomopathogenic Fungi of the Genus *Akanthomyces*

Entomopathogenic fungi of the genus ***Akanthomyces*** (Cordycipitaceae, Hypocreales) are among the key biotic factors that play an important role in the environment by influencing the population sizes of arthropod species and their trophic interactions. The phenotypic traits of entomopathogenic fungi, especially their metabolic profiles, are among the factors that determine their development and their ability to degrade insects.

The aim of the study was to determine the metabolic profiles of ***Akanthomyces***, their morphological traits and ecological cultivation conditions.

The preliminary research indicates that tested entomopathogenic fungi utilize compounds directly associated with metabolic pathways involved in insect pathogenesis (N-Acetyl-D-Glucosamine, Tween 80, Trehalose). This results constitute an indirect indicator of the ecological adaptation of ***Akanthomyces***, suggesting the possibility of enhanced virulence and faster colonization of the insect cuticle by this fungi.

This research was funded by the National Science Centre (NCN), Poland, under the OPUS 27 programme, grant no. 2024/53/B/NZ9/01058

Identyfikacja molekularna i morfologiczna grzyba entomopatogenicznego *Penicillium soppii*

Anna Lisowska¹, Dominika Goss¹, Marta Nowak-Lange², Monika Nowak-Marczyk², Sylwia Różalska², Mirosława Słaba²

¹Uniwersytet Łódzki, Szkoła Doktorska BioMedChem UŁ i Instytutów PAN w Łodzi, Łódź, Polska

²Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Łódź, Polska

Penicillium soppii to gatunek workowców należący do rodziny *Aspergillaceae*, wykazujący zdolności do infekcji owadów. Celem niniejszej pracy była identyfikacja morfologiczna i molekularna izolatu *P. soppii* uzyskanego z gleby leśnej województwa łódzkiego w ramach badań screeningowych ukierunkowanych na pozyskanie grzybów o potencjale entomopatogenicznym. Oznaczenie taksonomiczne przeprowadzono na podstawie oceny cech fenotypowych oraz analizy molekularnej. Przynależność gatunkową izolatu określono w oparciu o analizę sekwencji regionu ITS (Internal Transcribed Spacer) rDNA. Ocenę potencjału entomopatogenicznego uzyskanego izolatu przeprowadzono z wykorzystaniem larw modelowych *Tenebrio molitor*.

Analiza molekularna wykazała wysoki stopień podobieństwa (99–100%) uzyskanej sekwencji do szczepów referencyjnych *P. soppii*, zdeponowanych w bazie GenBank, co potwierdziło wyniki obserwacji morfologicznych. W przeprowadzonych testach stwierdzono zdolność badanego izolatu do infekowania larw owadów, co wskazuje na jego potencjalne zastosowanie w dalszych badaniach nad biopestycydami.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w Polsce. Numer grantu: 2024/53/B/NZ9/01058

Molecular and Morphological Identification of the Entomopathogenic Fungi *Penicillium soppii*

Penicillium soppii is a species of Ascomycete belonging to the family *Aspergillaceae*, which has the potential to infect insects. The aim of this study was the morphological and molecular identification of a *P. soppii* isolate collected from forest soil in the Lodz Voivodeship as part of screening studies targeting the identification of entomopathogenic fungi. Taxonomic identification was based on the analysis of phenotypic characteristics and molecular analysis. The species affiliation of the isolate was determined based on the analysis of the rDNA ITS (Internal Transcribed Spacer) region sequence. The entomopathogenic potential of the selected isolate was studied using the reference model larvae *Tenebrio molitor*.

Molecular analysis showed a high degree of homology (99–100%) between the tested sequence and *P. soppii* reference strains in the GenBank database, which confirmed the results of morphological observations. During the assessment of entomopathogenic activity, the ability of this isolate to infect insects was confirmed, which gives it significant potential in research on plant pest control agents.

This research was funded by National Science Center, Poland. Grant number 2024/53/B/NZ9/01058.

Metatranskryptomiczna analiza aktywnego mikrobiomu i rezystomu gleb skażonych wielopierścieniowymi węglowodorami aromatycznymi (WWA)

Anna Marzec - Grządziel, Anna Gałązka

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – PIB, Zakład Mikrobiologii

Wielopierścieniowe węglowodory aromatyczne (WWA) należą do trwałych zanieczyszczeń środowiskowych, które mogą wpływać na strukturę mikrobiomów glebowych. Metatranskryptomika umożliwia identyfikację genów aktywnie ekspresjonowanych przez mikroorganizmy, dostarczając informacji o rzeczywistej aktywności metabolicznej społeczności mikrobiologicznych.

Celem pracy była charakterystyka aktywnego mikrobiomu i rezystomu gleb skażonych WWA. Analizowano sześć próbek gleby pobranych z różnych mikrolokalizacji obszaru skażonego WWA.

Analizy wykazały wysoką aktywność metaboliczną mikrobiomów glebowych oraz ekspresję licznych genów zaangażowanych w degradację związków aromatycznych. Jednocześnie stwierdzono obecność aktywnego rezystomu środowiskowego. Analizy korelacyjne wykazały dodatnie zależności pomiędzy aktywnością szlaków degradacji WWA i oporności na antybiotyki.

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

Metatranscriptomic Analysis of the Active Microbiome and Resistome of Soils Contaminated with Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs)

Polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) are persistent environmental pollutants that can influence the structure of soil microbiomes. Metatranscriptomics enables the identification of genes actively expressed by microorganisms, providing insights into the actual metabolic activity of microbial communities.

The aim of this study was to characterize the active microbiome and resistome of PAH-contaminated soils. Six soil samples collected from different micro-sites within a PAH-contaminated area were analyzed.

The analyses revealed high metabolic activity of soil microbiomes and the expression of numerous genes involved in the degradation of aromatic compounds. At the same time, an active environmental resistome was detected. Correlation analyses demonstrated positive associations between the activity of PAH degradation pathways and antimicrobial resistance pathways.

Różnorodność mikrobiologiczna gleb skażonych w kontekście monitorowania zanieczyszczeń środowiskowych

Anna Marzec-Grządziel, Katarzyna Wiejak, Jarosław Ciepiel

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – PIB, Zakład Mikrobiologii

Zanieczyszczenia środowiskowe stanowią jedno z najważniejszych wyzwań współczesnej ochrony środowiska. Skuteczne monitorowanie tych zagrożeń wymaga zastosowania nowoczesnych metod diagnostycznych oraz narzędzi umożliwiających szybką ocenę stanu środowiska.

W ramach projektu Mobiles opracowywane są innowacyjne biosensory przeznaczone do wykrywania wybranych zanieczyszczeń chemicznych oraz mikroorganizmów opornych na antybiotyki. Istotnym elementem projektu są badania mikrobiomów gleb pochodzących z różnych lokalizacji geograficznych. W tym celu przeprowadzono pobór próbek środowiskowych, izolację materiału genetycznego oraz sekwencjonowanie wysokoprzepustowe DNA z wykorzystaniem technologii Illumina. Uzyskane dane poddano analizom metataksonomicznym w celu określenia struktury i różnorodności społeczności mikroorganizmów.

Przeprowadzone analizy wykazały wyraźne różnice w składzie mikrobiologicznym gleb pomiędzy badanymi krajami. Zaobserwowano zróżnicowanie zarówno bogactwa gatunkowego, jak i struktury społeczności mikroorganizmów, co wskazuje na istotny wpływ lokalnych warunków środowiskowych na kształtowanie mikrobiomów.

Badania te są finansowane w ramach umowy grantowej nr 101135402 — Mobiles — HORIZON-CL6-2023-ZEROPOLLUTION-01

Microbial Diversity of Contaminated Soils in the Context of Environmental Pollution Monitoring

Environmental pollution represents one of the major challenges in modern environmental protection. Effective monitoring of these threats requires the application of advanced diagnostic methods and tools that enable rapid assessment of environmental quality.

Within the MOBILES project, innovative biosensors are being developed for the detection of selected chemical contaminants and antibiotic-resistant microorganisms. An important component of the project involves the investigation of soil microbiomes collected from different geographical locations. Environmental samples were collected, genomic DNA was isolated, and high-throughput sequencing was performed using Illumina technology. The resulting data were analyzed using metataxonomic approaches to characterize the structure and diversity of microbial communities.

The analyses revealed clear differences in the microbial composition of soils among the studied countries. Variations were observed in both species richness and community structure, indicating a significant influence of local environmental conditions on the composition and diversity of soil microbiomes.

This research is funded under grant agreement No. 101135402 — Mobiles — HORIZON-CL6-2023-ZEROPOLLUTION-01

Wpływ biostymulatorów na potencjalny profil funkcjonalny mikrobiomu bakteryjnego nasion pomidora

Mateusz Mącik¹, Dominika Siegieda¹, Agata Gryta¹, Jacek Panek¹, Loredana Canfora²,
Flavia Pinzari³, Eligio Malusa⁴, Magdalena Frąc¹

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk,

²Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e L'Analisi, via della navicella 2-4, Roma, 00184, Italy

³Institute for Biological Systems (IBS), Council of National Research of Italy (CNR), Area della Ricerca di Roma,
via Salaria Km 29, 300, 00015 Monterotondo (RM), Italy

⁴National Institute of Horticulture in Skierniewice, Pomologiczna 18, 96-100 Skierniewice, Poland
m.macik@ipan.lublin.pl, m.frac@ipan.lublin.pl

Mikrobiom nasion pełni istotną rolę w promowaniu wzrostu roślin, ochronie przed patogenami oraz adaptacji do stresów abiotycznych. Celem badań była analiza wpływu biostymulatorów (Bactim Horti, Black Jack i kwasy humusowe) na potencjalny profil funkcjonalny mikrobiomu bakteryjnego nasion pomidora (*Solanum lycopersicum*). Predykcję profilu funkcjonalnego przeprowadzono na podstawie sekwencjonowania następnej generacji, z wykorzystaniem narzędzia PICRUST2 oraz bazy danych KEGG. Największa liczba funkcjonalnych sekwencji została przypisana do szlaków związanych z metabolizmem (~80%) oraz przetwarzaniem informacji genetycznej (~14%). W nasionach stymulowanych preparatami Bactim Horti oraz Black Jack zanotowano wzrost liczby sekwencji przypisanych do głównych klas metabolicznych, odpowiednio, 26-30% i 38-41%. Najbardziej zróżnicowaną główną klasą KEGG był metabolizm, obejmujący 11 podklas, z najwyższą liczbą sekwencji przypisanych do szlaków związanych z przemianami kofaktorów i witamin, oraz węglowodanów i aminokwasów.

The Effect of Biostimulants on the Potential Functional Profile of the Tomato Seeds Bacterial Microbiome

The seed microbiome play an important role in promoting plant growth, protecting against pathogens, and facilitating adaptation to abiotic stresses. The aim of the study was to analyze the effect of biostimulants (Bactim Horti, Black Jack, and humic acids) on the potential functional profile of the bacterial microbiome of tomato (*Solanum lycopersicum*) seeds. The functional profile prediction was performed based on Next Generation Sequencing, with using the PICRUST2 tool, and the KEGG database. The highest number of functional sequences was assigned to pathways related to metabolism (~80%) and genetic information processing (~14%). In seeds stimulated with Bactim Horti and Black Jack biostimulants, an increase in the number of sequences assigned to major metabolic classes was recorded, by 26-30% and 38-41%, respectively. The most diverse KEGG main class was metabolism, encompassing 11 subclasses, with the highest number of sequences assigned to pathways related to the biotransformations of cofactors and vitamins, carbohydrates, and amino acids.

Badania finansowane w ramach Programu Horyzont Europa, numer umowy: Project 101157268
— SPIN-FERT

Wpływ nanocząstek tlenku cynku (ZnO NPs) na bakterie glebowe promujące wzrost roślin

Michał Motrenko¹, Agata Lange¹, Sławomir Jaworski¹

Katedra Nanobiotechnologii, Instytut Biologii,
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Intensywny rozwój nanotechnologii prowadzi do systematycznego wzrostu obecności nanomateriałów w ekosystemach lądowych. Nanocząstki tlenku cynku (ZnO NPs), szeroko stosowane ze względu na właściwości fotokatalityczne, antybakteryjne i zdolność pochłaniania promieniowania UV, należą do najliczniej produkowanych nanomateriałów na świecie. Skala ich wykorzystania w produktach konsumenckich, materiałach funkcjonalnych i agrochemikaliach rodzi uzasadnione obawy dotyczące kumulacji tych cząstek w glebie i potencjalnych zagrożeń dla mikrobioty glebowej. Niniejsza praca obejmuje kompleksową charakterystykę fizykochemiczną ZnO NPs oraz analizę ich oddziaływania na wybrane mikroorganizmy glebowe. Stabilność koloidalna zawiesin została oceniona na podstawie pomiarów potencjału zeta, natomiast rozkład wielkości cząstek oraz ich stężenie wyznaczono metodą śledzenia trajektorii nanocząstek. Morfologię komórek bakteryjnych oraz zmiany strukturalne wywołane ekspozycją na ZnO NPs udokumentowano z wykorzystaniem skaningowej mikroskopii elektronowej (SEM), która umożliwiła wizualizację interakcji nanocząstek z powierzchnią komórek oraz ocenę uszkodzeń błony komórkowej, a także mikroskopii konfokalnej, zastosowanej do oceny wpływu ZnO NPs na biofilm bakteryjny.

The Effect of Zinc Oxide Nanoparticles (ZnO NPs) on Plant Growth-promoting Soil Bacteria

The rapid advancement of nanotechnology has led to a systematic increase in the presence of nanomaterials in terrestrial ecosystems. Zinc oxide nanoparticles (ZnO NPs), widely used due to their photocatalytic and antibacterial properties and ability to absorb UV radiation, are among the most extensively produced nanomaterials worldwide. The scale of their application in consumer products, functional materials, and agrochemicals raises justified concerns regarding their accumulation in soil and potential threats to the soil microbiota. This study provides a comprehensive physicochemical characterization of ZnO NPs and evaluates their effects on selected soil microorganisms. Colloidal stability of the suspensions was assessed by zeta potential measurements, while particle size distribution and concentration were determined by nanoparticle tracking analysis (NTA). The morphology of bacterial cells and structural changes induced by ZnO NP exposure were examined using scanning electron microscopy (SEM), enabling visualization of nanoparticle–cell surface interactions and assessment of membrane damage, as well as confocal microscopy to evaluate the effect of ZnO NPs on bacterial biofilm formation.

Strategia adaptacyjna szczepów grzybowych wyizolowanych z gleby ryzosferowej rzodkiewki (*Raphanus sativus* var. *sativus*)

Artur Nowak¹, Natalia Kutyríeva-Nowak², Justyna Dziedzic¹, Julia Wójtowicz¹,
Sylwia Siebielec³, Małgorzata Woźniak³

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, UMCS,

²Katedra Biologii Molekularnej, KUL,

³Zakład Mikrobiologii IUNG-PIB

Uprawa warzyw w monokulturze pozostaje powszechnym problemem, szczególnie w przypadku produkcji tunelowej. Dobrym przykładem jest rzodkiewka (*Raphanus sativus* var. *sativus*) – jedna z popularniejszych nowalijek w Polsce. Ze względu na krótki cykl uprawowy, wynoszący niekiedy mniej niż 24 godziny od zbioru do ponownego zasiewu, ma ona istotny wpływ na mikroorganizmy glebowe, zwłaszcza zasiedlające ryzosferę. Z gleby ryzosferowej rzodkiewki pobranej w fazie zbioru (25. dzień) wyizolowano szczepy grzybowe, które następnie zidentyfikowano na podstawie analizy regionu ITS. Stwierdzono obecność następujących rodzajów: *Fusarium* sp. RM01, *Plectosphaerella* sp. RM03, *Fusarium* sp. RM07, *Alternaria* sp. RM13, *Pseudopithomyces* sp. RM27 oraz *Alternaria* sp. RM29. Uzyskane izolaty sprofilowano pod kątem wykorzystania substratów za pomocą testów FFPlate oraz zdolności do syntezy ACC-deaminazy. Badane szczepy wykazywały zróżnicowane profile metaboliczne: od AWCD = 0,77, R = 3 i H = 2 (RM13) do AWCD = 0,476, R = 42,7 i H = 3,8 (RM01), co świadczy o szerokim spektrum zasiedlanych nisz ekologicznych. Wszystkie badane szczepy, z wyjątkiem RM07, syntetyzowały ACC-deaminazę w obecności ACC. Na uwagę zasługuje izolat RM01, który wykazywał zdolność do produkcji tego enzymu również bez indukcji substratem. Uzyskane wyniki wskazują na ścisłe interakcje między badanymi izolatami a rzodkiewką.

Adaptive Strategies of Fungal Strains Isolated from the Rhizosphere Soil of Radish (*Raphanus sativus* var. *sativus*)

Monoculture cultivation of vegetables remains a common issue, particularly in tunnel production. A representative example is radish (*Raphanus sativus* var. *sativus*), one of the most popular spring vegetables in Poland. Due to its short cultivation cycle – sometimes less than 24 hours from harvest to re-sowing – it exerts a considerable influence on soil microorganisms, especially those colonising the rhizosphere. Fungal strains were isolated from rhizospheric soil collected from radish plants at the harvest stage (day 25) and subsequently identified based on ITS region analysis. The following genera were detected: *Fusarium* sp. RM01, *Plectosphaerella* sp. RM03, *Fusarium* sp. RM07, *Alternaria* sp. RM13, *Pseudopithomyces* sp. RM27, and *Alternaria* sp. RM29. The obtained isolates were profiled for substrate utilisation using FFPlate assays and for the ability to synthesise ACC deaminase. The strains exhibited diverse metabolic profiles, ranging from AWCD = 0.77, R = 3, and H = 2 (RM13) to AWCD = 0.476, R = 42.7, and H = 3.8 (RM01), indicating a broad spectrum of occupied ecological niches. All strains, with the exception of RM07, synthesised ACC deaminase in the presence of ACC. Notably, isolate RM01 demonstrated the ability to produce this enzyme constitutively, without substrate induction. The results suggest close interactions between the investigated isolates and radish.

