



**POLITECHNIKA
BYDGOSKA**

Wydział Rolnictwa i Biotechnologii

hr
HR EXCELLENCE IN RESEARCH

56. Ogólnopolska Konferencja Mikrobiologiczna

*„Mikrobiologiczne wyzwania – rozwiązania dla
środowiska i zdrowia”*



ABSTRAKTY

Bydgoszcz - Fojutowo,
11-13 września 2024 roku

Politechnika Bydgoska im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii
Katedra Mikrobiologii i Technologii Żywności
ul. Bernardyńska 6, 85-029 Bydgoszcz
tel. 52 3749535

Komitet Organizacyjny

Przewodnicząca:

dr hab. inż. Barbara Breza-Boruta, prof. PBŚ Barbara.Breza-Boruta@pbs.edu.pl

Wiceprzewodnicząca:

dr hab. Anna Ligocka, prof. PBŚ Anna.Ligocka@pbs.edu.pl

Członkowie:

dr hab. inż. Justyna Bauza-Kaszewska, prof. PBŚ Justyna.Bauza-Kaszewska@pbs.edu.pl

mgr inż. Agata Maciuszek (sekretariat) Agata.Maciuszek@pbs.edu.pl

mgr inż. Piotr Kanarek Piokan004@pbs.edu.pl

Materiały konferencyjne zawierają streszczenia wystąpień i posterów.
Materiały zostały zamieszone w wersji przesłanej przez Autorów i Organizatorów
nie ponoszą odpowiedzialności za ich treść.

Korekta i opracowanie techniczne

mgr Aleksandra Górka, mgr inż. Daniel Morzyński, lic. Olga Wierzbicka

© Copyright

Wydawnictwa Uczelniane Politechniki Bydgoskiej
Bydgoszcz 2024

Utwór w całości ani we fragmentach nie może być powielany
ani rozpowszechniany za pomocą urządzeń elektronicznych,
mechanicznych, kopiujących, nagrywających i innych
bez pisemnej zgody posiadacza praw autorskich.

ISBN 978-83-68285-00-0

Wydawnictwa Uczelniane Politechniki Bydgoskiej
ul. Sucha 9B, 85-796 Bydgoszcz, tel. 52 3749482, 52 3749426
e-mail: wydawucz@pbs.edu.pl
<https://wydawnictwa.pbs.edu.pl>

Patronat honorowy



WOJEWODA
KUJAWSKO-POMORSKI
MICHAŁ SZTYBEL



Powiat Tucholski

Patronat



**POLITECHNIKA
BYDGOSKA**

im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich



**Polskie Towarzystwo
Gleboznawcze**

MIASTA BYDGOSZCZY
Rafała Bruskiego

Złoty sponsor



Sponsor



Partner



Patronat medialny



A circular inset image showing a dense population of diverse bacteria. The organisms vary in shape, including long rods, shorter rods, and spherical forms. Some are orange, others are light blue or grey. Many have fine, hair-like flagella extending from their surfaces. The background is a soft, light blue gradient.

REFERATY I DONIESIENIA

SPIS TREŚCI

Sylwia Andrzejczak-Grządko Niespecyficzne zanieczyszczenia mikrobiologiczne w produkcji piwa niepasteryzowanego	9
Marek Bartoszewicz, Urszula Czyżewska, Monika Zambrzycka Wrażliwość <i>Bacillus cereus sensu lato</i> izolowanych z żywności na wybrane antybiotyki oraz fenylomaślan sodu	10
Aleksandra Burkowska-But, Weronika Szuba Mikrobiologiczne zanieczyszczenia solanek tęźniowych	11
Sandra Chmielewska, Urszula Czyżewska, Adam Tylicki Modelowanie rozwoju oporności na polieny u <i>Candida albicans</i>	12
Magdalena Czerniecka, Adam Więcko, Adam Tylicki Mechanizm synergistycznego działania oksytiaminy i ketokonazolu względem oportunistycznych drożdżaków <i>Malassezia pachydermatis</i>	13
Urszula Czyżewska, Sandra Chmielewska, Marek Bartoszewicz, Adam Tylicki Modelowanie nabywania oporności na polieny u <i>Malassezia pachydermatis</i>	14
Anna Gałązka, Agata Janczarek, Jarosław Ciepiał, Karolina Gawryjolek, Aleksandra Ukalska-Jaruga, Anna Marzec-Grządziel Bioróżnorodność gleb silnie zdegradowanych i długotrwale zanieczyszczonych ropą naftową	15
Katarzyna Grudlewska-Buda, Marta Majewska, Małgorzata Jagielska, Natalia Wiktorczyk-Kapischke, Anna Budzyńska, Krzysztof Skowron Ocena antybiotykooporności i wirulencji szczepów <i>Enterococcus spp.</i> izolowanych z materiału klinicznego i ze środowiska oczyszczalni ścieków	16
Urszula Guzik, Agnieszka Nowak, Anna Dzionek, Danuta Wojcieszewska Rozkład paracetamolu i wybranych NLPZ wspomagany preparatem mikrobiologicznym	17
Regina Janas, Aleksandra Wojska, Katarzyna Traczyk Ekologiczne metody poprawy zdrowotności nasion roślin warzywnych	18
Adam Jaworski Co czyni nas ludźmi	19
Piotr Kanarek, Barbara Breza-Boruta, Tomasz Bogiel Ocena przeciwdrobnoustrojowego potencjału ekstraktów roślinnych wobec patogenów wyizolowanych z wód przemysłowych – wyniki badań screeningowych	20

Katarzyna Kasperkiewicz, Kamil Malik, Joanna Depciuch, Katja Witzel, Irina Bodnaruk, Małgorzata Pawlik, Izabela Potocka, Magdalena Noszczyńska, Małgorzata Rudnicka, Piotr Siupka, Monika Malicka, Zofia Piotrowska-Seget Charakterystyka pęcherzyków błony zewnętrznej (OMV) wydzielanych przez endofityczne bakterie <i>Serratia</i> sp. i ich potencjalny wpływ na kondycję kukurydzy	21
Edyta Kiedrzyńska, Marcin Kiedrzyński, Monika Harnisz, Katarzyna Jaszczyszyn, Dominika Piwowarska, Damian Rolbiecki, Liliana Serwecińska, Natalia Matwiej, Ewa Korzeniewska, Kornelia Stefaniak Zanieczyszczenia farmaceutyczne i mikrobiologiczne ścieków i wód powierzchniowych – zintegrowana analiza ekohydrologiczna zlewni	23
Ewa Kotlarska, Grzegorz Siedlewicz, Elias Eger, Sebastian Guenther, Karsten Becker, Evgeny A. Idelevich, Tanel Tenson, Jonas Bonnedahl, Jonas Waldenström, Katharina Schaufler Podejście „Jedno zdrowie” w ujednocionym monitoringu pozostałości antybiotyków, genów antybiotykooporności i oporności na metale ciężkie w środowisku wodnym Bałtyku (BALTIC-AMR)	24
Maria Krajewska Mikrobiom jelitowy a stan ludzkiego organizmu	26
Monika Malicka, Franco Magurno, Krystyna Gruszka, Zofia Piotrowska-Seget Endofity ciemnoseptalne i ich potencjał we wspomaganiu wzrostu roślin w środowisku zanieczyszczonym WWA	27
Artur Nowak, Kamila Wliziło, Iwona Komaniecka, Justyna Kapral-Piotrowska, Jolanta Jaroszuk-Ścisiel Charakterystyka i właściwości elicytorowe polimerów otrzymanych z hodowli szczepu <i>Trichoderma koningiopsis</i>	28
Piotr Nowotnik, Paweł Chorbiński, Paweł Migdał Probiotyczne czynniki do biokontroli zgnilca amerykańskiego – groźnej choroby bakteryjnej larw rodzin pszczoły miodnej	29
Kinga Ożga, Ilona Sadok, Daniel Klich, Marta Gałązka, Rafał Łopucki Oporności na substancje przeciwbakteryjne u <i>Escherichia coli</i> izolowanych z różnych grup ekologicznych dzikich ptaków w centralnej Polsce	30
Anna Pikulicka, Wiesław Barabasz Ekotoksykologiczne aspekty występowania zamaskowanych mykotoksyn w środowisku i żywności	31
Damian Rolbiecki, Edyta Kiedrzyńska, Marcin Kiedrzyński, Monika Harnisz Monitoring jakości wód – analiza genomów <i>Klebsiella pneumoniae</i> izolowanych z wód powierzchniowych i ocena powiązania klinicznego	32

Krzysztof Skowron, Natalia Wiktorczyk-Kapischke, Ewa Wałęcka-Zacharska,
Jakub Korkus, Jovana Kovacevic, Kathrin Rychli, Nadja Pracser,
Katarzyna Grudlewska-Buda, Anna Budzyńska

**Fenotypowa i oparta na sekwencji całego genomu charakterystyka
szczepów *Listeria monocytogenes* izolowanych z żywności i materiału
klinicznego33**

Kamila Wlizło, Marek Siwulski, Adrian Wiater

**Biomasa owocników grzybów wyższych jako potencjalny adsorbent
w eliminacji bisfenolu A ze środowiska wodnego34**

Martyna Zielińska-Tadych, Anna Ligocka

**Monitoring szczepów *Listeria monocytogenes* w surowcach, produktach
i środowisku zakładów przetwórstwa owocowo-warzywnego35**