Optimalizacja produkcji egzopolisacharydów (EPS) przez *Fusarium avenaceum* metodą Response Surface Methodology (RSM): wpływ źródła i stężenia węgla oraz azotu

Artur Nowak¹, Yelyzaveta Vozdihan², Hanna Levaya², Magdalena Swat², Ewa Jezioro², Grzegorz Mitruś², Aleksandra Małek², Emilia Telejko², Joanna Rybka², Kamila Korczak², Jolanta Jaroszuk-Ściseł¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, UMCS,

²Studenckie Koło Naukowe „Bakcyl”, UMCS

Polimery zewnątrzkomórkowe (EPS) są jednymi z najważniejszych metabolitów syntetyzowanych przez grzyby. Kształtują one interakcje pomiędzy mikroorganizmami oraz ich kontakty z roślinami. Gatunki należące do rodzaju *Fusarium* są szeroko rozpowszechnionymi grzybami glebowymi, wykazującymi szeroki zakres interakcji z roślinami — od promowania wzrostu po oddziaływanie patogeniczne. Przedstawicielem tego rodzaju jest *Fusarium avenaceum*, scharakteryzowany pod kątem zdolności do promowania wzrostu roślin oraz syntezy EPS. W ramach optymalizacji hodowli przeprowadzono analizy RSM dla układów obejmujących źródła węgla (sacharoza, glukoza, fruktoza) oraz źródła azotu (pepton, ekstrakt drożdżowy, mocznik i azotan amonu). Układ doświadczalny (-1; 0; 1) dla źródeł węgla wynosił odpowiednio 10, 30 i 50 g/L, natomiast dla źródeł azotu: 2,5; 7,5 oraz 12,5 g/L. Hodowlę prowadzono przez 4 dni. Po zakończeniu hodowli EPS precypitowano etanolem w stosunku 1:1, a następnie oznaczano suchą masę (g/L). We wszystkich wariantach obserwowano syntezę EPS, przy czym najwyższą wydajność uzyskano w układach: sacharoza-pepton, glukoza-ekstrakt drożdżowy oraz fruktoza-ekstrakt drożdżowy, osiągając poziom 0,8–1,1 g/L.

Optimization of Exopolysaccharide (EPS) Production by *Fusarium avenaceum* Using Response Surface Methodology (RSM): The Effect of Carbon and Nitrogen Sources and Concentrations

Extracellular polymers (EPS) are among the most important metabolites synthesised by fungi. They influence the interactions between microorganisms and their interactions with plants. *Fusarium* species are widespread soil fungi that exhibit a wide range of interactions with plants, from promoting growth to causing disease. One such species is *Fusarium avenaceum*, which is characterised by its ability to promote plant growth and synthesise EPS. RSM analyses were conducted as part of culture optimisation for systems comprising carbon sources (sucrose, glucose and fructose) and nitrogen sources (peptone, yeast extract, urea and ammonium nitrate). The experimental setup for carbon sources was 10, 30 and 50 g/L (-1; 0; 1), while for nitrogen sources it was: 2.5, 7.5 and 12.5 g/L. The culture was maintained for four days. After this period, the EPS was precipitated with a 1:1 ethanol/water solution, after which the dry weight (g/L) was determined. EPS synthesis was observed in all variants, with the highest yields obtained in the sucrose-peptone, glucose-yeast extract and fructose-yeast extract systems at levels of 0.8–1.1 g/L.

Podłoże hodowlane jako czynnik determinujący aktywność postbiotyków bakterii fermentacji mlekowej

Marta Nowak-Lange, Katarzyna Lisowska

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

Rosnące znaczenie zrównoważonego rozwoju oraz koncepcji „zero waste” sprzyja wykorzystaniu surowców odpadowych jako składników podłoża hodowlanych. Serwatka, produkt uboczny przemysłu mleczarskiego, stanowi cenne źródło składników odżywczych i może służyć do produkcji biologicznie aktywnych metabolitów. Postbiotyki bakterii fermentacji mlekowej (LAB) są coraz częściej rozważane jako alternatywa dla żywych probiotyków. Celem badań była ocena wpływu podłoża standardowego oraz podłoża serwatkowych na aktywność postbiotyków wytwarzanych przez szczepy LAB. Analizowano szczepy referencyjne oraz izolaty z fermentowanych produktów spożywczych. Preparaty oceniano pod kątem aktywności przeciwdrobnoustrojowej wobec wybranych bakteryjnych i grzybiczych patogenów skóry, wyznaczając wartości MIC oraz MBC/MFC. Potencjał antyoksydacyjny określano z użyciem testów FRAP, DPPH, ABTS oraz Antioxidant Assay Kit. Wykazano, że aktywne postbiotyki mogą być otrzymywane zarówno na podłożu MRS, jak i na podłożach serwatkowych, a ich skuteczność zależy od szczepu oraz warunków hodowli. Wyniki wskazują na możliwość wykorzystania serwatki do zrównoważonej produkcji postbiotyków o potencjale przeciwdrobnoustrojowym i antyoksydacyjnym.

***Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu
MINIATURA-8, umowa nr 2024/08/X/NZ9/00211***

Culture Medium as a Factor Determining the Activity of Postbiotics Produced by Lactic Acid Bacteria

The growing importance of sustainability and the “zero waste” concept supports the use of waste materials in culture media. Whey, a by-product of the dairy industry, is a valuable nutrient source and may be used to produce biologically active metabolites. Postbiotics produced by lactic acid bacteria are increasingly considered an alternative to live probiotics. This study evaluated the effect of standard and whey-based media on the activity of postbiotics produced by LAB strains. Reference strains and isolates from fermented food products were analysed. The preparations were assessed for antimicrobial activity against selected bacterial and fungal skin pathogens by determining MIC and MBC/MFC values. Antioxidant potential was evaluated using FRAP, DPPH, ABTS, and Antioxidant Assay Kit assays. Active postbiotics were obtained using both MRS and whey-based media, although their efficacy varied with strain and culture conditions. These results indicate that whey may be a valuable substrate for the sustainable production of postbiotics with antimicrobial and antioxidant potential.

This work was supported by The National Science Centre of Poland within the MINIATURA-8, contract number 2024/08/X/NZ9/00211

Aktywność metaboliczna *Beauveria bassiana* w obecności zearalenonu i ekstraktów *Fusarium graminearum*

Monika Nowak-Marczyk, Sylwia Różalska

Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii

Beauveria bassiana jest grzybem entomopatogennym naturalnie występującym w glebie oraz stosowanym jako biologiczny środek ochrony roślin. W środowisku może współwystępować z grzybami ***Fusarium***, produkującymi mykotoksyny, m.in. zearalenon (ZEN). Celem badań była ocena wpływu ZEN oraz ekstraktów ***Fusarium graminearum*** na aktywność metaboliczną ***B. bassiana***. Aktywność metaboliczną ***B. bassiana*** analizowano z wykorzystaniem testów prowadzonych na płytkach 96-dołkowych. Grzyb hodowano w obecności wzrastających stężeń ZEN oraz ekstraktów ***F. graminearum***, hodowanym na pszenicy, kukurydzy i ryżu, standaryzowanych względem zawartości ZEN. Aktywność metaboliczną oznaczano metodą FDA na podstawie pomiaru fluorescencji. ZEN powodował zależny od stężenia spadek aktywności metabolicznej ***B. bassiana***. Ekstrakty ***F. graminearum*** wywoływały odmienną odpowiedź metaboliczną, skutkującą utrzymaniem lub zwiększeniem aktywności względem kontroli bądź jej niewielkim obniżeniem. Uzyskane wyniki wskazują, że odpowiedź metaboliczna ***B. bassiana*** na działanie metabolitów ***F. graminearum*** zależy nie tylko od zawartości ZEN, lecz także od złożonego składu chemicznego ekstraktów oraz rodzaju podłoża wykorzystanego do hodowli grzyba.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu MINIATURA-7, umowa nr 2023/07/X/NZ9/00547

Metabolic Activity of *Beauveria bassiana* in the Presence of Zearalenone and *Fusarium graminearum* Extracts

Beauveria bassiana is an entomopathogenic fungus naturally occurring in soil and widely used as a biological control agent. In agricultural environments, it may coexist with ***Fusarium*** species producing mycotoxins, including zearalenone (ZEN). The aim of the study was to evaluate the effect of ZEN and ***Fusarium graminearum*** extracts on the metabolic activity of ***B. bassiana***. The metabolic activity of ***B. bassiana*** was analyzed using 96-well plate assays. The fungus was cultivated in the presence of increasing concentrations of ZEN and ***F. graminearum*** extracts obtained from cultures grown on rice, maize, and wheat, standardized according to ZEN content. Metabolic activity was determined using the FDA assay based on fluorescence measurements. ZEN caused a concentration-dependent decrease in the metabolic activity of ***B. bassiana***. In contrast, ***F. graminearum*** extracts induced a different metabolic response, resulting in maintenance or enhancement of metabolic activity relative to the control, or only a slight reduction. The results obtained indicate that the metabolic response of ***B. bassiana*** to ***F. graminearum*** metabolites depends not only on ZEN content, but also on the complex chemical composition of the extracts and the cultivation substrate used for fungal growth.

This work was supported by The National Science Centre of Poland within the MINIATURA-7 contract number 2023/07/X/NZ9/00547

Charakterystyka grzybów zasiedlających nasiona soi *Glycine max* L. w uprawie ekologicznej

Hanna Olszak-Przybyś, Marcin Przybyś

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy w Puławach, Puławy

Grzyby kolonizujące nasiona soi mogą wpływać na zdrowotność materiału siewnego, co ma szczególne znaczenie w ekologicznych systemach uprawy, gdzie możliwości chemicznej ochrony są ograniczone. Celem badań była charakterystyka grzybów zasiedlających nasiona ekologicznej soi (*Glycine max* L.) oraz ocena wpływu roku uprawy i lokalizacji na skład gatunkowy i liczebność tych grzybów. Materiał badawczy stanowiły nasiona trzech odmian soi różniących się terminem dojrzwania. Próbkę pochodziły z dwóch lokalizacji doświadczalnych, gdzie odmiany uprawiano w systemie ekologicznym. Oceniono zdolność kiełkowania nasion, zawartość białka i tłuszczu. Charakterystykę składu gatunkowego grzybów wykonano na podstawie sekwencjonowania regionu *ITS*. Łącznie zidentyfikowano 97 taksonów, z czego 89 sklasyfikowano do poziomu gatunku (91,8%). W materiale nasiennym stwierdzono obecność zarówno grzybów saprofitycznych, jak i potencjalnie patogenicznych. Do najliczniejszych taksonów należały przedstawiciele rodzajów *Fusarium* spp., *Alternaria* spp., *Cladosporium* spp., *Aspergillus* spp. i *Penicillium* spp. Dominującymi rodzinami były *Pleosporaceae*, *Trichocomaceae* i *Nectriaceae*. Wykazano istotne różnice w różnorodności alfa między latami badań. Uzyskane wyniki wskazują na znaczący wpływ warunków środowiskowych na strukturę społeczności grzybów zasiedlających nasiona soi uprawianej w systemie ekologicznym.

Characterization of Fungi Colonizing Soybean (*Glycine max* L.) Seeds in Organic Cultivation

Fungi colonizing soybean seeds may affect seed health, which is particularly important in organic farming systems where the use of chemical plant protection products is limited. The aim of this study was to characterize fungi colonizing organic soybean (*Glycine max* L.) seeds and to evaluate the effect of cultivation year and location on the species composition and abundance of these fungi. The research material consisted of seeds from three soybean cultivars differing in maturity time. Seed samples were collected from two experimental locations: Przecław and Tarnów, where the cultivars were grown within an organic system production. The germination capacity of the seeds and their protein and fat content were assessed. The fungal species composition was characterized based on sequencing of the *ITS* region. A total of 97 taxa were identified, of which 89 were classified to the species level (91.8%). Both saprophytic and potentially pathogenic fungi were detected in the seed material. The most abundant taxa included representatives of the genera *Fusarium* spp., *Alternaria* spp., *Cladosporium* spp., *Aspergillus* spp., and *Penicillium* spp. The dominant fungal families were *Pleosporaceae*, *Trichocomaceae*, and *Nectriaceae*. Significant differences in alpha diversity were observed between the study years. The obtained results indicate a substantial influence of environmental conditions on the structure of fungal communities colonizing organic soybean seeds.

Wpływ biostymulatora mikrobiologicznego zawierającego szczep *Bacillus* spp. na zmiany w profilu metabolicznym bakterii endofitycznych wyizolowanych z nasion wybranych gatunków warzyw

Karolina Oszust¹, Michał Pylak¹, Agata Gryta¹, Loredana Canfora², Flavia Pinzari³, Eligio Malusa⁴, Magdalena Frąc¹

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk,
e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl, k.oszust@ipan.lublin.pl

²Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e L'Analisi, via della navicella 2-4, Roma, 00184, Italy

³Institute for Biological Systems (IBS), Council of National Research of Italy (CNR), Area della Ricerca di Roma, via Salaria Km 29, 300, 00015 Monterotondo (RM), Italy

⁴National Institute of Horticulture in Skierniewice, Pomologiczna 18, 96-100 Skierniewice, Poland

Celem badań było określenie wpływu biostymulatora mikrobiologicznego zawierającego szczep *Bacillus* spp. na profil metaboliczny bakterii endofitycznych wyizolowanych z nasion cukinii, ogórka i sałaty. Wykorzystano izolaty m.in. *Lysinibacillus* i *Bacillus*, a eksperyment obejmował wstępną hodowlę z dodatkiem biostymulatora oraz analizę na płytkach Biolog® GEN III. Aktywność metaboliczną oceniano na podstawie zmian barwy wskaźnika redoks, przyrostu biomasy oraz wskaźników bioróżnorodności. Wyniki wykazały zróżnicowany wpływ biostymulatora na profile metaboliczne badanych bakterii, z największymi zmianami dla izolatu B113/25 i B127/25. Dodatek biostymulatora prowadził do wzrostu wskaźników bioróżnorodności metabolicznej.

Badania finansowane w ramach projektu SPIN-FERT 101157265 HORIZON-MISS-2023-SOIL-01: Innovative practices, tools and products to boost soil fertility and peat substitution in horticultural crops.

Effect of a Microbiological Biostimulant Based on *Bacillus* spp. on Changes in the Metabolic Profile of Endophytic Bacteria Isolated from Seeds of Selected Vegetable Species

The aim of the study was to determine the effect of a microbiological biostimulant containing *Bacillus* spp. strains on the metabolic profile of endophytic bacteria isolated from seeds of zucchini, cucumber and lettuce. Isolates of *Lysinibacillus* and *Bacillus* were used among others, and the experiment included preliminary cultivation with the biostimulant followed by analysis using Biolog® GEN III plates. Metabolic activity was assessed based on changes in redox indicator color, biomass growth, and biodiversity indices. The results showed a varied effect of the biostimulant on the metabolic profiles of the studied bacteria, with the greatest changes observed for isolate B113/25 and B127/25. The addition of the biostimulant increased metabolic biodiversity indices.

Pierwszy wgląd w strukturę i ładunek genetyczny genomów oportunistycznej bakterii *Cronobacter turicensis*

Zofia Owczarzak¹, Kamil Krakowski², Agnieszka Wyszynska¹, Anastazja Tasinkiewicz¹,
Magdalena Szuplewska¹, Ewa Pszczoła¹, Paweł Wawrzyniak¹, Dorota Korsak¹,
Dariusz Bartosik¹

¹Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

²Instytut Biologii Ewolucyjnej, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski

Bakterie z rodzaju ***Cronobacter*** (***Enterobacteriaceae***) wywołują groźne infekcje u noworodków i osób z obniżoną odpornością. Modelowym gatunkiem w badaniach nad patogenizacją tych bakterii jest ***Cronobacter sakazakii***. Innym gatunkom, np. ***Cronobacter turicensis***, pomimo udokumentowanych przypadków śmiertelnych infekcji, nie poświęca się wystarczającej uwagi. Aby po części wypełnić tę lukę, odczytaliśmy kompletne sekwencje nukleotydowe genomów dziewięciu szczepów ***C. turicensis*** wyizolowanych z różnych produktów spożywczych. W niniejszej pracy przedstawiamy wyniki pierwszych kompleksowych analiz genomicznych tej bakterii, które pozwalają lepiej zrozumieć historię ewolucyjną ***Cronobacter*** spp. Szczególną uwagę poświęcono plazmidom wirulencji tych bakterii (pVirCro) oraz obecnym w nich systemom CDI (ang. **contact-dependent growth inhibition**) warunkującym antagonistyczne interakcje między bakteriami. Interakcje te, poprzez eliminację innych bakterii zasiedlających tę samą niszę ekologiczną, mogą prowadzić do ograniczenia zakresu zdarzeń horyzontalnego transferu genów, a tym samym sprzyjać utrzymaniu odrębności genetycznej tych bakterii.

Finansowanie: Narodowe Centrum Nauki (grant nr: DEC-2022/47/B/NZ8/03264)

First Insights into the Structure and Genetic Content of the Genomes of the Opportunistic Bacterium *Cronobacter turicensis*

Bacteria of the genus ***Cronobacter*** (***Enterobacteriaceae***) are responsible for severe infections in neonates and immunocompromised individuals. ***Cronobacter sakazakii*** is considered the model species in studies investigating the pathogenesis of these bacteria. Other species, such as ***Cronobacter turicensis***, have received considerably less attention despite documented cases of fatal infections. To partially address this knowledge gap, we obtained complete genomic sequences of nine ***C. turicensis*** strains isolated from various food products. In this study, we present the first comprehensive genomic analyses of this bacterium, providing new insights into the evolutionary history of ***Cronobacter*** spp. Particular attention was given to the virulence plasmids of these bacteria (pVirCro) and their CDI (contact-dependent growth inhibition) systems, which mediate antagonistic interactions between bacterial cells. By eliminating competing bacteria occupying the same ecological niche, these interactions may reduce the frequency of horizontal gene transfer events and thereby contribute to maintaining the genetic distinctiveness of these bacteria.

Funding: National Science Centre, Poland (grant no: DEC-2022/47/B/NZ8/03264)

Fotoautotroficzne mikroorganizmy tworzące biocrust pola uprawnego

Marceli Pacan¹, Angelika Kliszcz², Tomasz Lenard¹, Weronika Goraj¹, Anna Kruczyńska¹,
Aneta Perzanowska³, Marcin Skowronek¹, Andrzej Słomczewski,
Wiesława Kasperska-Wołowicz³, Jacek Podlewski³, Agnieszka Kuźniar¹, Rafał Łopucki¹

¹Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

²Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie

³CGFP Sp. z o.o.,

⁴Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Dotychczas, badania molekularne mikrobiomu pól uprawnych koncentrowały się głównie na mikroorganizmach strefy korzeniowej, endosymbiontach oraz hotspotach glebowych, natomiast znacznie mniej uwagi poświęcono fotosyntetyzującym mikroorganizmom glebowym (FMG), obejmującym algi glebowe i Cyanobacteria, tworzącym biocrust na powierzchni gleby. Celem badań była analiza struktury taksonomicznej FMG występujących na powierzchni pól uprawnych w dwóch lokalizacjach Polski (Wojnowo, woj. kujawsko-pomorskie; Miedniewice, woj. mazowieckie) w zależności od warunków siedliskowych, takich jak wilgotność, żyzność gleby, pokrycie roślinnością oraz aktywność dżdżownic. Analizy makroskopowe i molekularne pozwoliły określić skład taksonomiczny oraz porównać bogactwo gatunkowe i różnorodność społeczności FMG pomiędzy stanowiskami. Największą ilość odczytów sekwencji genu 18S rRNA odnotowano dla przedstawicieli alg należących do **Spongiococcum** sp., **Chlorococcum** sp., **Spongiochloris** sp., **Desmodesmus** sp., niezależnie od stanowiska. Pozostali liczni reprezentanci należeli do: Chlorellales, Eustigmatophyceae, Chlorophyta oraz Chlamydomonadales.

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

Photoautotrophic Microorganisms Forming the Biocrust of the Cultivated Field

So far, molecular studies of the microbiome of croplands have focused primarily on root zone microorganisms, endosymbionts, and soil hotspots, with significantly less attention paid to photosynthetic soil microorganisms (PSM), including soil algae and **Cyanobacteria**, that form biocrusts on the soil surface. The aim of this study was to analyze the taxonomic structure of PSM biocrusts occurring on cropland surfaces in two Polish locations (Wojnowo, Kuyavian-Pomeranian Voivodeship; Miedniewice, Masovian Voivodeship) in relation to site conditions, such as moisture, soil fertility, vegetation cover, and earthworm activity. Macroscopic and molecular analyses allowed us to determine the taxonomic composition and compare the species richness and diversity of FMG communities between sites. The highest number of 18S rRNA gene sequence reads was recorded for representatives belong to genera **Spongiococcum** sp., **Chlorococcum** sp., **Spongiochloris** sp., and **Desmodesmus** sp., regardless of the biotope. Other numerous representatives belonged to the Chlorellales, Eustigmatophyceae, Chlorophyta, and Chlamydomonadales.

Research funded by CGFP Sp. z o.o. under contract UZWNSINZ/2024/10/3

Wpływ inokulacji podłoża hodowlanego i nasion przez *Priestia megaterium* (*Bacillus megaterium*) B107/23 na mykobiom mikrolistków kolendry

Jacek Panek, Daria Barańska, Giorgia Pertile, Dominika Siegieda, Agata Gryta, Magdalena Frąc*

Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, Lublin

* m.frac@ipan.lublin.pl

Zbierane we wczesnej fazie wzrostu młode pędy jadalnych roślin – głównie warzyw, zbóż i ziół – określa się mianem mikrolistków (ang. microgreens). Ich rosnącą popularność napędza wyjątkowo wysoka zawartość związków bioaktywnych, intensywny smak i aromat, a także krótki cykl upraw. Niestety, mikrolistki wykazują istotną wrażliwość na niekorzystne czynniki środowiskowe. Susza w krótkim czasie powoduje utratę jędrności i szybkie więdnienie. Obiecującą metodą wspomagania uprawy jest stosowanie bakterii biostymulujących, takich jak *Bacillus megaterium*.

Celem badań było określenie wpływu inokulacji podłoża hodowlanego i roślin za pomocą *B. megaterium* na skład i funkcje mykobiomu roślin.

Do profilowania mykobiomu zastosowano amplikonowe sekwencjonowanie ITS2. Analizy bioinformatyczne zrealizowano przy użyciu PIPITS 4 i klasyfikatora SINTAX. Potencjał funkcjonalny oszacowano za pomocą narzędzia FUNGuild.

Zaobserwowano istotne zmniejszenie udziału Mucoromycota w próbkach pochodzących z roślin inokulowanych. Uzyskane wyniki wskazują, że *B. megaterium* B107/23 może być obiecującym składnikiem preparatów do upraw mikrolistków, aktywnie przeciwdziałając nadmiernemu rozwojowi potencjalnie niekorzystnych grzybów, takich jak Mucoromycota.

Badania zostały przeprowadzone w ramach projektu nr 2022/45/B/NZ9/04254 finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki.

The Effect of Inoculating the Culture Medium and Seeds with *Priestia megaterium* (*Bacillus megaterium*) B107/23 on the Mycobiome of Coriander Microgreens

Young shoots of edible plants harvested in the early stages of growth are known as microgreens. Their growing popularity is driven by their exceptionally high content of bioactive compounds, intense flavor and aroma, and short growing cycle. Unfortunately, microgreens are highly sensitive to adverse environmental factors. A promising method to support their cultivation is the use of biostimulating bacteria, such as *Bacillus megaterium*. The aim of the study was to determine the effect of growing medium and seeds inoculation with *B. megaterium* on the composition and functions of the plant microbiome in coriander microgreens crops. ITS2 amplicon sequencing was used to profile the mycobiome. Bioinformatic analyses were performed using PIPITS 4 and the SINTAX classifier. A significant reduction in the proportion of Mucoromycota was observed in the inoculated samples. *B. megaterium* B107/23 may be a promising component in preparations for microgreen cultivation, actively counteracting excessive growth of potentially unfavorable fungi, such as Mucoromycota.

Impact of Zinc Oxide Nanoparticles on Soil Bacterial Microbiome Structure Assessed by PacBio 16S Amplicon Sequencing

Magdalena Pawełkowicz¹, Agata Głuchowska¹, Michał Motrenko², Sławomir Jaworski²

¹Department of Plant Genetics, Breeding and Biotechnology, Institute of Biology,
Warsaw University of Life Sciences, Poland

²Department of Nanobiotechnology, Institute of Biology Warsaw University of Life Sciences-SGGW, Poland

Zinc oxide nanoparticles (ZnO NPs) are among the most widely used metal oxide nanomaterials due to their antimicrobial properties, photocatalytic activity, UV-blocking capacity, and broad application potential in agriculture, cosmetics, medicine, and environmental technologies. Their increasing production and use may lead to their release into terrestrial ecosystems, where they can interact with soil components and microorganisms. Because soil bacteria are highly sensitive to changes in physicochemical conditions and contaminant exposure, ZnO NPs may influence microbial diversity, community composition, and ecosystem functions. Soil bacterial communities are important indicators of changes occurring in terrestrial ecosystems. In this study, PacBio 16S amplicon sequencing was used to assess the structure of soil bacterial microbiomes exposed to zinc oxide nanoparticles (ZnO NPs). Soil samples were collected from three locations: Ostrołęka, Grójec, and Warsaw. The experimental variants included a control sample without ZnO NPs and soils exposed to three nanoparticle concentrations: 5, 50, and 500 ppm. The analysis focused on taxonomic composition, differences between sample groups, and the general relationship between soil origin and nanoparticle exposure. The results indicate that soil bacterial community structure may vary depending on both sampling location and ZnO NP concentration. These findings suggest that PacBio-based 16S amplicon sequencing can support the assessment of microbiome-level responses to ZnO nanoparticle exposure in soil environments.

This research was funded by the National Science Center project: 2023/49/B/NZ9/03099.

Reakcja mikrolistków rzodkiewki (*Raphanus sativus*) na obecność grzybów endofitycznych (*Serendipita indica*) i arbuskularnych

Giorgia Pertile¹, Daria Barańska¹, Karolina Oszust¹, Agata Gryta¹, Jacek Panek¹, Dominika Sigeda¹, Katarzyna Turnau², Sylwia Różalska³, Magdalena Frąc¹

¹Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk;

²Uniwersytet Jagielloński w Krakowie, Wydział Biologii;

³Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii
e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl; g.pertile@ipan.lublin.pl

W ostatnich latach przeprowadzono wiele badań mających na celu podkreślenie znaczenia żywieniowego mikrolistków. Jednakże ze względu na problemy z ich trwałością konieczne jest poszukiwanie rozwiązań wspierających przechowywanie tych młodych roślin oraz ocena zmian ich profilu metabolicznego pod wpływem zastosowanych strategii hodowli. Dlatego celem przeprowadzonych badań było określenie wpływu endofitycznego grzyba *Serendipita indica* oraz grzybów arbuskularnych na wzrost, zawartość składników odżywczych oraz profil metaboliczny mikrolistków rzodkiewki. Przeprowadzone badania obejmowały pomiary długości pędów, analizę zawartości składników pokarmowych oraz zmiany profilu metabolicznego mikrolistków określone z wykorzystaniem mikroplatek ECO za pomocą systemu Biolog. Uzyskane wyniki wskazują na modyfikujące działanie zastosowanej strategii inokulacji mikrolistków.

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

Response of radish microgreens (*Raphanus sativus*) to the presence of endophytic (*Serendipita indica*) and arbuscular fungi.

In recent years, numerous studies have been conducted to highlight the nutritional importance of microgreens. However, due to issues related to their shelf life, it is necessary to develop strategies supporting the storage of these young plants and to evaluate changes in their metabolic profile resulting from applied cultivation approaches. Therefore, the aim of this study was to determine the effect of the endophytic fungus *Serendipita indica* and arbuscular mycorrhizal fungi on the growth, nutrient content, and metabolic profile of radish microgreens. The conducted research included shoot length measurements, analysis of nutrient content, and assessment of changes in the metabolic profile of microgreens using ECO microplates in the Biolog system. The obtained results indicate a modifying effect of the applied inoculation strategy on the microgreens.

Wpływ metrybuzyny na aktywność metaboliczną *Hirsutella* spp.

Marta Pietrzak^{1,2}, Monika Nowak-Marczyk², Sylwia Różalska²

¹Szkoła Doktorska BioMedChem Uniwersytetu Łódzkiego i Instytutów PAN w Łodzi,

²Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii

Grzyby entomopatogenne (EPF) stanowią obiecującą alternatywę dla chemicznych środków ochrony roślin, jednak ich efektywność w strategiach integrowanej ochrony (IPM) zależy od tolerancji na stosowane pestycydy. Niniejsze badanie miało na celu ocenę wpływu herbicydu metrybuzyny na aktywność metaboliczną dwóch szczepów ze stosunkowo mało poznanego rodzaju EPF – *Hirsutella* spp.

Zawiesiny zarodników (10^4 zarodników/ml) poddano działaniu metrybuzyny w stężeniach od 0,16 do 80 mg/L. Po inkubacji w temperaturze pokojowej przez 3 lub 5 dni w zależności od szczepu, poziom aktywności metabolicznej oznaczono metodą fluorymetryczną z użyciem diocjanu fluoresceiny (FDA).

Wykazano zróżnicowaną wrażliwość badanych szczepów na działanie herbicydu. Przy najwyższym stężeniu (80 mg/L) odnotowano istotną redukcję aktywności metabolicznej, wynoszącą około 75% dla jednego szczepu oraz około 50% dla drugiego. Niższe stężenia metrybuzyny nie wpłynęły znacząco na aktywność metaboliczną badanych grzybów.

Badane szczepy *Hirsutella* spp. wykazują zróżnicowaną, lecz relatywnie wysoką tolerancję na metrybuzynę. Wyniki sugerują potencjalną możliwość wykorzystania *Hirsutella* spp. W środowiskach rolniczych poddawanych zabiegom herbicydowym.

Badania te zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki, numer grantu 2024/53/B/NZ9/01058.

Effects of Metribuzin on the Metabolic Activity of *Hirsutella* spp.

Entomopathogenic fungi (EPF) represent a promising alternative to chemical pesticides; however, their efficacy in Integrated Pest Management (IPM) strategies depends on their tolerance to applied agrochemicals. This study aimed to evaluate the impact of the herbicide metribuzin on the metabolic activity of two strains of the relatively understudied genus *Hirsutella* spp.

Spore suspensions (10^4 spores/mL) were exposed to metribuzin at concentrations ranging from 0.16 to 80 mg/L. After incubation at room temperature for 3 or 5 days, depending on the strain, metabolic activity was assessed using the fluorescein diacetate (FDA) fluorometric method.

The strains exhibited differential sensitivity to the herbicide. At the highest concentration (80 mg/L), a significant reduction in metabolic activity was observed, amounting to approximately 75% for one strain and 50% for the other. Lower concentrations of metribuzin did not significantly affect the metabolic activity of the fungi.

The tested *Hirsutella* spp. strains demonstrate varied, yet relatively high, tolerance to metribuzin. These results suggest a potential for the application of *Hirsutella* spp. in agricultural environments subjected to herbicide treatments.

This research was funded by National Science Center, Poland, Grant number 2024/53/B/NZ9/01058.

Wpływ środowiska halofilnego Kopalni Soli Bochnia na aktywność antybakteryjną i enzymatyczną bytujących w niej grzybów

Sylvia Plewa^{1,2}, Zuzanna Miodek¹, Magdalena Kowalewicz-Kulbat³,
Aleksandra Puławska⁴, Dominika Drzewiecka¹

¹Katedra Biologii Bakterii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, Łódź

²Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych, Uniwersytet Łódzki, Łódź

³Katedra Immunologii i Biologii Infekcyjnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, Łódź

⁴Wydział Geologii, Geofizyki i Ochrony Środowiska, Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie, Kraków;
Kopalnia Soli Bochnia, Bochnia

Powietrze i skały Kopalni Soli Bochnia stanowią siedliska licznych mikroorganizmów, w tym mało poznanych, poddanych analizom grzybów halofilnych i halotolerancyjnych. Badania skupiały się na określeniu wpływu zasolonego środowiska na zróżnicowaną aktywność szczepów grzybów. Obserwacje mikroskopowe i identyfikacja molekularna wykazały dominację grzybów z rodzajów **Aspergillus** oraz **Penicillium**. Wszystkie wybrane izolaty z próbek powietrza przejawiały aktywność antybakteryjną na podłożach stałych z 5% soli, zwłaszcza wobec **Escherichia coli**. Analiza właściwości enzymatycznych wykazała cechy gliko-, lipo- i proteolityczne głównie u szczepów halotolerancyjnych hodowanych na pożywkach z różnymi substratami z 5% NaCl. Udowodniono także, że warunki zasolenia wpłynęły na profil enzymów produkowanych przez grzyby. Badania ukazały potencjał do wykorzystania właściwości grzybów słonolubnych w medycynie czy degradacji polimerów.

Studenckie Granty Badawcze Uniwersytetu Łódzkiego (2024) dla Sylwii Plewy oraz Zuzanny Miodek; grant NCN 2021/41/N/ST10/02751 dla Aleksandry Puławskiej

Impact of the Halophilic Environment of the Bochnia Salt Mine on the Antibacterial and Enzymatic Activity of the Fungi Living There

The air and rocks of the Bochnia Salt Mine serve as habitats for numerous microorganisms, including little-studied halophilic and halotolerant fungi that were analyzed. The study focused on determining the impact of the saline environment on the varied activity of fungal strains. Microscopic observations and molecular identification revealed a predominance of fungi from the genera **Aspergillus** and **Penicillium**. All selected isolates from air samples exhibited antibacterial activity on solid media containing 5% salt, particularly against **Escherichia coli**. Analysis of enzymatic properties revealed glyco-, lipo-, and proteolytic features mainly in halotolerant strains cultured on media containing various substrates with 5% NaCl. It was also demonstrated that salinity conditions influenced the profile of enzymes produced by the fungi. The studies demonstrated the potential for utilizing the properties of salt-loving fungi in medicine or polymer degradation.

Student Research Grants of the University of Lodz (2024) for Sylvia Plewa and Zuzanna Miodek; grant NCN 2021/41/N/ST10/02751 for Aleksandra Puławska

Wpływ inokulacji *Priestia megaterium* na profil węglowodanów mikrolistków rzodkiewki

Katarzyna Prochoń^{1,2}, Monika Nowak-Marczyk¹, Katarzyna Turnau³, Magdalena Frąc⁴, Sylwia Różalska¹

¹Uniwersytet Łódzki, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii;

²Szkoła Doktorska BioMedChem UŁ i Instytutów PAN w Łodzi;

³Uniwersytet Jagielloński w Krakowie, Wydział Biologii;

⁴Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, Lublin

Mikrolistki rzodkiewki (*Raphanus sativus*) są cenione za wysoką zawartość prozdrowotnych metabolitów wtórnych. Bakterie PGPR (ang. **Plant Growth-Promoting Rhizobacteria**), takie jak *Priestia megaterium*, są powszechnie stosowane do stymulacji wzrostu roślin i modulacji ich szlaków metabolicznych. Celem badań była ocena wpływu inokulacji *P. megaterium* na profil węglowodanów mikrolistków rzodkiewki. Analizowano trzy warianty: kontrolę, inokulację podłoża (IP) i nasion (IN). Ekstrakty badano metodą UHPLC-HRMS/MS. Wyniki wykazały, że inokulacja silnie stymulowała akumulację węglowodanów szlaku oligosacharydów z rodziny rafinozy (RFOs). W obu wariantach inokulacji odnotowano wzrost stężenia rafinozy w pędach oraz w IN wzrost poziomu sacharozy i stachiozy, przy zachowaniu stabilnej puli cukrów podstawowych we wszystkich układach. Zwiększona biosynteza RFOs sugeruje aktywację mechanizmów adaptacyjnych i ochronnych komórek, jak np. osmoprotekcja oraz neutralizacja reaktywnych form tlenu (ROS). Uzyskane wyniki sugerują, że *P. megaterium* selektywnie modyfikuje metabolizm węglowodanów, podnosząc potencjał fizjologiczny roślin bez zaburzania ich podstawowej gospodarki cukrowej.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu OPUS-23, umowa nr 2022/45/B/NZ9/04254.