Niespecyficzne zanieczyszczenia mikrobiologiczne w produkcji piwa niepasteryzowanego

Sylwia Andrzejczak-Grządko

Uniwersytet Zielonogórski, Instytut Nauk Biologicznych, Katedra Biotechnologii

Piwo to niskoalkoholowy napój, powstający na skutek przemian metabolicznych komórek drożdży, w chmielonej brzeczce słodowej. Od wieków jest cenione za trwałość i stabilność biologiczną, ze względu na obecność alkoholu etylowego i wysokiego stężenia CO₂, ale także α -kwasów pochodzących z chmielu, niskiego pH oraz niskiego poziomu tlenu. Pomimo wyjątkowo niekorzystnych warunków niektórym mikroorganizmom udaje się w piwie przeżyć, a nawet namnożyć, przez co stanowią jego zanieczyszczenie, wpływając niekorzystnie na produkt końcowy. Najczęściej mikrobiologicznym zanieczyszczeniem piwa są bakterie fermentacji mlekowej, tj. *Lactobacillus* spp., ale także bakterie octowe *Acetobacter* spp. W piwie przeżyć mogą jednak również bakterie, które stanowią zanieczyszczenia nietypowe. W badaniach własnych potwierdzono obecność bakterii z rodzaju *Bacillus* oraz *Paenibacillus*. Te ostatnie poprzez swój metabolizm wpływały znacząco na zapach, smak i konsystencję badanego napoju.

Non-specific microbial contaminants in the production of unpasteurized beer

Beer is a low-alcohol beverage, formed by the metabolic transformation of yeast cells, in hopped malt wort. It has been prized for centuries for its shelf life and biological stability, due to the presence of ethanol and high CO₂ concentrations, but also α -acids derived from hops, low pH and low oxygen levels. Despite extremely unfavorable conditions, some microorganisms manage to survive and even multiply in beer, making them contaminants, adversely affecting the final product. The most common microbial contaminants of beer are lactic fermentation bacteria, i.e. *Lactobacillus* spp. but also acetic bacteria *Acetobacter* spp. However, bacteria that constitute atypical contaminants can also survive in beer. In our study, the presence of bacteria from the genus *Bacillus* and *Paenibacillus* was confirmed. The latter, through their metabolism, significantly affected the smell, taste and texture of the tested beverage.

Wrażliwość *Bacillus cereus sensu lato* izolowanych z żywności na wybrane antybiotyki oraz fenylomaślan sodu

Marek Bartoszewicz¹, Urszula Czyżewska¹, Monika Zambrzycka¹

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

Bacillus cereus sensu lato to złożona grupa szeroko rozpowszechnionych w środowisku naturalnym tlenowych i względnie beztlenowych laseczek przetrwalnikujących. Bakterie te mogą być także obecne w organizmach zwierząt i ludzi, a w pewnych okolicznościach prowadzą do rozwoju zatruc pokarmowych oraz innych chorób. Ich wirulencja związana jest m.in. ze zdolnością do biosyntezy szeregu toksyn.

Z uwagi na oportunistyczny charakter *B. cereus sensu lato* ważne jest, aby precyzyjnie ustalić wrażliwość tych bakterii na różnorodne czynniki przeciwbakteryjne. Dlatego w ramach tej pracy oceniliśmy wrażliwość *B. cereus* i gatunków pokrewnych na antybiotyki reprezentujące różnorodne klasy oraz fenylomaślan sodu (PBA), który wykazuje interesujące właściwości antyproliferacyjne w stosunku do niektórych patogenów i komórek nowotworowych. Ustaliliśmy, że izolowane z żywności szczepy wykazują podwyższoną tolerancję względem najczęściej stosowanych antybiotyków. PBA z kolei, nawet w umiarkowanych stężeniach, powoduje inhibicję ekspresji genów enterotoksyn oraz spowalnia istotnie tempo namnażania się badanych organizmów. Dzięki tym danym możliwe będzie opracowanie skuteczniejszych metod zapobiegania nadmiernej proliferacji *B. cereus sensu lato* w żywności oraz ewentualnego leczenia potencjalnych infekcji.

The susceptibility of *Bacillus cereus sensu lato* isolated from food products to selected antibiotics and sodium phenylbutyrate

Bacillus cereus sensu lato is a complex group of spore-forming aerobic and facultative anaerobic rods widely spread in the natural environment. These bacteria can also be present in animals and humans, and under certain circumstances, they can lead to food poisoning and other diseases. Their virulence is associated, among other factors, with their ability to biosynthesize a range of toxins.

Due to the opportunistic nature of *B. cereus sensu lato*, it is important to precisely determine the sensitivity of these bacteria to various antibacterial agents. Therefore, in this study, we assessed the sensitivity of *B. cereus* and related species to antibiotics representing various classes, as well as sodium phenylbutyrate (PBA), which exhibits interesting antiproliferative properties against certain pathogens and cancer cells. We found that strains isolated from food show increased tolerance to the most commonly used antibiotics. In contrast, PBA, even at moderate concentrations, inhibits the expression of enterotoxin genes and significantly slows the proliferation rate of the studied organisms. Thanks to this data, it will be possible to develop more effective methods for preventing the excessive proliferation of *B. cereus sensu lato* in food and for treating occurring infections.

Mikrobiologiczne zanieczyszczenia solanek tęźniowych

Aleksandra Burkowska-But^{1,2}, Weronika Szuba¹

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

² Stowarzyszenie Polskie Tężnie

W Polsce zastosowanie soli i solanek w lecznictwie ma bardzo długą tradycję. Obecnie coraz większą popularność mają grotty solne, tęźnie i inne otwarte inhalatoria. Dotychczasowe badania potwierdzają pozytywny wpływ otwartych inhalatoriów solankowych na mikrobiologiczną jakość powietrza w ich otoczeniu. Jednak w trakcie eksploatacji tęźni może dochodzić do zanieczyszczenia solanki pyłami i mikroorganizmami wychwytywanymi z powietrza, a także namnażania obecnych w solance drobnoustrojów. Takie wtórne zanieczyszczenia najczęściej nie są monitorowane, a wprowadzone do powietrza w postaci aerozolu solankowego, mogą mieć wpływ na zdrowie osób przebywających wokół tęźni.

W prezentowanych badaniach określono zmiany składu i liczebności mikroorganizmów w trakcie eksploatacji tęźni. Obiekty badań stanowiły tęźnie o różnej wielkości i sposobie użytkowania, zlokalizowane w Ciechocinku, Busku-Zdroju oraz w Toruniu. Wynika z nich, że istnieją wskazania do regularnego monitoringu mikrobiologicznego solanek w trakcie eksploatacji tęźni pełniących funkcje otwartych inhalatoriów, szczególnie jeśli pracują one w obiegu zamkniętym.

Microbiological contamination of graduation tower brines

In Poland, the use of salt and brine in medical treatment has a very long tradition. Nowadays, salt caves, graduation towers and other open inhalators are becoming increasingly popular. Previous studies have confirmed the positive effect of open brine inhalators on the microbiological quality of the air around them. However, during the operation of the graduation tower, there may be contamination of the brine with dust and microorganisms captured from the air, as well as multiplication of microorganisms present in the brine. Such secondary contaminants are most often not monitored, and introduced into the air in the form of brine aerosol, can affect the health of people around the graduation tower.

The present study determined changes in the composition and abundance of microorganisms during the operation of a graduation tower. The objects of the study were graduation towers of different size and use, located in Ciechocinek, Busk-Zdrój and Toruń. They show that there are indications for regular microbiological monitoring of brine during the operation of graduation towers that function as open inhalers, especially if they operate in a closed circuit.

Modelowanie rozwoju oporności na polieny u *Candida albicans*

Sandra Chmielewska¹, Urszula Czyżewska², Adam Tylicki²

¹ Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych Uniwersytet w Białymstoku

² Wydział Biologii, Katedra Mikrobiologii i Biotechnologii, Uniwersytet w Białymstoku

Polieny są obecnie stosowane zarówno w leczeniu ambulatoryjnym, jak i w zwalczaniu ciężkich przypadków klinicznych powodowanych przez *Candida albicans*. Jednocześnie powszechne użycie polienów prowadzi do nasilającego się zjawiska oporności na te leki wśród drożdżaków.

Celem pracy było porównanie reakcji szczepów *C. albicans* na długotrwałą ekspozycję na nystatynę (NYS) oraz natamycynę (NAT). Szczepy wrażliwe na oba antymikotyki były utrzymywane (105 tygodniowych pasaży) na pożywkach YPD z podprogowymi stężeniami antybiotyków. Najbardziej reagujące szczepy wykazały 3-krotny wzrost wartości MIC w przypadku YYS i 2,5-krotny w NAT. Zawartość kwasów tłuszczowych w komórkach tych szczepów spadła o 1/4 w obu wariantach (GC-MS), zawartość ergosterolu zmalała o połowę w YYS i 1/3 w NAT (HPLC), zawartość estrów ergosterolu wzrosła o 20% w YYS i 65% w NAT, a monoacylogliceroles zmalała o około 20% w YYS i wzrosła o 30% w NAT (TLC). Zaobserwowano zmniejszenie grubości ściany komórkowej w przypadku wariantu YYS o około 20%.

Uzyskane wyniki wskazują na zróżnicowaną reakcję szczepów *C. albicans* na badane polieny, a otrzymany model może pozwolić na lepsze zrozumienie sekwencji zmian prowadzących do rozwoju lekooporności.

Modeling the development of resistance to polyenes in *Candida albicans*

Polyenes are currently used both in outpatient treatment and in managing severe clinical cases caused by *Candida albicans*. However, the widespread use of polyenes has led to an increasing incidence of resistance to these drugs among yeasts.

The aim of the study was to compare the responses of *C. albicans* strains to long-term exposure to nystatin (NYS) and natamycin (NAT). Strains initially sensitive to both antifungals were maintained (105 weekly passages) on YPD media with subtherapeutic concentrations of the antibiotics. The most responsive strains showed a threefold increase in MIC values for YYS and a 2.5-fold increase for NAT. The overall fatty acid content in the cells of these strains decreased by 25% in both variants (GC-MS), ergosterol content decreased by half in YYS and by one-third in NAT (HPLC), ergosterol ester content increased by 20% in YYS and 65% in NAT, and monoacylglycerol content decreased by approximately 20% in YYS and increased by 30% in NAT (TLC). A decrease in cell wall thickness by about 20% was observed in the YYS variant.

The obtained results indicate a varied response of *C. albicans* strains to the studied polyenes, and the developed model may enable a better understanding of the sequence of changes leading to the development of drug resistance.

Mechanizm synergistycznego działania oksytiaminy i ketokonazolu względem oportunistycznych drożdżaków *Malassezia pachydermatis*

Magdalena Czerniecka¹, Adam Więcko², Adam Tylicki¹

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

² Katedra Ekologii Wód, Wydział Biologii, Uniwersytet w Białymstoku, Ciołkowskiego 1J, 15-245 Białystok, Polska

Grzybice są schorzeniami bardzo powszechnymi, a ich leczenie wiąże się z licznymi problemami terapeutycznymi. Wzrastająca oporność grzybów, w tym *Malassezia spp.*, na dostępne leki skłania do poszukiwania nowych strategii wykorzystania leków przeciugrzybiczych. Jedną z nich jest łączenie obecnie dostępnych leków z innymi substancjami chemicznymi w celu uzyskania efektu synergistycznego. Synergistyczne działanie antywitaminy tiaminy – oksytiaminy i ketokonazolu stwierdziliśmy względem referencyjnego i środowiskowych szczepów *M. pachydermatis* (n = 39). Wyniki badań wskazały, że zarówno ketokonazol, jak i oksytiamina powodują ograniczenie syntezy podstawowego składnika błony komórkowej grzybów – ergosterolu. Synergizm działania tych związków wynika z ograniczenia dostępności siły redukcyjnej (NADPH) do syntezy ergosterolu (oksytyamina) i hamowania enzymów związanych ze szlakiem syntezy steroli (ketokonazol). Wynik ten może stanowić podstawę do opracowania nowych preparatów o złożonych formułach, które zawierałyby zdecydowanie niższe stężenia ketokonazolu w stosunku do obecnie stosowanych leków bez ograniczenia efektu terapeutycznego.

Mechanism of synergistic action of oxythiamine and ketoconazole against the opportunistic yeast *Malassezia pachydermatis*

Mycoses are very common and there are many therapeutic problems associated with their treatment. The increasing resistance of fungi, including *Malassezia spp.*, to available drugs has prompted the search for new antifungal strategies. One approach is to combine currently available drugs with other chemicals to achieve a synergistic effect. We found a synergistic effect of the thiamine antivitamin – oxythiamine and ketoconazole against reference and field strains of *M. pachydermatis* (n = 39). The results showed that synthesis of the basic fungal cell membrane component – ergosterol was reduced by both ketoconazole and oxythiamine. The synergistic effect of these compounds is due to a reduction in the availability of reducing power (NADPH) for ergosterol synthesis by oxythiamine and inhibition of enzymes associated with the sterol synthesis by ketoconazole. This result may provide a basis for the development of new complex formulations containing significantly lower concentrations of ketoconazole than current drugs without compromising therapeutic efficacy.

Modelowanie nabywania oporności na polieny u *Malassezia pachydermatis*

Urszula Czyżewska¹, Sandra Chmielewska², Marek Bartoszewicz¹,
Adam Tylicki¹

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

² Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych, Uniwersytet w Białymstoku

Malassezia pachydermatis jest oportunistycznym drożdżakiem powodującym choroby skóry. Polieny są jedną z najszerzej stosowanych grup leków przeciwgrzybiczych, w związku z czym nasila się zjawisko lekooporności. Celem badań było eksperymentalne odtworzenie procesu nabywania oporności na nystatynę (NYS) i natamycynę (NAT) przez początkowo wrażliwe szczepy *M. pachydermatis*, pasażowane 105 tygodni na podłożach zawierających subletalne dawki anytmikotyków. Wśród szczepów najbardziej reagujących odnotowano 3,5-krotny wzrost wartości MIC w przypadku NYS i 1,5-krotny w NAT. Zawartość kwasów tłuszczowych w komórkach tych szczepów wzrosła o 1/3 w NYS i 2 razy w NAT (GC-MS), zawartość ergosterolu zmalała o 40% w NYS i 85% w NAT (HPLC), zawartość estrów ergosterolu wzrosła 3 razy w NYS i 4 razy w NAT, a monoacylogliceroli zmalała ok. 2 razy pod wpływem obu preparatów (TLC). Grubość ściany komórkowej pod wpływem NYS wzrosła o 10%, natomiast w przypadku NAT o 4%. Uzyskane wyniki oprócz wartości poznawczych mogą mieć znaczenie aplikacyjne, szczególnie w kontekście poszukiwania sposobów przeciwdziałania zjawisku lekooporności.

Badania finansowane z projektu (DEC-2019/35/D/NZ7/02094) przyznanego przez Narodowe Centrum Nauki.

Modeling of resistance to polyenes in *Malassezia pachydermatis* strains

Malassezia pachydermatis is an opportunistic yeast that can cause inflammation of the skin. Polyenes are one of the most widely used groups of antifungal drugs, but due to their common use, the phenomenon of drug resistance is increasing. The aim of the study was to experimentally reproduce the process of acquiring resistance to nystatin (NYS) and natamycin (NAT) by initially sensitive *M. pachydermatis* strains passaged 105 weeks on media containing sublethal doses of antimycotics. Among the most responsive strains, a 3.5-fold increase in MIC values was noted for NYS and a 1.5-fold increase in NAT. The fatty acid content in the cells of these strains increased by 1/3 in NYS and 2-fold in NAT (GC-MS), the ergosterol content decreased by 40% in NYS and 85% in NAT (HPLC), the ergosterol esters content increased 3-fold in NYS and 4-fold in NAT, and the monoacylglycerol content decreased about 2-fold under the influence of both preparations (TLC). The thickness of the cell wall increased by 10% under the influence of NYS, while in the case of NAT by 4%. The obtained results, apart from cognitive values, may have application significance, especially in the context of searching for ways to counteract the phenomenon of drug resistance.

This study is supported by a grant (DEC-2019/35/D/NZ27/02094) from the National Science Centre, Poland.

Bioróżnorodność gleb silnie zdegradowanych i długotrwanie zanieczyszczonych ropą naftową

Anna Gałązka¹, Agata Janczarek¹, Jarosław Ciepiał¹, Karolina Gawryjolek¹, Aleksandra Ukalska-Jaruga², Anna Marzec-Grządziel²

¹ Zakład Mikrobiologii; ² Zakład Gleboznawstwa i Analiz Środowiskowych, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa Państwowego Instytut Badawczy w Puławach; agalazk@iung.pulawy.pl

Głównym celem badań jest wyjaśnienie roli autochtonicznych mikroorganizmów w procesach naturalnej, spontanicznej bioremediacji gleb długoletnio zanieczyszczonych. Gleby zostały pobrane spod wyciągów ropy naftowej na terenie historycznej Kopalni Ropy Naftowej w Węglówce z wybranych 9 najstarszych odwiertów naftowych. DNA wyizolowano bezpośrednio z gleby oraz ryzosfery. Wykonano izolację i charakterystykę szczepów bakteryjnych i grzybowych wyizolowanych z ryzosfery roślin ruderalnych. Szczepy zostały ocenione na podstawie testów morfologicznych, biochemicznych i genetycznych. Wykonano oznaczenia: różnorodności funkcjonalnej z wykorzystaniem systemu Biolog, sekwencjonowania następnej generacji (NGS) regionów zmiennych (16S rRNA dla bakterii i ITS dla grzybów). Ponadto określono parametry chemiczne próbek roślinnych i glebowych (Corg, Nmin, Σ16 WWA i pierwiastki śladowe). W materiale roślinnym oceniono: aktywność biologiczną wybranych metabolitów wtórnych i zawartość związków fenolowych.

Badania 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 długotrwanie zanieczyszczonych ropą naftową” (2023-2027).