Effect of *Priestia megaterium* Inoculation on the Carbohydrate Profile of Radish Microgreens

Radish microgreens (*Raphanus sativus*) are recognized for their high content of health-promoting secondary metabolites. Plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR), such as *Priestia megaterium*, are widely used to enhance plant growth and influence metabolic processes. The aim of this study was to investigate the effect of *P. megaterium* inoculation on the carbohydrate profile of radish microgreens. Three experimental treatments were evaluated: untreated control, substrate inoculation (IP), and seed inoculation (IN). Extracts were analyzed using UHPLC-HRMS/MS. The results showed that bacterial inoculation markedly stimulated the accumulation of carbohydrates related to the raffinose family oligosaccharides (RFOs) pathway. Both inoculation treatments resulted in elevated raffinose levels in shoots, while the IN treatment additionally increased sucrose and stachyose content, without affecting the pool of primary sugars in the analyzed samples. Enhanced RFO biosynthesis may indicate activation of cellular protective and stress-adaptive mechanisms, including osmoprotection and reactive oxygen species (ROS) scavenging. Overall, the findings suggest that *P. megaterium* selectively modulates carbohydrate metabolism, improving the physiological potential of plants without disturbing their fundamental sugar balance.

This work was supported by The National Science Centre of Poland within the OPUS-23 contract number 2022/45/B/NZ9/04254.

Ocena przeciwgrzybiczych szczepów *Trichoderma* na wczesny rozwój fasoli

Zoia Pustova¹, Urszula Perlińska-Lenart², Joanna Kruszewska²

¹Uniwersytet Państwowy Podolia,

²Instytut Biochemii i Biofizyki, Polska Akademia Nauk

Przeprowadzono badania wpływu grzybów z rodzaju *Trichoderma* wykazujących działanie przeciwgrzybicze na rozwój fasoli na wczesnym etapie wzrostu. Eksperymenty wykonano w warunkach fitotronowych z wykorzystaniem różnych szczepów *Trichoderma* aplikowanych na nasiona fasoli. Nasiona szczepiono oddzielnie lub łączono szczepienie z podlewaniem zawiesiną mikroorganizmów. Doświadczenie prowadzono na sterylnej glebie ubogiej w składniki odżywcze. Warianty z inokulowanymi nasionami porównano z próbą kontrolną, do której nie dodawano mikroorganizmów. Monitorowano zdolność kiełkowania nasion oraz tempo wzrostu roślin. Po tygodniu siewki wyjmowano z podłoża, oczyszczano i zmierzono ich wysokość oraz długość korzeni. Następnie materiał roślinny suszono do uzyskania stałej suchej masy. Porównano wpływ poszczególnych szczepów *Trichoderma* na aktywność życiową nasion i rozwój siewek. Stwierdzono zróżnicowany wpływ badanych szczepów na analizowane parametry roślinne — zarówno negatywny, objawiający się supresją wzrostu, jak i pozytywny, w porównaniu z próbą kontrolną.

Badania finansowane przez Instytut Biochemii i Biofizyki PAN w ramach umowy o współpracy z Uniwersytetem Państwowym Podolia, Kamień Podolski, Ukraina

Evaluation of Antifungal *Trichoderma* Strains in Early Bean Development

Studies were conducted on the effect of fungi of the *Trichoderma* genus, which exhibit antifungal activity, on the development of beans at an early stage of growth. The experiments were carried out in a phytotron using different *Trichoderma* strains applied to bean seeds. The seeds were inoculated either separately or in combination with watering using a suspension of microorganisms. Sterile soil poor in nutrients was used as the growth substrate. Variants with inoculated seeds were compared with a control treatment to which no microorganisms were added. Seed germination and plant growth rate were monitored. One-week-old seedlings were removed from the substrate and cleaned. Plant height and root length were measured. The plants were then dried to a constant dry weight. The effects of different *Trichoderma* strains on seed viability and seedling development were compared. Differences were observed in the effects of individual *Trichoderma* strains on plant parameters, including both negative effects, such as growth suppression, and positive effects compared with the control treatment.

Research financed by the Institute of Biochemistry and Biophysics of the Polish Academy of Sciences under a cooperation agreement with the Podolia State University, Kamień Podolski, Ukraine

Porównanie składu taksonomicznego zbiorowisk bakteryjnych zasiedlających ryzosferę bobu w roślinach zdrowych oraz chorych

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

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN, Lublin, Polska

Zaburzenie homeostazy organizmu, także tej związanej z holobiontem rośliny, może przyczynić się do pogorszenia jej stanu. Przeprowadzone analizy pozwoliły na porównanie składu taksonomicznego zbiorowisk mikroorganizmów zasiedlających ryzosferę testowanych roślin. Wystąpienie stanu chorobowego w roślinie było skorelowane ze wzrostem względnej obfitości bakterii z rodzaju **Pseudomonas** z 52% u roślin zdrowych do 67% u roślin chorych, podobnie dla rodzaju **Uliginosibacterium**, którego względna obfitość uległa zwiększeniu z poziomu 3% u roślin zdrowych do 14% u roślin chorych. Ryzosfera roślin chorych charakteryzowała się również obniżeniem względnej obfitości niektórych taksonów takich jak **Paracoccus** sp., który u roślin zdrowych stanowił aż 26% względnej obfitości mikrobiomu, podczas gdy u roślin chorych jego udział drastycznie obniżył się do zaledwie 2,7%. Względna obfitość bakterii z rodzaju **Methylobacterium** obniżyła się z 10,2% u roślin zdrowych do 3,4% u chorych. Bakterie z rodzaju **Methylobacterium** są często znane jako bakterie promujące wzrost roślin (PGPB), więc redukcja ich udziału w mikrobiomie może osłabiać naturalne mechanizmy obronne bobu.

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

Comparison of the Taxonomic Composition of Bacterial Communities Inhabiting the Rhizosphere of Healthy and Diseased Fava Bean Plants

A disturbance in the homeostasis of an organism, including that associated with the plant holobiont, may contribute to the deterioration of plant health. The analyses conducted enabled a comparison of the taxonomic composition of microbial communities inhabiting the plant rhizosphere. The occurrence of disease symptoms in plants was correlated with an increase in the relative abundance of bacteria belonging to the genus **Pseudomonas**, from 52% in healthy plants to 67% in diseased plants. A similar trend was observed for the genus **Uliginosibacterium**, whose relative abundance increased from 3% to 14% in diseased plants. The rhizosphere of diseased plants was also characterized by a decrease in the abundance of certain taxa, such as **Paracoccus** sp., which accounted for up to 26% of the microbiome's relative abundance in healthy plants, whereas in diseased plants its share decreased drastically to only 2.7%. The relative abundance of **Methylobacterium** decreased from 10.2% in healthy plants to 3.4% in diseased plants. Bacteria of the genus **Methylobacterium** are often recognized as plant growth-promoting bacteria (PGPB); therefore, reduction of its abundance may weaken the natural defense mechanisms of broad bean plants.

Wykorzystanie metagenomiki do identyfikacji i usprawniania procesów fermentacji roślinnej

Anna Rymuszka¹, Magdalena Michalak–Tomczyk¹, Agnieszka Welman–Styk¹,
Kinga Kędzierska¹, Agnieszka Kuźniar²

¹Katedra Fizjologii i Toksykologii, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Lublin

²Pracownia Genomiki i Genetyki Laboratoryjnej, Wydział Medyczny,
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Lublin

Dynamiczny rozwój biotechnologii żywności wymaga poszukiwania nowoczesnych metod usprawniania procesów fermentacyjnych, szczególnie w kontekście wykorzystania różnorodnych surowców roślinnych o wysokim potencjale prozdrowotnym. Szczególne znaczenie ma możliwość wyszukiwania mikroorganizmów zdolnych do intensywnego zakwaszania środowiska, produkcji związków przeciwdrobnoustrojowych, biosyntezy egzopolisacharydów, enzymów hydrolitycznych, witamin, przeciwutleniaczy oraz innych metabolitów wpływających na jakość, trwałość i wartość prozdrowotną produktów fermentowanych.

Celem prezentacji będzie porównanie klasycznych metod izolacji i hodowli szczepów z nowoczesnymi technikami analizy genetycznej mikroorganizmów, umożliwiając ocenę ich skuteczności, możliwości identyfikacyjnych oraz potencjału aplikacyjnego. Uwzględnione zostanie także wykorzystanie tych danych do projektowania kultur starterowych, optymalizacji procesów fermentacyjnych, poprawy bezpieczeństwa mikrobiologicznego oraz rozwoju żywności funkcjonalnej.

Projekt dofinansowany ze środków budżetu państwa, przyznanych przez Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego w ramach Programu „Nauka dla Społeczeństwa II” nr projektu NdS-II/SN/0476/2023/01 kwota dofinansowania 1811910,00 PLN

Metagenomics for the Identification and Optimization of Plant-Based Fermentation Processes

The rapid development of food biotechnology calls for the search for modern methods to improve fermentation processes, particularly in the context of utilizing a variety of plant-based raw materials with high health-promoting potential. Of particular importance is the ability to identify microorganisms capable of intensively acidifying the environment, producing antimicrobial compounds, biosynthesizing exopolysaccharides, hydrolytic enzymes, vitamins, antioxidants, and other metabolites that influence the quality, shelf life, and health benefits of fermented products. The aim of the presentation will be to compare classical methods of strain isolation and cultivation with modern techniques of microbial genetic analysis, enabling an assessment of their effectiveness, identification capabilities, and application potential. The use of this data for designing starter cultures, optimizing fermentation processes, improving microbiological safety, and developing functional foods will also be addressed.

This research was funded by the Ministry of Science and Higher Education, Poland, within the program “Nauka dla Społeczeństwa II”, project number NdS-II/SN/0476/2023/01, with a total funding amount of 1,811,910 PLN

Wpływ suplementacji glukooligosachydami na strukturę i różnorodność mikrobioty jelitowej pszczół

Ewa Sajnaga¹, Agnieszka Kalwasińska², Aneta Ptaszyńska³, Monika Jach⁴,
Michał Chabros⁵, Adrian Wiater⁵

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

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

³Katedra Biologii Komórki, Uniwersytet Marii Skłodowskiej-Curie w Lublinie;

⁴Katedra Biologii Molekularnej, Katolicki Uniwersytet Lubelski JPII,

⁵Zakład Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Uniwersytet Marii Skłodowskiej-Curie w Lublinie

Mikrobiota jelitowa pszczół odgrywa kluczową rolę w utrzymaniu homeostazy organizmu gospodarza. W ostatnich latach coraz większe zainteresowanie budzi możliwość modulowania mikrobioty jelitowej pszczół za pomocą specyficznych składników pokarmowych takich jak glukooligosacharydy (GOS), co może poprawiać kondycję owadów. Celem pracy była ocena wpływu suplementacji GOS na strukturę mikrobioty jelitowej pszczół zdrowych oraz zakażonych nosemozą z wykorzystaniem analizy metataksonomicznej, opartej na sekwencjonowaniu regionu V3-V4 genu kodującego 16S rRNA. Uzyskane wyniki wykazały, że suplementacja GOS prowadziła do wyraźnych zmian w strukturze mikrobioty bakteryjnej pszczół niezakażonych, obejmujących zarówno zmiany różnorodności mikroorganizmów, jak i różnice w udziale względnym wybranych grup bakterii. Najsilniejsze zmiany obserwowano w grupie pszczoł suplementowanych GOS, natomiast w przypadku pszczół zakażonych, wpływ suplementacji na strukturę mikrobioty był znacznie mniejszy. Uzyskane wyniki wskazują na skuteczność modulowania mikrobioty pszczół za pomocą glukooligosacharydów, aczkolwiek może to być zależne od stanu zdrowia gospodarza.

Impact of Glucooligosaccharide Supplementation on the Structure and Diversity of the Honeybee Gut Microbiota

The gut microbiota of honeybees plays a crucial role in maintaining host homeostasis. In recent years, increasing attention has been paid to the possibility of modulating the honeybee gut microbiota using specific dietary components such as glucooligosaccharides (GOS), which may improve insect health and condition. The aim of this study was to evaluate the effect of GOS supplementation on the gut microbiota structure of healthy and *Nosema*-infected honeybees using a metataxonomic approach based on sequencing of the V3–V4 region of the 16S rRNA gene. The obtained results demonstrated that GOS supplementation induced pronounced alterations in the bacterial microbiota structure of non-infected bees, including both changes in microbial diversity and differences in the relative abundance of selected bacterial groups. The strongest changes were observed in the GOS-supplemented group, whereas in infected bees the effect of supplementation on the microbiota structure was considerably weaker. The results indicate that the effectiveness of honeybee microbiota modulation using glucooligosaccharides may depend on the health status of the host.

Potencjał biotechnologiczny szczepów *Phyllobacterium* sp. W zrównoważonej produkcji roślinnej

Sylvia Siebielec, Anna Gałązka

Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

W obliczu zmian klimatycznych i konieczności ograniczenia agrochemii, kluczowym rozwiązaniem dla rolnictwa stają się bakterie ryzosferowe promujące wzrost roślin (PGPR). Celem pracy jest ocena potencjału biotechnologicznego szczepów *Phyllobacterium* sp. w zrównoważonej produkcji roślinnej. Mikroorganizmy te stymulują wzrost roślin poprzez syntezę fitohormonów (głównie IAA), asocjacyjne wiązanie azotu oraz rozpuszczanie trudnodostępnych fosforanów. Ponadto *Phyllobacterium* sp. łagodzi stresy abiotyczne (susza, zasolenie) dzięki produkcji egzopolisacharydów (EPS) oraz aktywności deaminazy ACC obniżającej poziom etylenu. Poprzez syntezę sideroforów i indukowanie odporności systemicznej (ISR) wykazują także wysoki potencjał w biokontroli patogenów. Szczepy te stanowią obiecujący komponent nowoczesnych preparatów mikrobiologicznych, kluczowych dla regeneracji i poprawy zdrowia zdegradowanych gleb. Z tego względu naukowcy wciąż poszukują nowo wyizolowanych szczepów o optymalnych właściwościach biotechnologicznych, które mogłyby sprostać dynamicznym wyzwaniom współczesnego rolnictwa.

Opracowanie przygotowane zostało w ramach zadania 1.7 dotacji celowej MRiRW w 2026 r. pt. „Preparaty mikrobiologiczne”

Biotechnological Potential of *Phyllobacterium* sp. Strains in Sustainable Crop Production

In the face of climate change and the need to reduce agrochemicals, plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) are becoming a key solution for agriculture. This study evaluates the biotechnological potential of *Phyllobacterium* sp. strains in sustainable crop production. These microorganisms stimulate plant growth through phytohormone synthesis (mainly IAA), associative nitrogen fixation, and solubilization of recalcitrant phosphates. Furthermore, *Phyllobacterium* sp. mitigate abiotic stresses (drought, salinity) through exopolysaccharide (EPS) production and ACC deaminase activity, which lowers ethylene levels. Due to siderophore production and induced systemic resistance (ISR), they also show high potential in pathogen biocontrol. These strains represent a promising component of modern microbial preparations crucial for the regeneration and health improvement of degraded soils. Consequently, researchers are continually searching for newly isolated strains with optimal biotechnological properties to meet the dynamic challenges of modern agriculture.

This work was carried out as part of Task 1.7 funded by the targeted subsidy of the Ministry of Agriculture and Rural Development in 2026 entitled “Microbial Preparations”

Wyzwania i perspektywy rozwoju preparatów mikrobiologicznych – od badań laboratoryjnych do aplikacji polowej.

Sylwia Siebielec, Anna Gałązka

Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Przejsie od obiecujących wyników laboratoryjnych do efektywnej aplikacji w warunkach polowych stanowi obecnie jedno z największych wyzwań współczesnej biotechnologii rolniczej. Mimo że wyizolowane szczepy bakterii wykazują wysoki potencjał biostymulacyjny czy ochronny w kontrolowanych warunkach, ich skuteczność w realnych warunkach agroekologicznych często budzi wiele pytań. Kluczowa jest zatem analiza barier technologicznych i środowiskowych, które ograniczają skuteczny transfer innowacji mikrobiologicznych z laboratoriów na pola uprawne. Do najpoważniejszych wyzwań należy problem skalowania produkcji i zachowania żywotności komórek w bioreaktorach przemysłowych, a także niska odporność mikroorganizmów na stres abiotyczny. Dodatkowo wprowadzane szczepy allochtoniczne muszą stawić czoła silnej konkurencji biotycznej ze strony rodzimego mikrobiomu glebowego. W odpowiedzi na te ograniczenia, naukowcy pilnie poszukują nowych technologii oraz implementacji nowoczesnych rozwiązań. Nowo opracowane narzędzia pozwolą w przyszłości zapewnić skuteczną powtarzalność wyników w terenie, umożliwiając rynkowy sukces nowoczesnych technologii mikrobiologicznych.

Opracowanie przygotowane zostało w ramach zadania 1.7 dotacji celowej MRiRW w 2026 r. pt. „Preparaty mikrobiologiczne”

Challenges and Prospects for the Development of Microbial Products: From Laboratory Research to Field Application

The transition from promising laboratory results to effective application under field conditions currently represents one of the greatest challenges in modern agricultural biotechnology. Although isolated bacterial strains exhibit high biostimulative or protective potential under controlled conditions, their efficacy in real agroecological environments often raises many questions. Therefore, analyzing the technological and environmental barriers that limit the successful transfer of microbial innovations from laboratories to farmland is of key importance. The most serious challenges include the problem of scaling up production and maintaining cell viability in industrial bioreactors, as well as the low resistance of microorganisms to abiotic stress. Additionally, introduced allochthonous strains must face fierce biotic competition from the native soil microbiome. In response to these limitations, scientists are urgently seeking new technologies and the implementation of modern solutions. Newly developed tools will ensure the effective reproducibility of results in the field in the future, enabling the market success of modern microbial technologies.