Biodiversity of soils that are heavily degraded and long-term contaminated with crude oil

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

Ocena antybiotykooporności i wirulencji szczepów *Enterococcus* spp. izolowanych z materiału klinicznego i ze środowiska oczyszczalni ścieków

Katarzyna Grudlewska-Buda, Marta Majewska, Małgorzata Jagielska, Natalia Wiktorczyk-Kapischke, Anna Budzyńska, Krzysztof Skowron

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

Bakterie z rodzaju *Enterococcus* powszechnie występują w środowisku, żywności oraz w przewodzie pokarmowym ludzi i zwierząt. Najczęściej izolowanymi gatunkami są *Enterococcus faecalis* i *E. faecium*, które są czynnikami etiologicznymi wielu zakażeń. Celem badań była ocena antybiotykooporności i częstości występowania genów wirulencji wśród szczepów *E. faecalis* i *E. faecium* izolowanych z materiału klinicznego i ze środowiska oczyszczalni ścieków. Materiał do badań stanowiło 90 szczepów, 56 z nich wyosobniono z materiału klinicznego, a 34 ze środowiska oczyszczalni ścieków. Identyfikacji badanych szczepów dokonano w oparciu o metodę MALDI-TOF MS (ang. *matrix-assisted laser desorption ionization time of flight mass spectrometry*). Wrażliwość na antybiotyki oceniono za pomocą metody krążkowo-dyfuzyjnej. Ocena częstości występowania genów kodujących wybrane czynniki wirulencji przeprowadzono w oparciu o technikę PCR. W badaniu opornych na co najmniej jeden antybiotyk było 51 (91,0%) szczepów z materiału klinicznego i 20 (58,9%) z oczyszczalni ścieków. Wśród szczepów klinicznych najczęściej stwierdzono obecność genów *hyl* (34; 60,7%), *agg* (24; 42,9%) i *ebpC* (22; 39,3%). U szczepów izolowanych z oczyszczalni ścieków najczęściej obecne były geny: *pil*, *ebpB* i *srt* (21; 61,8%) oraz *agg* i *ebpA* (19; 55,9%).

Evaluation of antibiotic resistance and virulence of *Enterococcus* spp. strains isolated from clinical samples and the environment of wastewater treatment plant

Bacteria of the *Enterococcus* genus are commonly found in the environment, food, and the gastrointestinal tract of humans and animals. The most frequently isolated are *Enterococcus faecalis* and *E. faecium*, which are etiological agents of many infections. The aim of the study was to assess antibiotic resistance and the frequency of virulence genes among *E. faecalis* and *E. faecium* strains isolated from clinical material and wastewater treatment plant environments. The study included 90 strains, 56 of which were isolated from clinical material and 34 from wastewater treatment plant. Strain identification was performed using the MALDI-TOF MS method. Antibiotic susceptibility was evaluated using the disk diffusion method, and the frequency of virulence gene occurrence was assessed using PCR. In the study, 51 (91.0%) clinical strains and 20 (58.9%) wastewater strains were resistant to at least one antibiotic. Among the clinical strains, the most common genes identified were *hyl* (34; 60.7%), *agg* (24; 42.9%), and *ebpC* (22; 39.3%). In strains isolated from wastewater treatment plants, the most common genes were *pil*, *ebpB*, and *srt* (21; 61.8%), as well as *agg* and *ebpA* (19; 55.9%).

Rozkład paracetamolu i wybranych NLPZ wspomagany preparatem mikrobiologicznym

Urszula Guzik, Agnieszka Nowak, Anna Dzionek, Danuta Wojcieszynska

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

Niesteroidowe leki przeciwzapalne (NLPZ) należą do najczęściej stosowanych leków, czego skutkiem jest coraz częstsze ich pojawianie się w środowisku jako zanieczyszczenie. Wynika to z niskiej wydajności ich usuwania w oczyszczalniach ścieków. Rozwiązaniem problemu może być zastosowanie preparatów wspomagających osad czynny w procesie biodegradacji NLPZ. Celem badań było opracowanie biopreparatu stymulującego rozkład paracetamolu i wybranych NLPZ. Biopreparat powstał na bazie szczepów *Stenotrophomonas maltophilia* KB2, *Planococcus* sp. S5, *Bacillus thuringiensis* B1(2015b) i *Pseudomonas moorei* KB4 unieruchomionych na gąbce roślinnej. Zaprojektowany biopreparat umożliwia degradację paracetamolu, ibuprofenu, naproksenu i diklofenaku z szybkością odpowiednio 0,50 mg·dm⁻³ na dzień, 0,14 mg·dm⁻³ na dzień, 0,16 mg·dm⁻³ na dzień i 0,04 mg·dm⁻³ na dzień. Obecność fenolu stymulowała degradację badanych leków, a efekt ten pogłębiał się wraz ze wzrostem stężenia fenolu. Degradacja mieszaniny NLPZ w obecności fenolu nie zależała od ilości biomasy. Uzyskane wyniki wskazują, że zaprojektowany biopreparat może wspomagać rozkład niesteroidowych leków przeciwzapalnych i związków fenolowych przez osad czynny.

Badania sfinansowane przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach projektu TANGO-IV-A/0049/2019-00.

Decomposition of paracetamol and selected NSAIDs supported by a microbiological preparation

Non-steroidal anti-inflammatory drugs (NSAIDs) are among the most frequently used drugs, which results in their increasingly frequent appearance in the environment as a pollutant. This is due to the low efficiency of their removal in sewage treatment plants. The solution to the problem may be using preparations supporting activated sludge in the biodegradation process of NSAIDs. The research aimed to develop a biopreparation stimulating the breakdown of paracetamol and selected NSAIDs. The biopreparation is based on the strains *Stenotrophomonas maltophilia* KB2, *Planococcus* sp. S5, *Bacillus thuringiensis* B1(2015b) and *Pseudomonas moorei* KB4 immobilized on a plant sponge. The designed biopreparation enables the degradation of paracetamol, ibuprofen, naproxen and diclofenac at a rate of 0.50 mg/L*day, 0.14 mg/L*day, 0.16 mg/L*day and 0.04 mg/L*day, respectively. The presence of phenol stimulated the degradation of the tested drugs, and this effect deepened with increasing phenol concentration. The degradation rate of the NSAID mixture in the presence of phenol did not depend on the amount of biomass. The results indicate that the designed biopreparation can support the decomposition of non-steroidal anti-inflammatory drugs and phenolic compounds by activated sludge.

The National Centre for Research and Development financed research under the project TANGO-IV-A/0049/2019-00.

Ekologiczne metody poprawy zdrowotności nasion roślin warzywnych

Regina Janas, Aleksandra Wojska, Katarzyna Traczyk

Instytut Ogrodnictwa – PIB w Skierniewicach

Nasiona roślin warzywnych mogą być źródłem zakażenia pierwotnego patogenami pochodzenia grzybowego, bakteryjnego i wirusowego. Największy problem stanowią grzyby patogeniczne, przenoszone z materiałem siewnym na rośliny potomne, co powoduje rozległe epifitozy plantacji warzywnych. Sprawcy takich chorób grzybowych, jak m.in. alternariozy, fuzariozy, zgorzele siewek, szara pleśń, mączniaki, antraknozy, septoriozy i wiele innych, drastycznie obniżają plony zarówno pod względem ilościowym, jak i jakościowym. Z tych względów wstępna analiza mikrobiologiczna materiału siewnego powinna być pierwszym, rutynowym zabiegiem w ocenie jakości nasion oraz wytyczną do właściwego zaprawiania nasion. Praktyka pokazuje jednak, że te zasady stosuje się sporadycznie, równie rzadko jak osłonę nasion przed patogenami za pomocą środków biologicznych. W związku z tym w Instytucie Ogrodnictwa – PIB w Skierniewicach prowadzone są badania nad uszlachetnianiem nasion w celu zwiększenia ich zdrowotności i jakości. Uwzględniono w nich zarówno metody fizjologiczne – kondycjonowanie nasion, łączenie zabiegów kondycjonowania ze środkami ochrony biologicznej – biokondycjonowanie, jak i wiele metod fizycznych, np. ozonowanie, pulsujące fale radiowe, hydrotermoterapia, laser, pole magnetyczne. Wyniki są obiecujące i wskazują na wysoką skuteczność wybranych, przedśiewnych zabiegów poprawy jakości materiału siewnego warzyw.

Badania wykonano w ramach programu celowego finansowanego przez MRiRW (Zad. 7.3).

Ecological methods for improving the health of vegetable seeds

Vegetable plant seeds can be a source of primary infection with pathogens of fungal, bacterial and viral origin. The biggest problem is posed by pathogenic fungi, transferred with the seed material to the offspring plants, causing extensive epiphytosis of vegetable plantations. The perpetrators of such fungal diseases as alternariosis, fusariosis, seedling blight, grey mould, powdery mildew, anthracnose, septoria and many others, drastically reduce yields both quantitatively and qualitatively. For these reasons, the initial microbiological analysis of the seed material should be the first, routine procedure in assessing the quality of seeds and a guideline for proper seed dressing. However, practice shows that these principles are applied sporadically, just as rarely as seed protection against pathogens using biological agents. In connection with this, research is being conducted at the Institute of Horticulture – National Research Institute in Skierniewice on seed refinement in order to increase their health and quality. They include both physiological methods – seed conditioning, combining conditioning treatments with biological protection agents – bioconditioning, as well as many physical methods, such as ozonation, pulsating radio waves, hydrothermotherapy, laser, magnetic field. The results are promising and indicate high effectiveness of selected, pre-sowing treatments for improving the quality of vegetable seed.