This work was carried out as part of Task 1.7 funded by the targeted subsidy of the Ministry of Agriculture and Rural Development in 2026 entitled “Microbial Preparations”

Sezonowa dynamika różnorodności mikroorganizmów glebowych uprawie współrzędnej pszenicy i koniczyny

Priyal Sisodia¹, Agata Gryta¹, Jacek Panek¹, Dominika Siegieda¹, Karolina Oszust¹,
Mateusz Mącik¹, Michał Pylak¹, Beata Feledyn-Szewczyk², Shamina Imran Pathan³,
Giacomo Pietramellara³, Magdalena Frąc^{1*}

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk;

²Instytut Uprawy, Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy;

³Uniwersytet we Florencji

e-mail*: m.frac@ipan.lublin.pl

Uprawa współrzędna jest uważana za obiecującą strategię zrównoważonego rolnictwa, ale sezonowa reakcja zbiorowisk bakterii glebowych na uprawę współrzędną wciąż nie jest w pełni poznana. W niniejszym badaniu oceniono różnorodność bakterii glebowych, skład taksonomiczny i sezonową zmienność w konwencjonalnej monokulturze pszenicy (CM), zintegrowanej monokulturze pszenicy (IM) oraz zintegrowanej międzyplonie pszenicy i koniczyny (II) w czterech fazach wzrostu pszenicy. Społeczności bakterii glebowych analizowano za pomocą sekwencjonowania amplikonów genu 16S rRNA, przy czym różnorodność alfa oceniano na podstawie efektywnej liczby gatunków, a różnorodność beta za pomocą PCoA. Różnorodność alfa bakterii wykazywała tendencję do wyższej w II w wybranych fazach wzrostu, chociaż różnice między systemami uprawy nie były statystycznie istotne. Podobnie, nie zaobserwowano istotnych ogólnych różnic w składzie taksonomicznym bakterii. Wykryto jednak sezonowe zmiany w strukturze zbiorowisk bakterii, przy czym największą zmianę czasową zaobserwowano w CM, co wskazuje na większą zmienność sezonową w konwencjonalnym systemie monokultury. Wyniki te wskazują, że współrzędna uprawa pszenicy i koniczyny oraz zintegrowane zarządzanie wpływają na sezonową dynamikę bakterii glebowych i podkreślają znaczenie fazy wzrostu roślin podczas oceny reakcji mikrobiomu na systemy produkcji rolnej.

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

Seasonal Dynamics of Soil Microbial Diversity in Wheat-clover Intercropping Cultivation

Priyal Sisodia¹, Agata Gryta¹, Jacek Panek¹, Dominika Siegieda¹, Karolina Oszust¹,
Mateusz Mącik¹, Michał Pylak¹, Beata Feledyn-Szewczyk², Shamina Imran Pathan³,
Giacomo Pietramellara³, Magdalena Frąc^{1*}

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk;

²Instytut Uprawy, Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy;

³Uniwersytet we Florencji

e-mail*: m.frac@ipan.lublin.pl

Intercropping is considered a promising strategy for sustainable agriculture, but the seasonal response of soil bacterial communities to intercropping is still not fully understood. This study evaluated soil bacterial diversity, taxonomic composition, and seasonal variability in conventional wheat monoculture (CM), integrated wheat monoculture (IM), and integrated wheat-clover intercropping (II) across four wheat growth stages. Soil bacterial communities were analyzed using 16S rRNA gene amplicon sequencing, with alpha diversity assessed by the effective number of species and beta diversity evaluated using PCoA. Bacterial alpha diversity tended to be higher in II at selected growth stages, although the differences among cultivation systems were not statistically significant. Similarly, no significant overall differences were observed in bacterial taxonomic composition. However, seasonal shifts in bacterial community structure were detected, with the greatest temporal change observed in CM, indicating stronger seasonal variability under the conventional monoculture system. These results suggest that wheat-clover intercropping and integrated management influence seasonal soil bacterial dynamics and highlight the importance of crop growth stage when evaluating microbiome responses to agricultural production systems.

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

Mikroorganizmy ryzosferowe z gleb zanieczyszczonych jako potencjalne biostymulatory wspomagające wzrost roślin w środowiskach zdegradowanych

Willian Cleisson Lopes de Souza^{1,2}, Dawid Świstak², Artur Nowak³,
Enilson de Barros Silva¹, Jaco Vangronsveld², Małgorzata Wójcik²,
Jolanta Jaroszuk-Ściseł³

¹Department of Agronomy, Faculty of Agricultural Sciences, Federal University of Jequitinhonha and Mucuri Valleys, Diamantina, MG 39100-000, Brazil

²Department of Plant Physiology and Biophysics, Institute of Biological Sciences, Maria Curie-Skłodowska University, Lublin, Poland

³Department of Industrial and Environmental Microbiology, Institute of Biological Sciences, Maria Curie-Skłodowska University, Lublin, Poland

Zanieczyszczenie metalami ciężkimi (HM) negatywnie wpływa na jakość gleby oraz rozwój roślin. Celem badań było opracowanie mikrobiologicznego biostymulanta opartego na ryzosferowych szczepach bakterii wyizolowanych z gleby rolnej zanieczyszczonej metalami pochodzącej z Piekary Śląskich w Polsce. Izolaty bakteryjne wybrane na podstawie cech promowania wzrostu roślin, takich jak produkcja sideroforów i IAA, rozpuszczanie fosforanów, aktywność deaminazy ACC oraz tolerancja na metale, zakwalifikowano na podstawie sekwencjonowania metodą Sangera genu 16S rRNA do rodzajów **Pseudomonas**, **Rhizobium** oraz **Rhodococcus**. Cztery szczepy, w tym dwa **Pseudomonas**, zostały połączone w konsorcjum. Zastosowano inokulum o gęstości 1×10^8 komórek g^{-1} sm gleby. Inokulum wprowadzono na nasiona sorgo wysiane w wazonach wypełnionych tą samą zanieczyszczoną HM glebą, z której wyizolowano poszczególne szczepy składające się na konsorcjum. Oceniono parametry wzrostu (kiełkowanie nasion, długość i biomasa) i fizjologiczne roślin hodowanych w warunkach uprawy szklarniowej.

Rhizosphere Microorganisms from Contaminated Soils as Potential Biostimulants for Enhancing Plant Growth in Degraded Environments

Heavy metal (HM) contamination negatively affects soil quality and plant development. This study aimed to develop a microbial biostimulant based on rhizospheric bacterial strains isolated from a heavy metal-contaminated agricultural soil in Piekary Śląskie, Poland. Bacterial isolates selected on the basis of plant growth-promoting traits, such as siderophore and IAA production, phosphates solubilisation, ACC deaminase activity, and heavy metal tolerance, were classified into the genera **Pseudomonas**, **Rhizobium**, and **Rhodococcus** using Sanger sequencing of the 16S rRNA gene. Four strains, including two **Pseudomonas** spp., were combined into a consortium. An inoculum with a density of $1 \cdot 10^8$ cells g^{-1} dw of soil was used. The inoculum was applied to sorghum seeds sown in pots filled with the same contaminated HM soil from which the individual strains comprising the consortium had been isolated. Growth parameters (seed germination, plant height and biomass) and physiological parameters of plants grown under greenhouse conditions were assessed.

This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Finance Code 001.

Wykorzystanie lotnych związków organicznych produkowanych przez bakterie z rodzaju *Bacillus* do ochrony biologicznej przed *Fusarium avenaceum*

Natalia Stocka¹, Marcin Stocki¹, Tomasz Oszako^{1,2}, Piotr Borowik²

¹Politechnika Białostocka, Wydział Budownictwa i Nauk o Środowisku, Białystok

²Instytut Badawczy Leśnictwa, Zakład Ochrony Lasu, Sękocin Stary, Raszyn

Fusarium avenaceum odpowiada za znaczne straty w rolnictwie oraz leśnictwie. W związku z rosnącą potrzebą ograniczenia stosowania chemicznych środków ochrony roślin, coraz większe znaczenie zyskują metody oparte na naturalnych mechanizmach antagonizmu mikroorganizmów. Bakterie z rodzaju ***Bacillus*** posiadają zdolność do syntezy metabolitów wtórnych o właściwościach przeciwgrzybowych. Produkowane lotne związki organiczne (LZO), takie jak alkohole, ketony, estry i terpeny przyczyniają się do hamowania wzrostu i rozwoju ***F. avenaceum***. Działanie LZO nie wymaga bezpośredniego kontaktu bakterii z patogenem.

W efekcie zastosowanie bakterii z rodzaju ***Bacillus***, produkujących LZO, może prowadzić do ograniczenia infekcji oraz może stanowić strategię biologicznej ochrony roślin przed patogenami grzybowymi. Udział bakteryjnych LZO w walce z ***F.avenaceum*** wpisuje się w aktualne trendy zrównoważonego rozwoju i może przyczynić się do zmniejszenia zależności od chemicznych fungicydów.

Dofinansowano w ramach Pracy własnej PB nr WZ/WB-IIŚ/5/2025

Use of Volatile Organic Compounds Produced by *Bacillus* Bacteria for the Biological Control of *Fusarium avenaceum*

Fusarium avenaceum is responsible for significant losses in agriculture and forestry. Due to the growing need to reduce the use of chemical plant protection products, methods based on natural mechanisms of microbial antagonism are gaining increasing importance. *Bacillus* bacteria have the ability to synthesize secondary metabolites with antifungal properties. The volatile organic compounds (VOCs) they produce contribute to inhibiting the growth and development of ***F. avenaceum***. The action of VOCs does not require direct contact between the bacteria and the pathogen.

As a result, the use of VOC-producing *Bacillus* bacteria can reduce infection and may constitute a strategy for biological plant protection against fungal pathogens. The role of bacterial VOCs in the fight against ***F. avenaceum*** is consistent with current trends in sustainable development and can contribute to reducing dependence on chemical fungicides.

Founded by Research Project BUT No. WZ/WB-IIŚ/5/2025

Wpływ dwuletniej aplikacji przetworzonych odpadów ligno-celulozowych na aktywność i różnorodność mikroorganizmów glebowych w wybranych uprawach ogrodnich

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

Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy, Skierniewice

Jednym z działań, które mają na celu łagodzenie skutków postępującej degradacji gleb uprawnych jest ich wzbogacanie materiałami, które będą m.in. wspierać aktywność biologiczną. Kompozytowe granule skalno-celulozowe (RCG) oraz impregnowane nawozami zrębki drzewne (IWC) okazały się skuteczne jako materiały do ściółkowania w miejskich terenach zielonych. Stwierdzono, że mają one zdolność magazynowania wody i stanowią siedlisko dla organizmów glebowych, a także są źródłem materii organicznej. W niniejszych badaniach produkty te zostały zastosowane do ściółkowania w uprawach sadowniczych (jabłoń, śliwa) oraz jako dodatki doglebowe w komercyjnych uprawach warzyw (cebula, ziemniak). Jednym z ocenianych efektów ich działania był poziom aktywności enzymatycznej mikroorganizmów glebowych (dehydrogenazy, ureazy) oraz różnorodność funkcjonalna bakterii (Biolog EcoPlate™). Wyniki te uzupełniono badaniami liczebności wybranych grup mikroorganizmów.

Badania zostały przeprowadzone w ramach projektu LIFE22-ENV-PL-SoilLifeBoats (nr 101113635), współfinansowanego przez UE w programie LIFE oraz Narodowy Fundusz Ochrony Środowiska i Gospodarki Wodnej

The Effect of a Two-year Application of Processed Lignocellulosic Waste on the Activity and Diversity of Soil Microorganisms in Selected Horticultural Crops

One of the measures aimed at mitigating the effects of the ongoing degradation of arable soils is to enrich them with materials that will, amongst other things, promote biological activity. Rock-cellulose composite granules (RCG) and fertiliser-impregnated wood chips (IWC) have proven effective as mulching materials in urban greenery. It has been found that they have the ability to store water and provide a habitat for soil organisms, as well as being a source of organic matter. In this study, these products were used for mulching in fruit orchards (apple, plum) and as soil amendments in commercial vegetable crops (onion, potato). Assessed effects of their action were: the level of enzymatic activity of soil microorganisms (dehydrogenase, urease) and the functional diversity of bacteria (Biolog EcoPlate™). These results were supported by studies of the abundance of indicator groups of microorganisms.

Research was performed in the project LIFE22-ENV-PL-SoilLifeBoats (no 101113635), co-financed by the EU under the LIFE Financial Instrument and the National Fund for Environmental Protection and Water Management

Grzyby z rodzaju *Fusarium* jako czynnik biodeterioracji: implikacje środowiskowe i metody kontroli

Paulina Szczubefek, Bartłomiej Bańkowski, Natalia Stocka

Politechnika Białostocka, Wydział Budownictwa i Nauk o Środowisku,

Grzyby z rodzaju *Fusarium* mogą stanowić czynnik biodeterioracji materiałów organicznych. Mikroorganizmy kolonizują surowce lignocelulozowe, produkty rolne i pasze, prowadząc do degradacji biologicznej. Dodatkowym zagrożeniem dla ludzi oraz zwierząt jest zdolność grzybów *Fusarium* do produkcji mykotoksyn. W związku z ograniczeniami stosowania chemicznych środków ochrony, rośnie zainteresowanie biologicznymi metodami kontroli. Celem pracy było określenie możliwości redukcji liczebności grzybów z rodzaju *Fusarium* przez bakterie z rodzaju *Bacillus* w teście jakości powietrza. Badania przeprowadzono w stworzonym stanowisku badawczym do oceny stopnia skażenia powietrza grzybami z rodzaju *Fusarium*. Po okresie inkubacji oznaczono ilość mikroorganizmów w powietrzu metodą sedymentacyjną Kocha oraz obliczono procentową redukcję liczebności grzybów z rodzaju *Fusarium* przez badane gatunki bakterii z rodzaju *Bacillus*. Uzyskane wyniki wykazały zróżnicowaną aktywność antagonistyczną wobec grzybów *Fusarium*. Redukcja liczebności grzybów wynosiła od około 12% do 25% i zależała od gatunku bakterii oraz analizowanego szczepu grzyba. Przeprowadzone badania wskazują, że bakterie z rodzaju *Bacillus* mogą stanowić skuteczne narzędzie biologicznej kontroli grzybów *Fusarium* oraz ograniczania procesów biodeterioracji.

Dofinansowano w ramach Pracy własnej PB nr WZ/WB-IIŚ/5/2025

Fusarium Fungi as a Biodeterioration Agent: Environmental Implications and Control Methods

Fusarium fungi can be a factor in the biodeterioration of organic materials. Microorganisms colonize lignocellulosic materials, agricultural products and feedstuffs, leading to biological degradation. An additional threat to humans and animals is the ability of *Fusarium* fungi to produce mycotoxins. Due to limitations in the use of chemical pesticides, interest in biological control methods is growing. The aim of this study was to determine the potential for reducing the number of *Fusarium* fungi by *Bacillus* bacteria in an air quality test. The study was conducted in a test setup designed to assess the degree of air contamination with *Fusarium* fungi. After the incubation period, the number of microorganisms in the air was determined using the Koch sedimentation method, and the percentage reduction in the number of *Fusarium* fungi by the tested *Bacillus* species was calculated. The results demonstrated varying antagonistic activity against *Fusarium* fungi. The reduction in fungal populations ranged from approximately 12% to 25% and depended on the bacterial species and fungal strain analyzed. The studies indicate that *Bacillus* bacteria can be an effective tool for biological control of *Fusarium* fungi and limiting biodeterioration processes.

Founded by Research Project BUT No. WZ/WB-IIŚ/5/2025

Potencjał bioaktywnych związków pochodzących z glonów morskich w poprawie zdrowia jelit: implikacje dla ograniczenia stosowania antybiotyków w hodowli zwierząt

Jakub Szmytke, Monika Hejna

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

Nadmierne stosowanie antybiotyków w produkcji zwierzęcej przyczynia się do ciągłego wzrostu oporności drobnoustrojów (AMR), co stanowi poważne zagrożenie globalne. Jednocześnie, obecnie coraz większą uwagę zwraca się na znaczenie mikrobioty jelitowej w utrzymaniu zdrowia i odporności zwierząt hodowlanych, co wskazuje na potrzebę poszukiwania alternatywnych strategii żywieniowych ograniczających stosowanie antybiotyków. Glony brunatne są źródłem licznych związków bioaktywnych, w tym polifenoli oraz polisacharydów, takich jak fukoidan, wykazujących właściwości przeciwzapalne i przeciwbakteryjne. Dlatego celem niniejszego badania jest ocena potencjału ekstraktów z brunatnic (*Fucus vesiculosus* oraz *Fucus serratus*), jako naturalnej alternatywy dla syntetycznych antybiotyków mogących wspierać zdrowie jelit zwierząt hodowlanych. Badanie będzie obejmować charakterystykę związków bioaktywnych oraz ocenę ich właściwości biologicznych w modelach *in vitro*. Ocenę się ich działanie przeciwzapalne i przeciwbakteryjne, ze szczególnym uwzględnieniem bakterii związanych z zaburzeniami mikroflory jelitowej u prosiąt i innych zwierząt hodowlanych. Oczekiwane wyniki mogą wskazywać, że badane ekstrakty mogą wesprzeć równowagę mikroflory jelitowej oraz ograniczać wzrost bakterii patogennych, co może przyczynić się do ograniczenia stosowania antybiotyków w produkcji zwierzęcej zgodnie z podejściem One Health.

Finansowanie: SONATA20 NCN, nr 2024/55/D/NZ9/02509.