Co czyni nas ludźmi

Adam Jaworski

Uniwersytet Łódzki

Jacob Bronowski – filozof, autor wielu książek wydanych w latach 1971-2015 na temat wyników różnych badań naukowych w poszukiwaniu istoty człowieczeństwa, już w 1971 roku w książce pt. „Identity of the Men” pisał: „Człowiek jest stworzeniem szczególnym. Jego uzdolnienia czynią go istotą unikalną w świecie zwierząt. W odróżnieniu od nich nie jest elementem krajobrazu przyrodniczego na naszej Planecie, lecz jego współtwórcą. Jednak, dlaczego my ludzie staliśmy się tymi, którzy tworzą ten krajobraz, zamiast pozostać jedynie zasiedlającymi go postaciami?”. Theodosius Dobzhansky (1900–1975), słynny genetyk i biolog ewolucyjny, już w latach 70. ubiegłego wieku twierdził, że „Akt stworzenia nie dokonał się w 4004 roku przed Chrystusem, proces ten rozpoczął się około 10 miliardów lat temu i trwa nadal. W biologii nie ma sensu, jeśli nie patrzy się na to w świetle ewolucji”. Pytania o biologiczną, molekularną i genetyczną istotę człowieczeństwa nabrały znaczenia w świetle ogromnych postępów nauki i fascynujących odkryć w dziedzinie biologii molekularnej genetyki człowieka i naczelnych, w tym poznania pełnego genomu współczesnego człowieka w 2003 roku, genomu szympansa w 2006 roku i goryla w 2012 roku. W 2009 roku uczonym udało się odczytać około 60% sekwencji nukleotydowej genomu neandertalczyka, wymarłego około 29 tysięcy lat temu. Co więcej na podstawie analizy DNA mitochondrialnego, pozyskanego z zębów i kości palca u ręki, zidentyfikowano w 2010 roku wymarłą grupę denisowian, blisko spokrewnionych z neandertalczykami. Obecnie znamy pełną sekwencję nukleotydową genomów tysięcy ludzi wszystkich ras „w zdrowiu i w chorobie”, żyjących w różnych strefach i regionach świata. Narasta w ostatnich 10 latach wiedza o roli biologicznej epigenetycznych systemów regulatorowych w regulacji aktywności genów. Utworzono przeogromną bazę danych umożliwiającą analizę ewolucyjnego rozwoju człowieka, w tym jego wędrówek i zasiedlania różnych regionów świata w okresie dziesiątków tysięcy lat. Analiza sekwencji nukleotydowej DNA genomów współczesnego człowieka, neandertalczyka i denisowian wskazuje, że jesteśmy mieszancami, bowiem nosimy w naszym genomie geny i sekwencje naszych przodków wymarłych tysiące lat temu. Wyszliśmy z Afryki około 125 000 lat temu, a współcześnie jedyną czystą rasą są rdzenni mieszkańcy Afryki.

W czasie wykładu przedstawi się przykłady „ludzkich genów”, które nie występują w genomach zwierząt, w tym w genomach goryla i szympansa, a także genów, które rozdzieliły linie rozwoju ewolucyjnego współczesnego człowieka i szympansa od wspólnego przodka 6 milionów lat temu, a gałęzie filogenetyczne Neandertalczyka i Człowieka około ½ miliona lat temu. Szczególną uwagę poświęci się narastającej, w ogromnym tempie, wiedzy o roli genów oraz systemów regulatorowych transkrypcji w komórkach centralnego układu nerwowego i mózgu, które w sposób odmienny funkcjonują u człowieka i szympansa.

Ocena przeciwdrobnoustrojowego potencjału ekstraktów roślinnych wobec patogenów wyizolowanych z wód przemysłowych – wyniki badań screeningowych

Piotr Kanarek¹, Barbara Breza-Boruta¹, Tomasz Bogiel²

¹ Katedra Mikrobiologii i Technologii Żywności, Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, Politechnika Bydgoska

² Katedra Mikrobiologii; Collegium Medicum im L. Rydygiera w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Zastosowanie alternatywnych, nieinwazyjnych ekstraktów roślinnych może być obiecującą alternatywą dla dezynfekcji wód popłucznych wykorzystywanych w przemyśle spożywczym. Celem badań było określenie antibakteryjnego potencjału wybranych surowców roślinnych wobec patogenów wyizolowanych z wód przemysłowych. Do badań wytypowano 13 surowców roślinnych, które testowano na sześciu oportunistycznych patogenach: *Pseudomonas aeruginosa*, *Klebsiella oxytoca*, *Klebsiella pneumoniae*, *Enterococcus faecalis*, *Serratia marcescens* i *Proteus vulgaris*. Stwierdzono, że 6 z testowanych surowców roślinnych wykazuje działanie bakteriostatyczne. Wyniki badań potwierdzają potencjał wybranych surowców roślinnych w ograniczaniu rozwoju patogenów bakteryjnych wyizolowanych z wód przemysłowych. Otrzymane wyniki mogą stanowić podstawę do dalszych badań nad zastosowaniem ekstraktów roślinnych w praktyce przemysłowej oraz w ochronie środowiska wodnego przed mikroorganizmami patogenymi.

Badania finansowane w ramach projektu DWD/5/0207/2021.

Assessment of the Antimicrobial Potential of Plant Extracts Against Pathogens Isolated from Industrial Waters – Screening Study Results

The use of alternative, non-invasive plant extracts may represent a promising approach for the disinfection of wash water utilised in the food industry. The aim of this study was to determine the antibacterial potential of selected plant materials against pathogens isolated from industrial waters. Thirteen plant materials were selected for testing on six opportunistic pathogens: *Pseudomonas aeruginosa*, *Klebsiella oxytoca*, *Klebsiella pneumoniae*, *Enterococcus faecalis*, *Serratia marcescens*, and *Proteus vulgaris*. It was found that six of the tested plant materials exhibited bacteriostatic activity. The results confirm the potential of selected plant materials in inhibiting the growth of bacterial pathogens isolated from industrial waters. These findings may provide a foundation for further research into the application of plant extracts in industrial practices and the protection of aquatic environments from pathogenic microorganisms.

This research was funded under the project DWD/5/0207/2021.

Charakterystyka pęcherzyków błony zewnętrznej (OMV) wydzielanych przez endofityczne bakterie *Serratia* sp. i ich potencjalny wpływ na kondycję kukurydzy

Katarzyna Kasperkiewicz¹, Kamil Malik¹, Joanna Depciuch², Katja Witzel³,
Irina Bodnaruk¹, Małgorzata Pawlik¹, Izabela Potocka¹, Magdalena Noszczyńska¹,
Małgorzata Rudnicka¹, Piotr Siupka¹, Monika Malicka¹, Zofia Piotrowska-Seget¹

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

² Instytut Fizyki Jądrowej, Polska Akademia Nauk Kraków, Poland

² Katedra Biochemii i Biologii Molekularnej, Uniwersytet Medyczny w Lublinie, Polska

³ Leibniz Institute of Vegetable and Ornamental Crops, Großbeeren, Germany

Pęcherzyki błony zewnętrznej (ang. *Outer Membrane Vesicles*, OMV) to sferyczne struktury uwalniane z powierzchni komórek bakterii Gram-ujemnych. Mogą zawierać m.in. białka, materiał genetyczny (DNA, RNA), metabolity wtórne, cząsteczki sygnałowe, enzymy, np. celulazy, degradujące ściany komórkowe roślin. Struktury te odgrywają ważną rolę w sygnalizacji międzykomórkowej, regulacji ekspresji genów i modulacji procesów fizjologicznych. W badaniach wykazano, że endofityczne bakterie *Serratia* wydzielają pęcherzyki o rozmiarach od 20 do 300 nm. Analizy z wykorzystaniem spektroskopii Ramana i FTIR ujawniły różnice w strukturze błon między OMV a bakteriami *Serratia*. W OMV obserwowano wyższą zawartość fosfolipidów i lipidów oraz niższą zawartość amidów. Ponadto wykazano, iż nasiona kukurydzy traktowane OMV kiełkowały w większej ilości w stosunku do nasion traktowanych zawiesiną bakterii *Serratia*. Dodatkowo nasiona inokulowane *Fusarium culmorum* w połączeniu z OMV *Serratia* lepiej kiełkowały niż te traktowane samym fitopatogenem, co może świadczyć o potencjalnej roli ochronnej OMV w infekcji grzybowej. Na podstawie analizy proteomu cargo OMV stwierdzono obecność białek efektorowych, co może sugerować istotną rolę OMV w komunikacji bakteria – roślina.

Badania częściowo finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki (NCN); nr grantu 2020/37/B/NZ8/00855 (OPUS 19).

Characterization of outer membrane vesicles (OMVs) secreted by endophytic *Serratia* sp. bacteria and their potential impact on maize fitness

Katarzyna Kasperkiewicz¹, Kamil Malik¹, Joanna Depciuch², Katja Witzel³, Irina Bodnaruk¹, Małgorzata Pawlik¹, Izabela Potocka¹, Magdalena Noszczyńska¹, Małgorzata Rudnicka¹, Piotr Siupka¹, Monika Malicka¹, Zofia Piotrowska-Seget¹

¹ Institute of Biology, Biotechnology and Environmental Protection, Faculty of Natural Sciences, University of Silesia in Katowice, Poland

² Institute of Nuclear Physics, Polish Academy of Sciences, Kraków, Poland

³ Department of Biochemistry and Molecular Biology, Medical University of Lublin, Poland

Outer Membrane Vesicles (OMVs) are spherical structures released from the cell surface of Gram-negative bacteria. They can contain proteins, genetic material (DNA, RNA), secondary metabolites, signaling molecules, and enzymes, such as cellulases, that degrade plant cell walls. These structures play an important role in intercellular signaling, regulation of gene expression, and modulation of physiological processes. In this study, endophytic *Serratia* bacteria were shown to secrete vesicles ranging in size from 20 to 300 nm. Analyses using Raman and FTIR spectroscopy revealed differences in membrane structure between OMVs and *Serratia* bacteria, with higher phospholipid and lipid content and lower amide content observed in OMVs. It was demonstrated that corn seeds treated with OMVs germinated more successfully compared to seeds treated with a suspension of *Serratia* bacteria. Additionally, seeds inoculated with *Fusarium culmorum* in combination with *Serratia* OMVs germinated better than those treated with the phytopathogen alone, indicating a potential protective role for OMVs in fungal infection. Proteomic analysis of OMV cargo identified effector proteins, suggesting an important role for OMVs in bacterial-plant communication.

This study was supported by the National Science Centre in Poland (NCN); grant number 2020/37/B/NZ8/00855 (OPUS 19).

Zanieczyszczenia farmaceutyczne i mikrobiologiczne ścieków i wód powierzchniowych – zintegrowana analiza ekohydrologiczna zlewni

Edyta Kiedrzyńska^{1,2}, Marcin Kiedrzyński³, Monika Harnisz⁴,
Katarzyna Jaszczyszyn¹, Dominika Piwowarska^{1,2}, Damian Rolbiecki¹,
Liliana Serwecińska¹, Natalia Matwiej¹, Ewa Korzeniewska⁴, Kornelia Stefaniak⁴

¹ Europejskie Regionalne Centrum Ekohydrologii Polskiej Akademii Nauk

² Uniwersytet Łódzki, Katedra UNESCO Ekohydrologii i Ekologii Stosowanej

³ Uniwersytet Łódzki, Katedra Biogeografii, Paleoeologii i Ochrony Przyrody

⁴ Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

⁵ Uniwersytet Łódzki, Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych

Transfer do środowiska mikrozanieczyszczeń stanowi nowe, globalne wyzwanie. Mikrozanieczyszczenia, w tym farmaceutyki i mikroplastik oraz zanieczyszczenia mikrobiologiczne (bakterie odporne na antybiotyki – ARB i geny oporności na antybiotyki – ARG), a także związki biogenne (fosfor, azot) mogą przedostawać się do środowiska wodnego z oczyszczalni ścieków (OŚ). W zlewni Pilicy (największy lewostronny dopływ Wisły) prowadzone są kompleksowe badania ekohydrologiczne i mikrobiologiczne dotyczące jakości odprowadzanych ścieków i ich wpływu na zanieczyszczenie rzeki na całej jej długości. Badania wykazały, że małe oczyszczalnie ścieków (< 2000 RLM) są głównymi źródłami rozprzestrzeniania się zanieczyszczeń farmaceutykami, drobinami mikroplastiku i zanieczyszczeń mikrobiologicznych, w tym bakterii kałowych, *Acinetobacter* spp. opornych na karbapenemy oraz genów opornych na antybiotyki (ARGs). W celu redukcji zanieczyszczeń należy wprowadzać nowe technologie oczyszczania i higienizacji ścieków oraz monitoringu parametrów chemicznych wody w trybie ciągłym między innymi poprzez zastosowanie autonomicznych sond fonicznych.

Badania realizowano w ramach projektów: 1) Narodowego Centrum Nauki – nr 2021/43/B/ST10/01076; 2) Narodowego Centrum Nauki – nr 2015/19/B/ST10/02167; 3) Narodowego Centrum Badań i Rozwoju HYDROSTRATEG1/000E/2022.

Pharmaceutical and microbiological contaminants in wastewater and surface water – Integrated ekohydrological analysis of the watershed

The transfer of microcontaminants into the environment poses a new global challenge. Microcontaminants, including pharmaceuticals and microplastics, as well as microbiological pollutants (antibiotic-resistant bacteria – ARB and antibiotic resistance genes – ARGs), and biogenic compounds (phosphorus, nitrogen), can enter the aquatic environment from wastewater treatment plants (WWTPs). In the Pilica River basin (the largest left-bank tributary of the Vistula River), comprehensive ekohydrological and microbiological studies are being conducted to assess the quality of discharged wastewater and its impact on river pollution along its entire length. Studies have shown that small wastewater treatment plants (< 2000 PE) are the main sources of pharmaceutical contamination, microplastic particles, and microbiological pollutants, including fecal bacteria, carbapenem-resistant *Acinetobacter* spp., and antibiotic resistance genes (ARGs). To reduce contamination, there is a need to implement new wastewater treatment and sanitation technologies, as well as continuous monitoring of chemical water parameters, including the use of autonomous photonic probes.

Podejście „Jedno zdrowie” w ujednoliconym monitoringu pozostałości antybiotyków, genów antybiooporności i oporności na metale ciężkie w środowisku wodnym Bałtyku (BALTIC-AMR)

Ewa Kotlarska¹, Grzegorz Siedlewicz¹, Elias Eger², Sebastian Guenther³,
Karsten Becker⁴, Evgeny A. Idelevich⁴, Tanel Tenson⁵, Jonas Bonnedahl⁶,
Jonas Waldenström⁷, Katharina Schaufler^{2,8}

¹ Instytut Oceanologii Polskiej Akademii Nauk w Sopocie

² Epidemiology and Ecology of Antimicrobial Resistance, Helmholtz Institute for One Health, Helmholtz Centre for Infection Research HZI, Greifswald, Germany

³ Pharmaceutical Biology, Institute of Pharmacy, University of Greifswald, Greifswald, Germany

⁴ Friedrich Loeffler-Institute of Medical Microbiology, University Medicine Greifswald, Greifswald, Germany

⁵ Institute of Technology, University of Tartu, Tartu, Estonia

⁶ Department of Biomedical and Clinical Sciences, Linköping University, Linköping, Sweden

⁷ Department of Biology and Environmental Science, Linnaeus University, Kalmar, Sweden

⁸ University Medicine Greifswald, Greifswald, Germany

Aby stawić czoła poważnemu zagrożeniu, jakim jest oporność na środki przeciwdrobnoustrojowe (z ang. AMR – *antimicrobial resistance*), musimy wdrożyć znormalizowane i holistyczne podejście „Jedno Zdrowie” (One Health), łączące zdrowie ludzi i zwierząt z jakością środowiska. Chociaż bakterie AMR i geny oporności występują zarówno w medycynie, weterynarii, jak i w środowisku, nadal nie wyjaśniono w pełni, czy i w jaki sposób dochodzi do wymiany informacji genetycznej między mikroorganizmami oraz jakie metodologie i wskaźniki należy stosować. W prezentowanym projekcie planowane jest opracowanie racjonalnej strategii obejmującej różne państwa członkowskie wokół Morza Bałtyckiego, która pozwoli w holistyczny sposób analizować i przeciwdziałać temu zjawisku. Badania obejmować będą próbki ścieków, wody morskiej i odchodów dzikiego ptactwa wodnego analizowane pod kątem występowania i szczegółowej charakterystyki bakterii opornych na środki przeciwdrobnoustrojowe i genów oporności, detekcję mikroorganizmów patogennych przenoszonych przez wodę oraz oznaczenie pozostałości środków przeciwdrobnoustrojowych i metali ciężkich. Wykorzystując dane dotyczące śledzenia dzikich ptaków i dostępną infrastrukturę nadzoru ptaków, a także opracowując szybką metodę wykrywania oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe w patogenach przenoszonych drogą wodną, dążymy do perspektywnego informowania o odpowiednich gatunkach wskaźnikowych dzikiego ptactwa i procedur: pobierania próbek wody i analiz dla znormalizowanego i wiarygodnego nadzoru oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe w kontekście One Health.

Projekt nr 2023/05/Y/NZ9/00169 finansowany przez Narodowe Centrum Nauki w ramach współpracy z siecią JPIAMR – Joint Programming Initiative on Antimicrobial Resistance.

Standardized One Health surveillance of antibiotic residues and antibiotic and heavy metal resistance in Baltic water environments and wild birds (BALTIC AMR)

To face the serious threat of antimicrobial resistance (AMR), we need to perform standardized and holistic approaches that combine efforts in the three major One Health disciplines: human, animal, and environmental health. While it is well-known that AMR bacteria and AMR genes occur in each of these dimensions, it remains to be fully elucidated how exactly the environment and wildlife contribute to the contamination of clinical and non-clinical settings, how they are connected, and which methodologies and indicators to use. Here, we plan to establish a rational surveillance strategy that includes different member states around the Baltic Sea to investigate (waste)water and wild bird fecal samples for the occurrence and detailed characteristics of AMR bacteria, AMR genes, AMR in water-borne pathogens, and antimicrobial and heavy metal residues. By also leveraging wild bird tracking data and available bird surveillance infrastructure as well as developing a rapid AMR detection method for water-borne pathogens, we aim at prospectively informing on suitable wild bird indicator species and water sampling/analysis procedures for a standardized and reliable AMR surveillance in the One Health context.