Potential of Seaweed-derived Bioactive Molecules to Improve Gut Health: Implications for Reducing Antibiotic Use in Animal Farming

The excessive use of antibiotics in animal production drives the rise in antimicrobial resistance (AMR), which poses a major global risk. Currently, growing attention is placed on the role of the gut microbiota in animal health and immunity, thereby underscoring the need to find alternative nutritional strategies that reduce antibiotic use. Brown algae are a source of bioactive compounds, including polyphenols and polysaccharides, with anti-inflammatory, and antibacterial activity. Therefore, the aim of the study is to evaluate the potential of extracts from brown seaweed species (*Fucus vesiculosus* and *Fucus serratus*) as a natural alternative to synthetic antibiotics that may support the gut health of animals. The study will include analysis of bioactive compounds and evaluation of their biological properties in an *in vitro* model. Their anti-inflammatory, and antibacterial effects will be tested, with emphasis on bacteria linked to gut microbiota imbalance in farm animals. The expected results may indicate that the tested extracts support gut microbiota balance and inhibit the growth of pathogenic bacteria, contributing to the reduction of antibiotic use in animal production in line with the One Health approach.

Funding: SONATA20 NCN, nr 2024/55/D/NZ9/02509.

Splash jako wektor transportu mikrobioty glebowej

Kajetan Ślarzyński, Michał Beczek, Adam Furtak, Anna Pytlak

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk w Lublinie

Zjawisko rozbryzgu glebowego, stanowiące pierwszy etap erozji wodnej, to kluczowy mechanizm fizycznego transportu podłoża i mikroorganizmów pod wpływem energii kinetycznej opadu. W celu określenia, czy dyspersja mikrobioty ma charakter stochastyczny czy selektywny, opracowano układ eksperymentalny oparty na kontrolowanej symulacji uderzenia kropli. Podejście to zintegrowało fizyczny opis zjawiska, w tym analizę wpływu wilgotności początkowej i uziarnienia gleby, oraz kompleksowymi badaniami mikrobiologicznymi. Z wybijanego na sterylne membrany celulozowe materiału bezpośrednio izolowano bakteryjne genomowe DNA. Analizę dynamiki składu taksonomicznego zrealizowano metodami ilościowymi i jakościowymi za pomocą dPCR dla genu 16S rRNA oraz sekwencjonowania NGS. Na podstawie przeprowadzonych doświadczeń wykazano, że rozbryzg aktywnie kształtuje strukturę społeczności mikroorganizmów. Proces ten ma istotne znaczenie dla upraw polowych oraz fizycznego wektorowania patogenów roślinnych, co jednoznacznie wskazuje na konieczność kontynuowania badań nad jego wpływem na funkcjonowanie ekosystemów glebowych.

***Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w Polsce
(<https://www.ncn.gov.pl>) w ramach projektu nr 2022/45/B/NZ9/00605.***

Splash as a Vector of Soil Microbiota Transport

Soil splash erosion, constituting the initial stage of water erosion, is a key mechanism for the physical transport of the soil matrix and microorganisms driven by the kinetic energy of rainfall. To determine whether microbiota dispersion is stochastic or selective, an experimental system based on a controlled simulation of water drop impacts was developed. This approach integrated a physical description of the phenomenon, including an analysis of the impact of initial moisture content and soil particle size distribution, with comprehensive microbiological studies. Bacterial genomic DNA was isolated directly from the material ejected onto sterile cellulose membranes. The analysis of taxonomic composition dynamics was conducted using quantitative and qualitative methods via dPCR for the 16S rRNA gene and NGS sequencing. Based on the conducted experiments, it was demonstrated that soil splash actively shapes the structure of microbial communities. This process is of crucial importance for field cultivation and the physical vectoring of plant pathogens, clearly indicating the necessity to continue research on its impact on the functioning of soil ecosystems.

***The research was financed by the National Science Centre in Poland
(<https://www.ncn.gov.pl>) under project no. 2022/45/B/NZ9/00605.***

Projektowanie i wstępna ocena konsorcjów mikroorganizmów wspomagających wzrost roślin na glebach zanieczyszczonych metalami

Dawid Świsłak^{1*}, Willian Cleisson Lopes de Souza^{1,2}, Karolina-Jaros Tsoj¹, Jaco Vangronsveld¹, Małgorzata Wójcik¹, Jolanta Jaroszuk-Ściseł³

¹Department of Plant Physiology and Biophysics, Institute of Biological Sciences, Maria Curie-Skłodowska University, Lublin, Poland

²Department of Agronomy, Faculty of Agricultural Sciences, Federal University of Jequitinhonha and Mucuri Valleys, Diamantina, MG 39100-000, Brazil

³Department of Industrial and Environmental Microbiology, Institute of Biological Sciences, Maria Curie-Skłodowska University, Poland

*corresponding author's e-mail address: dawid.swislak@mail.umcs.pl

Celem pracy było zaprojektowanie oraz wstępna ocena konsorcjów mikroorganizmów przeznaczonych do wspomagania wzrostu roślin w warunkach stresu metali ciężkich (HM) w glebie. Spośród 108 izolatów bakterii wyizolowanych z gleby zanieczyszczonej HM (Piekary Śląskie) oraz z nasion ***Crambe abyssinica*** na podstawie właściwości promujących wzrost roślin, takich jak rozpuszczanie fosforanów, produkcja sideroforów i IAA, aktywność deaminazy ACC oraz tolerancja na HM wybrano 20, które zidentyfikowano genetycznie poprzez sekwencjonowania 16S rRNA metodą Sangera do rodzajów ***Pseudomonas*, *Rhizobium*, *Rhodococcus*, *Pantoea*, *Ochrobactrum*, *Brucella*, *Kocuria***. Opracowano 3 konsorcja złożone ze szczepów (1) ryzosferowych oraz z endofitów z nasion (2) oryginalnych (3) otrzymanych w uprawie polowej, niehamujących wzajemnie swojego wzrostu. Wyniki badań szklarniowych wskazują, że zaprojektowane konsorcja bakteryjne mogą pozytywnie wpływać na wzrost roślin oraz zwiększać ich tolerancję na stres HM w warunkach polowych.

Badania finansowane ze środków programu „Horyzont Europa” Unii Europejskiej (projekt IASIS – www.iasis-soil.eu; nr umowy: 101157430).

Design and Preliminary Evaluation of Microbial Consortia for Enhancing Plant Growth in Metal-Contaminated Soils

The aim of this study was to develop and perform a preliminary evaluation of microbial consortia designed to support plant growth under heavy metal (HM) stress in soil. Of the 108 bacterial isolates obtained from soil contaminated with HM (Piekary Śląskie) and from ***Crambe abyssinica*** seeds, 20 were selected on the basis of plant growth-promoting properties, such as phosphate solubilisation, siderophore and IAA production, ACC deaminase activity and tolerance to HM. These were genetically identified by Sanger sequencing of 16S rRNA as belonging to the genera ***Pseudomonas*, *Rhizobium*, *Rhodococcus*, *Pantoea*, *Ochrobactrum*, *Brucella* and *Kocuria***. Three consortia were developed, comprising (1) rhizosphere strains and (2) endophytes from original seeds, as well as (3) those obtained from field cultivation, which do not inhibit each other's growth. The results of greenhouse studies indicate that the designed bacterial consortia may positively influence plant growth and increase their tolerance to HM stress under field conditions.

This work was supported by the European Union's Horizon Europe Programme under Grant Agreement No 101157430 (IASIS Project – www.iasis-soil.eu).

Zastosowanie activity-annotated molecular networking w odkrywaniu bioaktywnych morskich produktów naturalnych o aktywności przeciwbakteryjnej

Anna Toruńska-Sitarz, Robert Konkel, Ada Szabelewska, Hanna Mazur-Marzec

Katedra Biologii Morza i Biotechnologii, Wydział Oceanografii i Geografii, Uniwersytet Gdański, Gdynia, Polska

Produkty naturalne i ich pochodne stanowią istotne źródło leków. Ekosystemy morskie są ważnym rezerwuarem nowych metabolitów o potencjale przeciwbakteryjnym, istotnym w kontekście narastającej antybiotykooporności. Klasyczne podejście stosowane w poszukiwaniu naturalnych związków bioaktywnych, oparte na izolacji sterowanej aktywnością biologiczną, jest czasochłonne i często prowadzi do ponownej izolacji znanych związków. Coraz większe znaczenie zyskują więc strategie łączące biotesty z metabolomiką oraz narzędziami bioinformatycznymi, takimi jak molecular networking. Jednym z takich podejść jest activity-annotated molecular networking (AAMN), umożliwiające powiązanie aktywności biologicznej z profilami LC-MS/MS surowych ekstraktów i frakcji oraz priorytetyzację potencjalnie aktywnych metabolitów. Celem posteru jest przedstawienie zastosowania AAMN w poszukiwaniu związków przeciwbakteryjnych wytwarzanych przez sinice bałtyckie. Jako studium przypadku omówione zostanie zastosowanie AAMN do identyfikacji metabolitów szczepu *Aphanizomenon* sp. KUCC C1 hamujących quorum sensing u *Chromobacterium violaceum* oraz metabolitów szczepu Pseudanabaenaceae KUCC C4 aktywnych wobec *Streptococcus pyogenes*.

Application of Activity-Annotated Molecular Networking in the Discovery of Bioactive Marine Natural Products with Antibacterial Activity

Natural products and their derivatives constitute an important source of drugs. Marine ecosystems are an important reservoir of novel metabolites with antibacterial potential, particularly relevant in the context of increasing antimicrobial resistance. The classical approach used in the search for natural bioactive compounds, based on activity-guided isolation, is time-consuming and often leads to the rediscovery of known compounds. Therefore, increasing attention is being paid to strategies combining bioassays with metabolomics and bioinformatic tools such as molecular networking. One such approach is activity-annotated molecular networking (AAMN), which enables the correlation of biological activity with LC-MS/MS profiles of crude extracts and fractions, facilitating the prioritization of potentially active metabolites. The aim of this poster is to present the application of AAMN in the search for antibacterial compounds produced by Baltic cyanobacteria. As a case study, the application of AAMN for the identification of metabolites produced by *Aphanizomenon* sp. KUCC C1 inhibiting quorum sensing in *Chromobacterium violaceum*, as well as metabolites produced by Pseudanabaenaceae KUCC C4 active against *Streptococcus pyogenes*, will be discussed.

Struktura mykobiomu i profil metaboliczny grzybów endofitycznych roślin ruderalnych z terenów zanieczyszczonych ropą naftową

Katarzyna Wiejak¹, J. Ciepiel¹, K. Gawryjolek¹, Aleksandra Ukalska-Jaruga²,
Anna Marzec-Grządziel¹, Anna Gałązka¹

¹Zakład Mikrobiologii,

²Zakład Gleboznawstwa i Analiz Środowiskowych;

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

Region Europy Środkowo-Wschodniej cechuje się licznymi hałdami przemysłowymi i obszarami zdegradowanymi, często zanieczyszczonymi związkami ropopochodnymi. Eksploatacja i przetwórstwo ropy naftowej generują zanieczyszczenia gleby, wód i atmosfery na różnych etapach cyklu technologicznego. Mimo zamknięcia części kopalń, nadal obserwuje się migrację ropy do środowiska i degradację gleb. Obszary te ulegają częściowej naturalnej remediacji i są porastane przez roślinność ruderalną. Z roślin pobranych z terenu złoża ropy naftowej, „Węglówka” wyizolowano grzyby endofityczne i hodowano je do uzyskania czystych kultur. DNA izolowano zestawem komercyjnym. Izolaty wstępnie scharakteryzowano metodą BOX-PCR, a identyfikację rodzajową wykonano przez sekwencjonowanie regionu ITS metodą Sanger. Przeprowadzono także analizę różnorodności funkcjonalnej z użyciem systemu Biolog FF w celu oceny zdolności metabolicznych i selekcji szczepów do dalszych badań. Wyizolowano ponad 50 szczepów grzybów należących do 30 rodzajów, co wskazuje na wysoką różnorodność społeczności. Dominowały rodzaje: **Fusarium**, **Arthroderma**, **Penicillium**. Stwierdzono wysoką różnorodność genotypową i metaboliczną oraz wyodrębniono szczepy o szerokim wykorzystaniu źródeł węgla, wskazujące na potencjał degradacji związków ropopochodnych. Wyniki wskazują, że rośliny ruderalne z terenów zdegradowanych stanowią źródło zróżnicowanych grzybów endofitycznych o wysokim potencjale adaptacyjnym, mogących wspierać bioremediację i fitoremediację gleb zanieczyszczonych ropą naftową.

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).

Mycobiome Structure and Metabolic Profile of Endophytic Fungi from Ruderal Plants in Oil-contaminated Areas

Katarzyna Wiejak¹, J. Ciepiel¹, K. Gawryjółek¹, Aleksandra Ukalska-Jaruga²,
Anna Marzec-Grządziel¹, Anna Gałązka¹

¹Zakład Mikrobiologii,

²Zakład Gleboznawstwa i Analiz Środowiskowych;

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy

The Central and Eastern European region is characterized by numerous industrial waste dumps and degraded areas, often contaminated with petroleum compounds. The extraction and processing of crude oil generate soil, water, and air pollution at various stages of the production cycle. Despite the closure of some mines, oil migration into the environment and soil degradation continue to be observed. These areas undergo partial natural remediation and are colonized by ruderal vegetation. Endophytic fungi were isolated from plants collected from the “Węglówka” oil field and cultured to obtain pure cultures. DNA was isolated using a commercial kit. The isolates were preliminarily characterized using the BOX-PCR method, and genus-level identification was performed by Sanger sequencing of the ITS region. An analysis of functional diversity was also conducted using the Biolog FF system to assess metabolic capabilities and select strains for further study. Over 50 fungal strains belonging to 30 genera were isolated, indicating high community diversity. The dominant genera were **Fusarium**, **Arthroderma**, and **Penicillium**. High genotypic and metabolic diversity was observed, and strains with broad carbon source utilization were identified, indicating potential for the degradation of petroleum-derived compounds. The results indicate that ruderal plants from degraded areas constitute a source of diverse endophytic fungi with high adaptive potential, capable of supporting bioremediation and phytoremediation of oil-contaminated soils.

Różnorodność grzybów arktycznej plastisfery

Dorota Wiktorowicz¹, Julia Pawłowska¹, Agnieszka Dąbrowska²

¹Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych,
Instytut Biologii Ewolucyjnej,

²Uniwersytet Warszawski, Wydział Chemii, Spektroskopia Nanomateriałów

Plastisfera to nowy typ ekosystemu złożony z tworzyw sztucznych i związanych z nimi organizmów, w którym grzyby, mimo istotnej roli w kolonizacji i degradacji tworzyw sztucznych, pozostają słabo poznane. Arktyka jest jednym z najbardziej unikalnych środowisk na Ziemi. Różnorodność arktycznej mykobioty pozostaje jednak słabo poznana, co sprawia, że arktyczna plastisfera jest szczególnie intrygującym obiektem badań.

48 próbek tworzyw sztucznych zebranych z wybrzeży Longyearbyen (Svalbard, Norwegia) zostało poddane metabarkodingowi fragmentu ITS metodą Oxford Nanopore (ONT). Analizy bioinformatyczne przeprowadzono przy użyciu programów Chopper, NanoFilt i VSEARCH. Zidentyfikowano jedynie 105 OTU (próg podobieństwa 97%), co wskazuje na niską różnorodność grzybów w próbach. Jest to spójne z niewielką ilością wykrytego grzybowego DNA, co sugeruje, że tworzywa sztuczne stanowią wymagające i trudne do kolonizowania siedlisko. Stwierdzono obecność typowych arktycznych grzybów, co potwierdza, że grzyby w plastisferze są rekrutowane lokalnie i podlegają sukcesji ekologicznej.

Projekt finansowany ze środków budżetu państwa, przyznanych przez Ministra Nauki w ramach Programu „Perły nauki II”.

Fungal Diversity of the Arctic Plastisphere

Plastisphere is a novel type of ecosystem composed of plastic debris and a community of organisms attached to and growing on its surface. Fungi remain one of its most understudied components, despite their important role in plastic colonization and degradation. The Arctic is one of the most unique environments on Earth; however, the diversity of Arctic mycobiota remains poorly understood, making the Arctic plastisphere particularly intriguing.

A total of 48 plastic samples collected from the coast of Longyearbyen (Svalbard, Norway) were nanopore barcoded using ITS fragment. Bioinformatic analyses were performed using Chopper, NanoFilt, and VSEARCH. Only 105 OTUs (97% similarity threshold) were identified, indicating low fungal diversity on plastic surfaces, which was consistent with the low amount of fungal DNA detected in the samples, suggesting that plastics constitute harsh and difficult-to-colonize ecosystems. Typical Arctic fungi were recorded, demonstrating local colonization and succession processes.

The project is funded by state budget funds granted by the Minister of Science under the “Pearls of Science II” program (Poland).

Charakterystyka wybranych izolatów bakterii i grzybów ryzosferowych pszenicy na podstawie analizy sekwencji 16S rRNA i ITS oraz ich potencjału w mobilizacji mikroelementów

Małgorzata Woźniak, Monika Kozieł

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

Mikroorganizmy zasiedlające ryzosferę roślin mogą odgrywać istotną rolę w zwiększaniu dostępności składników mineralnych oraz wspieraniu wzrostu roślin. Wśród nich szczególne znaczenie mają bakterie i grzyby zdolne do mobilizacji mikroelementów, takich jak cynk i żelazo. Celem pracy była charakterystyka wybranych izolatów bakterii i grzybów wyizolowanych z ryzosfery pszenicy na podstawie analizy sekwencji genów 16S rRNA oraz ITS oraz ocena ich potencjalnych właściwości funkcjonalnych. Uzyskane wyniki wskazują, że analizowane izolaty należą do grup mikroorganizmów powszechnie występujących w ryzosferze roślin uprawnych. Pomimo ograniczonej zmienności taksonomicznej, badane szczepy wykazują potencjał związany z procesami zwiększającymi dostępność mikroelementów w glebie. Mogą one stanowić podstawę do dalszych badań nad wykorzystaniem mikroorganizmów w strategiach mikrobiologicznej biofortyfikacji 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

Characterization of Selected Rhizosphere Bacterial and Fungal Isolates from Wheat Based on 16S rRNA and ITS Sequence Analysis and Their Potential for Micronutrient Mobilization

Microorganisms inhabiting the plant rhizosphere may play an important role in increasing the availability of mineral nutrients and supporting plant growth. Among them, particular importance is attributed to bacteria and fungi capable of mobilizing micronutrients such as zinc and iron. The aim of this study was to characterize selected bacterial and fungal isolates obtained from the wheat rhizosphere based on the analysis of 16S rRNA and ITS gene sequences, as well as to assess their potential functional properties. The results indicate that the analyzed isolates belong to microbial groups commonly occurring in the rhizosphere of cultivated plants. Despite limited taxonomic variability, the studied strains exhibit potential related to processes increasing the availability of micronutrients in soil. They may serve as a basis for further research on the use of microorganisms in microbiologically assisted biofortification strategies.