This project 2023/05/Y/NZ9/00169 has been supported by National Science Centre under the framework of the JPIAMR – Joint Programming Initiative on Antimicrobial Resistance.

Mikrobiom jelitowy a stan ludzkiego organizmu

Maria Krajewska

Politechnika Bydgoska im. J. J. Śniadeckich

Mikrobiom jelitowy jest niezwykle istotny nie tylko dla procesów trawiennych, wchłaniania i ogólnego metabolizmu, lecz także dla prawidłowego przebiegu szeregu procesów życiowych organizmu. Prawidłowa struktura ilościowa, jak i jakościowa mikrobioty jelitowej warunkuje zachowanie homeostazy organizmu ludzkiego. Wśród najważniejszych drobnoustrojów stanowiących mikrobiom jelitowy człowieka należy wymienić m.in. *Bacteroides*, *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Clostridium*, *Enterococcus*, *Veillonella* czy *Enterobacteriaceae*. Ich liczebność jest zmienna i zależy zarówno od fizjologicznych procesów organizmu, jak i stylu życia. Jednak najbardziej niekorzystnymi czynnikami dla mikrobiomu jelitowego człowieka są: nieprawidłowa, uboga w błonnik dieta, nadużywanie antybiotyków, przewlekłe stosowanie inhibitorów pompy protonowej i niesteroidowych leków przeciwzapalnych, a także silny stres, spożywanie alkoholu oraz skażenie środowiska i żywności. Zachowanie prawidłowej mikrobioty w jelitach warunkuje poprawne działanie przewodu pokarmowego, układu immunologicznego, metabolizmu, układu nerwowego oraz psychiki człowieka i procesów neurorozwojowych. W ostatnich latach mocno podkreślany jest związek składu mikrobiomu jelitowego z występowaniem konkretnych chorób. Doniesienia naukowe sugerują, że zaburzenia w jego obrębie są powiązane ze zwiększonym ryzykiem występowania chorób sercowo-naczyniowych, autoimmunologicznych, nowotworów, zespołu metabolicznego, alergii czy autyzmu. Powtarzające się zaburzenia mikrobiomu mogą także doprowadzać do bezsenności, depresji i zwiększonej wrażliwości na ból.

The gut microbiome and the state of the human body

The gut microbiome is extremely important, not only for digestive processes, absorption and overall metabolism, but also for the normal course of a number of vital processes of the body. The correct quantitative as well as qualitative structure of the intestinal microbiota determines the maintenance of homeostasis of the human body. Among the most important microorganisms constituting the human intestinal microbiome are *Bacteroides*, *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Clostridium*, *Enterococcus*, *Veillonella* or *Enterobacteriaceae*. Their abundance is variable and depends on both the physiological processes of the body and lifestyle. However, the most unfavorable factors for the human intestinal microbiome are an unhealthy, low-fiber diet, overuse of antibiotics, chronic use of proton pump inhibitors and non-steroidal anti-inflammatory drugs, as well as severe stress, alcohol consumption and environmental and food contamination. Maintaining a normal microbiota in the gut determines the proper functioning of the gastrointestinal tract, immune system, metabolism, nervous system and human psyche and neurodevelopmental processes. In recent years, the link between the composition of the gut microbiome and the occurrence of specific diseases has been strongly emphasized. Scientific reports suggest that disorders within it are linked to an increased risk of cardiovascular disease, autoimmune diseases, cancer, metabolic syndrome, allergies or autism. Repeated disruption of the microbiome can also lead to insomnia, depression and increased sensitivity to pain.

Endofity ciemnoseptalne i ich potencjał we wspomaganium wzrostu roślin w środowisku zanieczyszczonym WWA

Monika Malicka, Franco Magurno, Krystyna Gruszka, Zofia Piotrowska-Seget

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

Endofity ciemnoseptalne (DSE) to fakultatywne grzyby symbiotyczne obficie kolonizujące rośliny narażone na suszę, zasolenie i zanieczyszczenia. Porównaliśmy bioróżnorodność DSE w korzeniach roślin pobranych ze środowiska skażonego WWA oraz z niezanieczyszczonego miejsca referencyjnego. Zanieczyszczenie gleby nie miało wpływu na bogactwo gatunkowe grzybów, lecz sprzyjało ich większej bioróżnorodności funkcjonalnej. Punktowe występowanie zanieczyszczeń sprzyjało niejednorodnemu występowaniu DSE, które kolonizowały z dużą intensywnością tylko kilka badanych roślin. Kolonizacja DSE w miejscu niezanieczyszczonym była bardziej jednorodna. Na podstawie tolerancji WWA i potencjału katabolicznego, izolat DSE: *Paraphoma chrysanthemicola* został wybrany do badania potencjału DSE we wspomaganium wzrostu roślin oraz redukcji stresu oksydacyjnego i aktywności antyoksydacyjnej w ich tkankach w warunkach skażenia WWA. Rośliny i grzyby hodowano w nieorganicznym podłożu MSR bez sacharozy lub w doniczkach nawożonych organicznym źródłem C, N i P. *P. chrysanthemicola* osłabił wzrost roślin hodowanych w nieskażonym (NC) podłożu MSR oraz nie wywarł żadnego efektu na rośliny hodowane w nieskażonych doniczkach. Pozytywny wpływ inokulacji *P. chrysanthemicola* na rośliny odnotowano w obecności zanieczyszczeń, w obu wariantach eksperymentalnych.

Badania finansowane z projektu NCN SONATA18 2022/47/D/NZ8/0343.

Dark septate endophytes and their potential to improve plant growth in a PAH-contaminated environment

Dark septate endophytes (DSEs) are facultative fungal symbionts that commonly colonize plants affected by drought, high salinity and pollution. We compared the DSE biodiversity in the roots of plants inhabiting a PAH-contaminated environment and an uncontaminated reference site. Soil contamination had no effect on fungal species richness but supported the functional fungal diversity. The presence of contamination spots caused a patchy DSE occurrence that colonized intensively only few studied plants. DSEs colonization at the uncontaminated site was more uniform. *Paraphoma chrysanthemicola* was a DSE isolate selected, based on its hydrocarbon tolerance and catabolic potential, to inoculate *Lolium perenne* to study the potential of DSE to improve the growth, reduce oxidative stress, and support antioxidative activity in plants affected by PAHs. Plants and fungi were cultured in an inorganic MSR medium without sucrose or in pots fertilized with organic C, N and P source. *P. chrysanthemicola* decreased the growth of plants cultured in non-contaminated (NC) MSR medium and had no effect on plants cultured in NC pots. The positive effect of inoculation with *P. chrysanthemicola* on plants was reported in the presence of contaminants in both experimental variants.

The research was funded by the NCN project SONATA18 2022/47/D/NZ8/0343.

Charakterystyka i właściwości elicytorowe polimerów otrzymanych z hodowli szczepu *Trichoderma koningiopsis*

Artur Nowak¹, Kamila Wlizło¹, Iwona Komaniecka²,
Justyna Kapral-Piotrowska³, Jolanta Jaroszuk-Ściśeł¹

¹ Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej,

² Katedra Genetyki i Mikrobiologii, ³ Katedra Anatomii Funkcjonalnej i Cytobiologii, UMCS,
Akademicka 19, 20-033 Lublin, Poland

Gatunki należące do rodzaju *Trichoderma* spp. są mykopasożytniczymi grzybami występującymi szeroko w środowisku. Wykazują one różne złożone bezpośrednie lub pośrednie mechanizmy przeciwko grzybom fitopatogenicznym. Wpływ bezpośredni obejmuje syntezę enzymów degradujących ścianę komórkową, antybiotyków lub konkurencję o niszę, natomiast pośredni polega na indukcji odporności roślin poprzez związki elicytorowe. Przykładem tego typu związków są polimery zewnątrzkomórkowe (EPS) oraz ścianaowe (WPS). W badaniach wykorzystano szczep *Trichoderma koningiopsis* TK3Ag0, który jest zdolny do syntezy EPS na podłożu Czapek-Dox z 3% sacharozą i 0,75% ekstraktem drożdżowym. Uzyskana z hodowli grzybnia posłużyła jako źródło polimerów ścianaowych: frakcja rozpuszczalna w wodzie na zimno (WPSZ), frakcja rozpuszczalna w wodzie na gorąco (WPSC) i frakcja alkaliczna (WPSNaOH). Uzyskane polimery poddano analizie GC-MS, typu wiązań, wielkości frakcji oraz mikroskopii TEM i fluoroscencyjnej. Uzyskane frakcje EPS i WPS w stężeniach 0,05% i 0,1% wykorzystano do stymulacji szlaków odporności pszenicy. Zastosowano stymulacje pojedynczą oraz podwójną. Uzyskane PS wykazywały zdolność do zwiększania aktywności enzymów ze szlaku fenylpropanoidowego, antyoksydacyjnych, białek PR oraz zaangażowanych w metabolizm fenoli i poliamin.