The research was carried out within research task 1.17 entitled “Microbiological biofortification as a sustainable method supporting wheat cultivation in the context of hidden hunger – potential and prospects for application”, implemented under Subprogramme 1 of the statutory activities of the IUNG-PIB

Preparaty mikrobiologiczne a mikrobiom glebowy – znaczenie dla funkcjonowania agroekosystemów

Małgorzata Woźniak, Monika Kozieł

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

W ostatnich latach rośnie zainteresowanie wykorzystaniem preparatów mikrobiologicznych w rolnictwie jako elementu wspierającego funkcjonowanie gleby i ograniczającego skutki intensywnej produkcji rolniczej. Wprowadzane mikroorganizmy mogą wpływać na strukturę i aktywność mikrobiomu glebowego oraz na przebieg kluczowych procesów, takich jak obieg składników pokarmowych czy zdrowotność roślin. Celem pracy było przedstawienie aktualnego stanu wiedzy na temat wpływu preparatów mikrobiologicznych na mikrobiom gleby oraz funkcjonowanie agroekosystemów. Przegląd literatury wskazuje, że ich skuteczność jest zróżnicowana i silnie zależy od warunków środowiskowych oraz interakcji z rodzimymi mikroorganizmami. Preparaty mikrobiologiczne mogą wspierać procesy biologiczne w glebie, jednak ich działanie należy rozpatrywać w kontekście złożonych zależności zachodzących w środowisku glebowym.

Opracowanie wykonano w ramach realizacji zadania 1.7 dotacji celowej MRiRW w 2026 r. pt. „Preparaty mikrobiologiczne”

Microbial Preparations and the Soil Microbiome – Implications for Agroecosystem Functioning

In recent years, there has been growing interest in the use of microbial preparations in agriculture as a means of supporting soil functioning and mitigating the effects of intensive farming. Introduced microorganisms can influence both the structure and activity of the soil microbiome, as well as key processes such as nutrient cycling and plant health. The aim of this study was to present the current state of knowledge on the impact of microbial preparations on the soil microbiome and agroecosystem functioning. A review of the literature indicates that their effectiveness is variable and strongly depends on environmental conditions and interactions with native microbial communities. Microbial preparations may support biological processes in soil; however, their effects should be considered within the complex interactions occurring in the soil environment.

This work was carried out as part of Task 1.7 funded by the targeted subsidy of the Ministry of Agriculture and Rural Development in 2026 entitled “Microbial Preparations”

Mikrobiom gleby zanieczyszczonej chromem (VI) i obsianej *Zea mays*

Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski

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

Chrom (Cr) może występować w środowisku na różnych stopniach utlenienia, a jego związki charakteryzują się zróżnicowaną mobilnością oraz toksycznością, co warunkuje ich odmienne oddziaływanie na zdrowie gleb. W związku z powyższym, podjęto badania ukierunkowane na ocenę wpływu Cr(VI) na reakcję mikroorganizmów hodowlanych, genetyczną różnorodność bakterii i grzybów oraz odpowiedź *Zea mays*.

Spektrum zaburzeń homeostazy gleby przejawiało się w negatywnym oddziaływaniu tego metalu ciężkiego na bakterie z rodzajów *Cellulosimicrobium*, *Kaistobacter*, *Rhodanobacter*, *Rhodoplanes* i *Nocardioides* oraz grzyby z rodzajów *Chaetomium* i *Humicola*. Analiza NGS wykryła również zmiany w strukturze mikrobiomu glebowego wyrażające się zwiększonym udziałem wybranych taksonów bakterii i grzybów. Cr(VI) sprzyjał rozwojowi bakterii z rodzajów *Terracoccus*, *Paenibacillus*, *Phycococcus*, *Agrobacterium*, *Arthrobacter*, *Kribbella*, *Devosia*, *Burkholderia* i *Ramibacter* oraz grzybów *Trichoderma*, *Penicillium*, *Sarocladium*, *Tallarmyces*, *Trichocladium*, *Didmella*, *Malassezia*, *Plenodomus* i *Endophoma*. Kwasy humusowe istotnie niwelowały negatywny wpływ ksenobiotyku na różnorodność bakterii i grzybów.

Microbiome of Soil Contaminated with Chromium (VI) and Sown with *Zea mays*

Chromium (Cr) can occur in the environment in various oxidation states, and its compounds are characterized by differing mobility and toxicity, which determines their distinct impacts on soil health. Therefore, studies were conducted to assess the effect of Cr(VI) on the response of culturable microorganisms, the genetic diversity of bacteria and fungi, and the response of *Zea mays*.

The spectrum of soil homeostasis disturbances was manifested in the negative effects of this heavy metal on bacteria belonging to the genera *Cellulosimicrobium*, *Kaistobacter*, *Rhodanobacter*, *Rhodoplanes*, and *Nocardioides*, as well as fungi belonging to the genera *Chaetomium* and *Humicola*. NGS analysis also revealed changes in the structure of the soil microbiome, expressed as an increased proportion of selected bacterial and fungal taxa. Cr(VI) promoted the growth of bacteria belonging to the genera *Terracoccus*, *Paenibacillus*, *Phycococcus*, *Agrobacterium*, *Arthrobacter*, *Kribbella*, *Devosia*, *Burkholderia*, and *Ramibacter*, as well as fungi *Trichoderma*, *Penicillium*, *Sarocladium*, *Tallarmyces*, *Trichocladium*, *Didmella*, *Malassezia*, *Plenodomus*, and *Endophoma*. Humic acids significantly mitigated the negative impact of the xenobiotic on bacterial and fungal diversity.

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.

Charakterystyka genomowa *Acinetobacter baumannii* niosących gen *bla*OXA-51

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

Państwowy Instytut Weterynaryjny – Państwowy Instytut Badawczy

A. baumannii jest Gram-ujemną bakterią należącą do patogenów z grupy ESKAPE, uznaną za jedną z głównych przyczyn szpitalnych zakażeń zagrażających życiu. Drobnoustrój ten stanowi istotny problem epidemiologiczny ze względu na rosnącą oporność na antybiotyki, w tym na karbapenemy. Szczególne znaczenie kliniczne mają szczepy posiadające gen *bla*OXA-51. Gen ten koduje oksacylinazę, uważaną za słabą karbapenemazę, której siła znacznie wzrasta w obecności określonych sekwencji insercyjnych. Celem badania była analiza 3 genomów **A. baumannii**, uzyskanych od gawrona i dwóch bocianów białych, u których wstępnie stwierdzono obecność genu z grupy *bla*OXA-51. Sekwencjonowanie (WGS) wykonano na platformie Illumina MiSeq (2x300bp). Analizy przeprowadzono przy użyciu abriTAMR (Galaxy Europa) i Staramr (Galaxy ARIES). Uzyskane wyniki wykazały wysokie podobieństwo ich genomów, pomimo przynależności szczepów do różnych typów sekwencyjnych (ST309, ST927 oraz nowy ST), oraz potwierdziły obecność genu *bla*OXA-51 oraz sekwencji insercyjnej ISAbal we wszystkich badanych genomach. Powyższe wyniki dowodzą, że dzikie ptaki mogą stanowić rezerwuuar klonów **A. baumannii** opornych na karbapenemy w środowisku.

Whole-genome Characteristics of *Acinetobacter baumannii* Carrying *bla*OXA-51

A. baumannii is a Gram-negative bacterium belonging to the ESKAPE group of pathogens, recognized as one of the leading causes of life-threatening hospital-acquired infections. This microorganism poses a significant epidemiological problem due to its increasing resistance to antibiotics, including carbapenems. Strains carrying the *bla*OXA-51 gene are of particular clinical importance. This gene encodes oxacillinase, considered a weak carbapenemase, whose potency increases significantly in the presence of specific insertion sequences. The aim of this study was to analyze three **A. baumannii** genomes obtained from a rook and two white storks, in which the *bla*OXA-51 gene was initially detected. Sequencing (WGS) was performed on the Illumina MiSeq platform (2x300bp). Analyses were performed using abriTAMR (Galaxy Europa) and Staramr (Galaxy ARIES). The results indicated high similarity among the isolates, despite belonging to different sequence types (ST309, ST927, and a new ST), and confirmed the presence of the targeted gene and the ISAbal insertion sequence in all studied genomes. The results demonstrate that wild birds may constitute a reservoir of carbapenem-resistant **A. baumannii** clones in the environment.

Endofity roślin jadalnych jako potencjalny rezerwuár antybiotykooporności w środowisku rolniczym

Aleksandra Załęska, Mateusz Szadziul, Magdalena Popowska, Magdalena Zalewska

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

W przemyśle drobiarskim, mleczarskim i wieprzowym antybiotyki są powszechnie stosowane, a ich pozostałości — zarówno w formie niezmienionej, jak i metabolitów — są wydalane i wraz z obornikiem trafiają do gleby, stanowiąc istotne źródło presji. Związki te mogą sprzyjać nabywaniu antybiotykooporności przez bakteryjne endofity roślinne, co w konsekwencji stwarza potencjalne zagrożenie dla zdrowia konsumentów — bakterie mogą być transportowane poprzez łańcuch pokarmowy. Celem badań była ocena profili lekowrażliwości bakteryjnych endofitów wyizolowanych ze szpinaku, buraka i pomidora. Szczepy poddano identyfikacji (MALDI-TOF MS/MS), a następnie dobrano odpowiednie antybiotyki i oznaczono profile lekowrażliwości metodą krążkowo-dyfuzyjną. Uzyskane wyniki dostarczają istotnych informacji na temat profili lekowrażliwości endofitów oraz wskazują na ich potencjalną rolę w rozprzestrzenianiu antybiotykooporności.

Badania zostały sfinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki (NCN): UMO-2022/47/D/NZ9/00718 (SONATA 18).

Edible Plants Endophytes as a Potential Reservoir of Antibiotic Resistance in Agricultural Environments

In the poultry, dairy, and swine industries, antibiotics are widely used, and their residues—both in unchanged forms and as metabolites—are excreted and enter the soil with manure, constituting a significant source of selective pressure. These compounds may promote the acquisition of antibiotic resistance in plant-associated bacterial endophytes, thereby posing a potential risk to consumer health, as bacteria can be transmitted through the food chain. The aim of this study was to assess the antimicrobial susceptibility profiles of bacterial endophytes isolated from spinach, beetroot, and tomato. The isolates were identified using MALDI-TOF MS/MS, followed by the selection of appropriate antibiotics and determination of susceptibility profiles using the disk diffusion method. The obtained results provide important insights into the structure of antimicrobial susceptibility among endophytic bacteria and indicate their potential role in the dissemination of antibiotic resistance.

The research was supported by the National Science Centre (NCN), Poland, grant number UMO-2022/47/D/NZ9/00718 (SONATA 18).

Metagenomika wirusów zbóż w Polsce: od znanych do nowo wykrytych gatunków

Aleksandra Zarzyńska-Nowak, Katarzyna Trzmiel, Emily Pusch,
Beata Hasiów-Jaroszewska

Instytut Ochrony Roślin-Państwowy Instytut Badawczy

Zboża stanowią najważniejszą grupę roślin uprawnych na świecie, a na wielkość i jakość ich plonu wpływają choroby roślin. Skuteczna ochrona zbóż, oparta na bieżącej ocenie stanu fitosanitarnego, stanowi jeden z elementów zapewnienia bezpieczeństwa żywnościowego. W związku z tym w sezonie 2024/2025 przeprowadzono monitoring 2 odmian pszenicy i jęczmienia ozimego w 6 zróżnicowanych klimatycznie regionach w Polsce. Zebrane próbki poddano sekwencjonowaniu wysokoprzepustowemu a dane analizowano z wykorzystaniem CLC Genomics Workbench (Qiagen).

Wyniki wykazały obecność znanych oraz nowych, do tej pory nieopisanych w Polsce wirusów porażających zboża. Najczęściej występującymi patogenami były dwa gatunki wirusów żółtej karłowatości jęczmienia (PAS i PAV) oraz wirus G jęczmienia. Potwierdzono również obecność wirusów mozaiki stokłosy, karłowatości pszenicy oraz pasiastej mozaiki pszenicy. Nowością tych badań było wykrycie w próbkach jęczmienia wirusa żółtej karłowatości pszenicy GPV, symbiotycznego gatunku *hordeum vulgare alphaendornavirus*, a także wielu gatunków mykowirusów. Uzyskane wyniki stanowią cenną wiedzę potrzebną do zarządzania uprawą w kolejnym sezonie wegetacyjnym.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu 2024/53/B/NZ9/02897

Metagenomic of Polish Cereal Viruses: from Known to New Species

Cereals are the most important crop worldwide, and plant diseases are a major factor reducing both yield quantity and quality. Effective disease management in cereal production is therefore crucial for addressing global food insecurity. To achieve this, an accurate assessment of the current phytosanitary situation is essential. Therefore, in the 2024/2025 season, surveys of two winter wheat and barley varieties from 6 climatically diverse regions in Poland were carried out. The collected samples were subjected to high-throughput sequencing and analyzed using CLC Genomics Workbench (Qiagen).

The analyses revealed the presence of both well-known and previously unreported virus species infecting cereals in Poland. The most frequently detected pathogens were two species of barley yellow dwarf virus (BYDV-PAV and -PAS) and barley virus G (BVG). The presence of brome mosaic virus (BMV), wheat dwarf virus (WDV), and wheat streak mosaic virus (WSMV) was also confirmed. A novel aspect of these studies was the detection, in barley samples, the wheat yellow dwarf virus GPV (WYDV-GPV), the symbiotic *hordeum vulgare alphaendornavirus* and numerous species of mycoviruses. The obtained results provide essential knowledge for managing cereal cultivation in the upcoming growing season.

The research was funded by the National Science Centre under project no.2024/53/B/NZ9/02897

Zintegrowana analiza bioinformatyczna genomu *Rhizobium leguminosarum*: identyfikacja hipotetycznych acetylotransferaz typu GNAT związanych z odpowiedzią na stres

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

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

Potranslacyjna acetylacja białek jest istotnym mechanizmem regulacyjnym w adaptacji bakterii do zmiennych warunków środowiskowych. Szczególną rolę w tym procesie mogą odgrywać acetylotransferazy z rodziny GNAT (ang. **Gcn5-related N-acetyltransferases**), jednak ich znaczenie w odpowiedzi rizobiów na stres pozostaje słabo poznane. Celem pracy była identyfikacja hipotetycznych acetylotransferaz GNAT w genomie *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* TA1 (RtTA1) oraz wstępna charakterystyka ich potencjału w odpowiedzi na stres. Zintegrowana analiza bioinformatyczna obejmująca adnotację funkcjonalną, analizę kontekstu genetycznego oraz modelowanie struktur białkowych wykazała obecność 77 genów kodujących acetylotransferazy GNAT w genomie RtTA1, z których większość była zlokalizowana w chromosomie. Wytypowane białka wykazywały zróżnicowaną organizację domenową, w tym obecność wielu domen GNAT i domen regulatorowych. Dla części genów przewidziano organizację operonową, a 26 z nich wykazywało zróżnicowaną ekspresję w warunkach stresowych, co sugeruje ich potencjalne znaczenie adaptacyjne. Uzyskane wyniki wskazują, że acetylotransferazy typu GNAT mogą stanowić ważny element wielopoziomowej odpowiedzi RtTA1 na stres środowiskowy.

Integrated Bioinformatic Analysis of the *Rhizobium leguminosarum* Genome: Identification of Putative GNAT-type Acetyltransferases Associated with the Stress Response

Post-translational protein acetylation is an important regulatory mechanism involved in bacterial adaptation to changing environmental conditions. GNAT family acetyltransferases (Gcn5-related N-acetyltransferases) may play an important role in this process, but their significance in rhizobia remains poorly understood. The aim of this study was to identify putative GNATs in the genome of *Rhizobium leguminosarum* bv. *trifolii* TA1 (RtTA1) and to assess their potential role in the stress response. An integrated bioinformatic analysis, including functional annotation, genetic context analysis, and protein structure modelling, revealed 77 genes encoding GNAT acetyltransferases in the RtTA1 genome, most of them located on the chromosome. The identified proteins displayed diverse domain architectures, including the presence of multiple GNAT domains and regulatory domains. For some of these genes, operon organization was predicted, and 26 genes showed differential expression under stress conditions, suggesting their potential adaptive significance. These findings indicate that GNAT-type acetyltransferases may represent an important component of the multilayered stress response of RtTA1 to environmental stress.

Analiza filogenetyczna szczepów *Rhizobium leguminosarum* wyizolowanych z brodawek korzeniowych bobiku (*Vicia faba*) techniką BOX-PCR

Karol Żywot¹, Paulina Adamczyk¹, Julia Wójtowicz¹, Justyna Dziedzic¹,
Małgorzata Jędryczka², Monika Janczarek¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Instytut Nauk Biologicznych,
Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie;

²Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin,
Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Rhizobium leguminosarum to gatunek bakterii Gram-ujemnych występujących w glebie, który ma zdolność wiązania azotu atmosferycznego, dzięki obecności enzymu nitrogenazy. Bakterie te nawiązują symbiozę z roślinami motylkowatymi, takimi jak bobik (***Vicia faba*** var. minor), indukując na ich korzeniach tworzenie specyficznych struktur, zwanych brodawkami, wewnątrz których zachodzi asymilacja azotu atmosferycznego do form przyswajalnych dla roślin. Jest to cecha wykorzystywana w rolnictwie, gdyż rośliny motylkowate wpływają korzystnie na żyzność gleby oraz pozwalają na zmniejszenie ilości stosowanych sztucznych nawozów azotowych. Celem tej pracy było określenie polimorfizmu genetycznego 55 szczepów bakterii wyizolowanych z brodawek korzeniowych roślin bobika pochodzących z terenów Litwy. Przeprowadzono analizę BOX-PCR, wykorzystującą amplifikację powtarzalnych sekwencji typu BOX w genomie tych bakterii. Uzyskane produkty PCR poddano rozdziałowi elektroforetycznemu, a następnie wykonano analizę profili w celu skonstruowania dendrogramu podobieństwa genetycznego populacji szczepów. Wyniki tych badań wykazały duże zróżnicowanie genetyczne badanych izolatów. Liczba produktów PCR uzyskanych w profilach BOX-PCR wynosiła od 1 (szczepy 94, 95, 117, 141, 144 i 145) do 7 (102, 140 i 143). Niektóre szczepy miały identyczny wzór prążkowy (96 i 97; 98, 99 i 101; 112-114 i 116; 129 i 130; 131-134; 136 i 137 oraz 140 i 143). Pozostała część szczepów charakteryzowała się unikalnymi profilami genetycznymi. Dane te potwierdzają, że szczepy ***Rhizobium leguminosarum*** wyizolowane z brodawek korzeniowych bobiku stanowią bardzo zróżnicowaną genetycznie populację. Ponadto, wykonane analizy wykazały, że BOX-PCR jest efektywną metodą oceny podobieństwa genetycznego populacji tej grupy bakterii.

Phylogenetic Analysis of *Rhizobium leguminosarum* Strains Isolated from Root Nodules of Faba Bean (*Vicia faba*) Using the BOX-PCR Technique

Karol Żywot¹, Paulina Adamczyk¹, Julia Wójtowicz¹, Justyna Dziedzic¹,
Małgorzata Jędryczka², Monika Janczarek¹

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Instytut Nauk Biologicznych,
Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie;

²Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin,
Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Rhizobium leguminosarum is a species of Gram-negative bacteria found in soil that can fix atmospheric nitrogen with the use of an enzyme nitrogenase. These bacteria establish a symbiosis with legumes such as faba bean (***Vicia faba*** var. *minor*), inducing formation of special structures, called nodules on their roots nodules, within which atmospheric nitrogen is assimilated into a form available to plants. This trait is used in agriculture because these plants positively impact soil fertility and allow the use of lower amounts of artificial nitrogen fertilization. In this study, 55 strains isolated from the root nodules of faba bean plants grown in Lithuania were analyzed. We performed BOX-PCR analysis using amplification of repetitive BOX sequences in genomes of these isolates. The PCR products were electrophoretically separated and then the analysis of obtained profiles were done in order to construct a phylogenetic tree of strains population. Our results indicated a high genetic diversity of the examined isolates. The number of PCR products in the BOX-PCR profiles was from 1 (strains 94, 95, 117, 141, 144 and 145) to 7 (102, 140 and 143). Several strains exhibited identical bond profiles (96 and 97; 98, 99 and 101; 112-114 and 116; 129 and 130; 131-134; 136 and 137; 140 and 143). The remaining strains had unique genetic profiles. These data confirm that ***R. leguminosarum*** strains isolated from the root nodules of faba bean grown in Lithuania constitutes a highly genetically diverse population. Moreover, performed analyses indicated that BOX-PCR is an effective method for assessing a genetic similarity of the population of this bacterial group.

SPONSORZY



A&A Biotechnology jest polską firmą biotechnologiczną, która opracowuje i wytwarza innowacyjne produkty



dla branży life science.

Została założona w 1993 roku przez obecnego dyrektora naczelnego dr Adama Burkiewicza. Firma posiada własne laboratoria badawcze i zakłady produkcyjne.

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

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

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



ALAB Sp. z o.o. od blisko 40 lat dostarcza kompleksowe rozwiązania dla laboratoriów naukowych, diagnostycznych i przemysłowych. Firma specjalizuje się w wyposażaniu laboratoriów life science, mikrobiologicznych, biologii molekularnej oraz biotechnologicznych w nowoczesną aparaturę, odczynniki, materiały eksploatacyjne i specjalistyczne usługi laboratoryjne.

Dzięki współpracy z renomowanymi światowymi producentami ALAB oferuje rozwiązania wspierające całe procesy badawcze – od przygotowania próbek, przez hodowle i analizy mikrobiologiczne, po zaawansowane techniki biologii molekularnej. Zespół ekspertów zapewnia doradztwo techniczne oraz wsparcie we wdrażaniu nowych technologii laboratoryjnych.

Posiadamy także własny dział usług naukowych dając dostęp do nowoczesnych narzędzi i technik badawczych. Doświadczony zespół pomaga w planowaniu i realizacji badań a także w tworzeniu opisów merytorycznych do projektów, analizie danych oraz w procesie publikacyjnym.

Zapewniamy szereg nowoczesnych usług, w tym różne rodzaje sekwencjonowania, genotypowania, wysokoprzepustowego qPCR czy histopatologii. Ponadto wspomagamy w zakresie dokumentacji projekty i zespoły działające w środowisku GLP i badań klinicznych.

ALAB aktywnie wspiera rozwój polskiej nauki i diagnostyki, dostarczając innowacyjne rozwiązania zwiększające jakość, bezpieczeństwo i efektywność pracy laboratoriów. Wieloletnie doświadczenie oraz szerokie portfolio produktów sprawiają, że firma jest cenionym partnerem jednostek naukowych, laboratoriów diagnostycznych, uczelni i instytutów badawczych w całej Polsce.

Dokładamy wszelkich starań, aby zapewnić optymalne warunki i narzędzia do pracy naukowej, wspomagając powtarzalność i jakość wyników.

Zapraszamy do współpracy.

EURx Sp. z o.o. jest prywatną firmą biotechnologiczną o profilu produkcyjno-badawczym, z



siedzibą w Gdańsku. Od 28 lat uczestniczymy w rozwoju polskiego sektora biotechnologicznego. Dostarczamy wysokiej jakości odczynniki dla społeczności naukowej. Nasza grupa badawczo-rozwojowa wywodzi się z kręgów akademickich, większość ma za sobą długoletnie doświadczenie w branży biotechnologicznej. EURx rygorystycznie przestrzega kontroli jakości i standardów produkcji aby zapewnić wysoką jakość i powtarzalność produktów. Równocześnie stale udoskonalamy i rozwijamy naszą ofertę, wychodząc naprzeciw oczekiwaniom naszych klientów. Mamy bogate doświadczenie w fermentacji, klonowaniu i inżynierii białkowej, oczyszczaniu białek i DNA, a także w amplifikacji DNA.

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

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

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

**Płodowa Surowica Bydłęca
z Brazylii i Kolumbii**

Zestawy do PCR i Real-Time PCR

Endonukleazy restrykcyjne

Termostabilne Polimerazy DNA

Zestawy do oczyszczania DNA/RNA

EURx MOLECULAR BIOLOGY PRODUCTS

28
YEARS OF
EMPOWERING
YOUR
RESEARCH

MOC NAUKI DLA WIĘKSZYCH PLONÓW



Od 1988 roku konsekwentnie inwestujemy w rozwój technologii uprawy roślin, łącząc naukę, praktykę i innowacje. Naszym celem jest dostarczanie rolnikom i ogrodnikom skutecznych, bezpiecznych i zaawansowanych produktów, które wspierają zdrowie roślin, efektywność produkcji i żyzność gleby.



Obecność
w ponad 48 krajach



Długoletnie doświadczenie
w branży rolniczej



100%
polska firma

Dziś **INTERMAG** to zespół 180 pracowników, w tym blisko 20 specjalistów działu badawczo-rozwojowego, którzy każdego dnia pracują nad nowymi rozwiązaniami z wykorzystaniem najnowocześniejszej aparatury laboratoryjnej i produkcyjnej. Efektem tej pracy jest kilkadziesiąt patentów krajowych i międzynarodowych, potwierdzających unikalność i innowacyjność naszych technologii.

Naszą siłą jest połączenie wiedzy naukowej i praktyki rolniczej – dzięki temu **INTERMAG** wspiera polskich producentów w zwiększeniu konkurencyjności i rozwoju gospodarstw opartych na nowoczesnych technologiach.

Jesteśmy producentem:



**Biostymulatorów
i aktywatorów**



**Produktów
mikrobiologicznych**



**Innowacyjnych
nawozów**





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 ampikonów,
- 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.



Zaawansowane analizy genomiczne i bioinformatyczne w badaniach metagenomowych

genXone S.A. to polska spółka biotechnologiczna z siedzibą w Złotnikach pod Poznaniem, prowadząca działalność w obszarze wielkoskalowych analiz genomicznych. Spółka funkcjonuje jako certyfikowany partner Oxford Nanopore Technologies, specjalizując się we wdrożeniach i rozwoju technologii sekwencjonowania nowej generacji (NGS). Łącząc nowoczesne zaplecze laboratoryjne z dedykowanym zespołem bioinformatycznym, firma stanowi interdyscyplinarne wsparcie dla jednostek naukowo-badawczych, uczelni wyższych oraz konsorcjów realizujących zaawansowane projekty z zakresu biologii molekularnej, mikrobiologii i ekologii.

Współpraca z genXone S.A. obejmuje pełne wsparcie doradcze na etapie planowania eksperymentu, dobór odpowiedniej głębokości sekwencjonowania, opracowanie strategii izolacji trudnego materiału biologicznego, aż po dostarczenie surowych danych w formatach FASTQ/FASTA wraz z pełnym raportem bioinformatycznym.

W obszarze badań nad mikrobiomem oraz złożonymi konsorcjami mikroorganizmów, genXone realizuje projekty naukowe skupione wokół dwóch standardów metodologicznych sekwencjonowania:

- Metagenomika celowana (16S/ITS): Analiza struktury populacyjnej mikroorganizmów oparta na sekwencjonowaniu konserwatywnych genów markerowych. Standardowa oferta obejmuje profilowanie bakteryjne na podstawie genu 16S rRNA oraz profilowanie mykobioty z wykorzystaniem regionów ITS.
- Metagenomika shotgun (całogenomowa): całościowe sekwencjonowanie puli kwasów nukleinowych wyizolowanych bezpośrednio z próbek środowiskowych lub klinicznych. Podejście to umożliwia jednoczesną identyfikację taksonomiczną na poziomie gatunkowym lub szczepowym oraz funkcjonalną analizę profilu metabolicznego badanego ekosystemu.

Integralną częścią projektów jest analiza bioinformatyczna, w której przetwarzanie danych genomicznych odbywa się w czasie rzeczywistym dzięki algorytmom uczenia maszynowego na etapie basecallingu. Proces ten obejmuje profilowanie taksonomiczne, składanie genomów de novo, anotację szlaków metabolicznych, identyfikację markerów oporności na antybiotyki (AMR) i genów wirulencji oraz analizę różnorodności alfa i beta. Rozwiązania te znajdują zastosowanie w medycynie translacyjnej, weterynarii, rolnictwie i biotechnologii, ułatwiając precyzyjne mapowanie informacji genetycznej na potrzeby monitorowania ekosystemów mikrobiologicznych.

Wszystkich zainteresowanych podjęciem współpracy lub omówieniem szczegółów planowanych projektów badawczych serdecznie zapraszamy do kontaktu mailowego pod adresem office@genxone.eu lub telefonicznego pod numerem +48 666 339 769.

Microsynth

THE SWISS DNA COMPANY

The Company Microsynth is a trusted partner for nucleic acid synthesis and analysis, serving customers in research, diagnostics, and the biopharmaceutical industry worldwide, with a strong focus on Europe. For more than 35 years, we have followed one simple principle: delivering high quality results fast, with personal support and an excellent price-performance ratio. With sites in Switzerland, Germany, France, and Austria, and more than 130 employees, Microsynth provides local access, consistent standards, and dependable execution across Europe.

Oligo Synthesis Microsynth offers a comprehensive oligo portfolio covering four specialized areas tailored to distinct applications:

Research Oligos: Oligos for PCR, sequencing, cloning, and routine molecular biology applications.

Diagnostic Oligos: Primers and an extensive probe portfolio for molecular diagnostic assays and kit development.

Therapeutic Oligos: ASOs, siRNAs, aptamers, and CpG oligos, supporting projects from early screening to preclinical development.

Custom Oligos: Tailored oligos and specialized building blocks beyond standard offerings.

Across all four areas, our success is driven by optimized synthesis platforms, advanced purification, and expert scientists. Automated production, rigorous quality control, and advanced analytics ensure exceptional quality, consistency, and reliability of our oligo products.

DNA/RNA Analysis Microsynth is a leading European provider of DNA sequencing services. Our strategically located Express laboratories ensure efficient sample logistics and rapid turnaround times, including overnight results for key services: Economy Run: Best-in-class Sanger sequencing in tubes or plates for routine samples as well as challenging PCR products and plasmids.

E. coli NightSeq®: An innovative Sanger sequencing service enabling direct sequencing of plasmids from E. coli and other host strains – saving up to one full working day. **Full PlasmidSeq:** A long-read Oxford Nanopore (ONT) sequencing service for plasmids, PCR products, BACs, and other constructs up to 300 kb.

Beyond Express sequencing, Microsynth offers a broad portfolio of additional DNA/RNA sequencing solutions. Standardized and custom workflows based on Oxford Nanopore and Illumina technologies support applications ranging from targeted sequencing to complex genomic projects. While our NGS CORE services provide predefined, off-the-shelf solutions with fast turnaround times and an excellent price-performance ratio, NGS CUSTOM services deliver fully tailored solutions to meet specific project requirements. Additional services include DNA/RNA isolation, PCR and qPCR, digital PCR, fragment length analysis, cell line authentication, and mycoplasma testing.

Contract Research Microsynth provides contract research services focused on nucleic acid-based analytical methods in regulated environments. We support assay development, qualification, validation, and sample testing for advanced therapies, including gene, cell, and RNA products. Combining scientific expertise with GMP-compliant execution, we help customers reach key development milestones efficiently through integrated analytical platforms and clear communication.

Quality and Compliance Quality is an integral part of all Microsynth processes. The company operates certified quality management systems and supports projects under ISO and GMP requirements. Our laboratories are accredited according to ISO/IEC 17025, ISO 13485, and ISO 9001, and genetic analysis platforms are certified by Swissmedic for GMP compliant quality control of medicinal products.



Novogene jest światowym liderem w dziedzinie usług sekwencjonowania multiomicznego, oferującym kompleksowe rozwiązania w zakresie genomiki, transkryptomiki, epigenomiki, proteomiki, metabolomiki i bioinformatyki. Ich kompleksowe portfolio usług umożliwia skoordynowane przepływy pracy w zakresie multiomiki za pośrednictwem jednego dostawcy.

Dzięki jednemu z największych na świecie potencjału sekwencjonowania i laboratoriom na wielu kontynentach, Novogene wspiera naukowców na całym świecie, zapewniając im wysokiej jakości dane, wiedzę naukową i silne zaangażowanie w świadczenie usług. Firma zatrudnia ponad 2000 pracowników i może pochwalić się ponad 70 patentami oraz ponad 30 000 publikacji w prestiżowych czasopismach, takich jak „Nature” i „Science”.

Novogene wykorzystuje najnowsze technologie firm Illumina, PacBio, Oxford Nanopore, 10X Genomics i Olink®, aby rozwijać odkrycia naukowe, co czyni ją zaufanym partnerem w badaniach akademickich, klinicznych i farmaceutycznych na całym świecie.

Novogene is a global leader in multiomics sequencing services, offering comprehensive solutions across genomics, transcriptomics, epigenomics, proteomics, metabolomics, and bioinformatics. Their comprehensive service portfolio makes coordinated multiomics workflows through a single provider.

With one of the world's largest sequencing capacities and laboratories across multiple continents, Novogene supports researchers globally with high-quality data, scientific expertise, and a strong commitment to service. The company employs 2,000+ staff and is backed by 70+ patents and more than 30,000 publications in top-tier journals including Nature and Science.

Novogene leverages the latest technologies from Illumina, PacBio, Oxford Nanopore, 10X Genomics, and Olink® to advance scientific discovery, making it a trusted partner for academic, clinical, and pharmaceutical research worldwide.

Twój partner w sekwencjonowaniu metagenomicznym

Zapraszamy do stoiska
SEQme po odbiór **10% rabatu!**

14+

lat doświadczenia

4000+

próbek w zeszłym roku

od 120 PLN netto

za próbkę

SEQme jest zaufanym dostawcą NGS z ponad 14-letnim doświadczeniem w metagenomice oraz analizie mikrobiomu. Oferujemy kompleksowe usługi dostosowane do potrzeb klienta na terenie całej Europy. Nasz zespół ekspertów gwarantuje wysokiej jakości wyniki oraz indywidualne wsparcie na każdym etapie.



Wybór organizmów

Skorzystaj z naszych starterów: 16S, 18S, ITS, COI, rbcL, lub własnych!



Elastyczność sekwencjonowania

Niezależnie, czy potrzebujesz ekonomicznego sekwencjonowania amplikonów, czy dogłębnej metagenomiki typu shotgun, mamy coś dla Ciebie!



Illumina i Nanopore

Illumina zapewnia krótkie odczyty, a Nanopore (PromethION) oferuje sekwencjonowanie długich fragmentów. Pomagamy dobrać lub połączyć te technologie aby uzyskać najlepsze rezultaty.



Kompleksowość

Od ekstrakcji DNA po analizę bioinformatyczną – oferujemy kompleksowe rozwiązania.

Nie ograniczamy się jedynie do sekwencjonowania DNA – zgłębiamy historie mikroorganizmów, które przyczyniają się do nowych odkryć oraz rozwoju innowacji.



Skontaktuj się z nami

+48 698 250 402