Badania zostały finansowane z grantu NCN Miniatura 6 (2022/06/X/NZ9/00569).

Characterisation and elicitor properties of polymers obtained from cultures of the *Trichoderma koningiopsis*

Species of the genus *Trichoderma* spp. are mycoparasitic fungi that are widely distributed in the environment. They exhibit several complex direct or indirect mechanisms against phytopathogenic fungi. Direct effects include the synthesis of cell wall degrading enzymes, antibiotics or niche competition, while indirect effects include the induction of plant resistance by elicitor compounds. Examples of such compounds are extracellular polymers (EPS) and wall polymers (WPS). In this study, we used *Trichoderma koningiopsis* strain TK3Ag0, which is capable of synthesising EPS, on Czapek-Dox medium containing 3% sucrose and 0.75% yeast extract. The mycelium obtained from the culture served as a source of wall polymers: a cold water soluble fraction (WPSZ), a hot water soluble fraction (WPSC) and an alkaline fraction (WPSNaOH). The obtained polymers were analysed by GC-MS, bond type, fraction size, TEM and fluorescence microscopy. The obtained EPS and WPS fractions at concentrations of 0.05% and 0.1% were used to stimulate wheat resistance pathways. Single and double stimulations were applied. The PS obtained showed the ability to increase the activity of phenylpropanoid pathway enzymes, antioxidant enzymes, PR proteins and those involved in phenol and polyamine metabolism.

The research was funded by NCN grant Miniatura 6 (2022/06/X/NZ9/00569).

Probiotyczne czynniki do biokontroli zgnilca amerykańskiego – groźnej choroby bakteryjnej larw rodzin pszczoły miodnej

Piotr Nowotnik¹, Paweł Chorbiński², Paweł Migdał³

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Epizootiologii z Kliniką Ptaków i Zwierząt Egzotycznych, Zakład Chorób Zakaźnych Zwierząt i Administracji Weterynaryjnej

Rodzinom pszczelim, które należą do biocenozy, nieustannie zagraża bakteryjna choroba larw zwana zgnilcem amerykańskim, wywoływana przez laseczki *Paenibacillus larvae*. Obecny stan prawny uniemożliwia włączenie farmakoterapii, a jedyne zwalczanie choroby opiera się na fizycznej eradykacji zakażonych rodzin z polecenia PIW. Zbadano aktywność przeciwdrobnoustrojową wybranych bakterii o potwierdzonym potencjale probiotycznym, które mogłyby zmniejszyć presję zgnilca amerykańskiego poprzez wspieranie rozwoju mikrobiomu larw konkurującego i blokującego nadmierne namnażanie się i wytwarzanie endospor *P. larvae*. Badano aktywność przeciwdrobnoustrojową inokulantów wybranych szczepów należących do gatunków: *Bacillus pumilus*, *Bacillus licheniformis*, *Streptomyces narbonensis*, *Lysinibacillus fusiformis*, *Levilactobacillus brevis*, *Bacillus megaterium* wobec *Paenibacillus larvae* ATCC 9545 oraz *Paenibacillus larvae* CCUG 48973. Analizy wykonywane były za pomocą metody studzienkowo-dyfuzyjnej według standardów EUCAST z modyfikacjami wynikającymi ze specyfiki użytych bakterii. Największą strefę zahamowania wzrostu *P. larvae* potwierdzono przy: *S. narbonensis*, *B. licheniformis*, *B. megaterium*, średnią aktywność zaobserwowano przy *L. brevis* i *B. pumilus*. Znikomą aktywność wykazał *L. fusiformis*. Dostrzeżono różnice w oporności szczepów wskaźnikowych *P. larvae* oraz pomiędzy użytymi pożywkami i nośnikami.

Probiotic agents for the biocontrol of American foulbrood (AFB) – a dangerous bacterial disease of honey bee larvae

Bee colonies that belong to the biocenosis are constantly threatened by the bacterial larvae disease called American foulbrood, caused by *Paenibacillus larvae*. The current state of the law prevents the inclusion of pharmacotherapy in the treatment and the only control is based on physical eradication of infected colonies by order of the Vet. The purpose of this study was to investigate the antimicrobial activity of selected bacteria with proven probiotic potential that could reduce American foulbrood pressure by promoting the development of the larvae microbiome that competes with and blocks the excessive proliferation and production of *P. larvae* endospores. The antimicrobial activity of inoculants of selected strains was studied: *B. pumilus*, *B. licheniformis*, *S. narbonensis*, *L. fusiformis*, *L. brevis*, *B. megaterium* against *P. larvae* ATCC 9545 and *P. larvae* CCUG 48973. Analyses were performed by the well-diffusion method according to EUCAST standards with modifications due to the specificity of the bacteria used. The largest zone of growth inhibition of *P. larvae* was confirmed with: *S. narbonensis*, *B. licheniformis*, *B. megaterium*, medium activity was observed with *L. brevis* and *B. pumilus*. Negligible activity was shown by *L. fusiformis*. Differences were noticed in the resistance of indicator strains of *P. larvae* and between the media and carriers used.

Oporności na substancje przeciwbakteryjne u *Escherichia coli* izolowanych z różnych grup ekologicznych dzikich ptaków w centralnej Polsce

Kinga Ożga¹, Ilona Sadok², Daniel Klich³, Marta Gałązka^{4,5}, Rafał Łopucki¹

¹ Katedra Biomedycyny i Badań Środowiskowych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1J, 20-708 Lublin

² Katedra Chemii, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1J, 20-708 Lublin

³ Katedra Genetyki i Ochrony Zwierząt, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, ul. Ciszewskiego 8, 02-786 Warszawa

⁴ Katedra Higieny Żywności i Ochrony Zdrowia Publicznego, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa

⁵ Miejski Ogród Zoologiczny w Warszawie, ul. Ratuszowa 1/3 03-461 Warszawa

Dzikie ptaki mogą być wektorami rozprzestrzeniania mikroorganizmów opornych na substancje przeciwdrobnoustrojowe, co może mieć potencjalne znaczenie dla ochrony zdrowia publicznego, szczególnie na gęsto zaludnionych terenach miejskich. W prezentowanej pracy badano oporność na wybrane antybiotyki i chemioterapeutyki u bakterii (*Escherichia coli*) wyizolowanych z przewodów pokarmowych 47 gatunków dzikich ptaków z terenu centralnej Polski. Badane ptaki należały do grup ekologicznych różniących się rodzajem zamieszkiwanych siedlisk, preferencjami pokarmowymi i stopniem synurbizacji. Oporność na użyte środki przeciwdrobnoustrojowe obserwowano średnio u 10% analizowanych izolatów *E. coli* (w zakresie od 0 do 30%). Uzyskane wyniki dotyczące prewalencji oporności przeanalizowano z uwzględnieniem wymagań ekologicznych badanych gatunków ptaków oraz porównano z prewalencją oporności indukowaną innymi czynnikami środowiskowymi.

Antimicrobial resistance of *Escherichia coli* isolated from different ecological groups of wild birds in Central Poland

Wild birds can act as vectors for the spread of microorganisms resistant to antimicrobial substances, which may have significant implications for public health, especially in densely populated urban areas. This study investigated resistance to selected antibiotics and chemotherapeutics in bacteria (*Escherichia coli*) isolated from the gastrointestinal tracts of 47 species of wild birds in central Poland. The birds studied belonged to different ecological groups, varying in habitat type, dietary preferences, and degree of synurbization. Resistance to the antimicrobial agents used was observed on average in 10% of the analyzed *E. coli* isolates, with a range from 0% to 30%. The prevalence of resistance obtained in this study was analyzed concerning the ecological requirements of the bird species studied and compared with the prevalence of resistance induced by other environmental factors.

Ekotoksykologiczne aspekty występowania zamaskowanych mykotoksyn w środowisku i żywności

Anna Pikulicka¹, Wiesław Barabasz²

¹ Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Jarosławiu

² Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Przemyślu

Występowanie mykotoksyn w żywności, paszach i środowisku jest problemem ogólnie znanym i badanym w licznych laboratoriach na całym świecie. To, że mają one negatywny wpływ na wszystkie organizmy żywe, też jest znane i badane pod kątem ich toksycznych właściwości, warunków tworzenia, działania i sposobów neutralizacji. Ale w ostatnich kilku latach pojawił się nowy problem związany z inną formą ich występowania, który związany jest z nowo odkrytym sposobem neutralizacji ich toksycznego działania przeprowadzanym przez niektóre rośliny, w tym zboża. Stwierdzono, że rośliny w wyniku procesu glikolizacji przyłączają do aktywnych mykotoksyn cząsteczkę glukozy, co neutralizuje ich toksyczne działanie i w tej formie jako zamaskowane mykotoksyny są nieszkodliwe dla roślin. Jednakże po dostaniu się wraz z pokarmem lub paszą do organizmu ludzkiego lub zwierzęcego glukoza jest szybko oddzielana i wykorzystana, a zamaskowana mykotoksyna odzyskuje swoje toksyczne właściwości. Obecność zamaskowanych mykotoksyn w żywności i paszach powoduje olbrzymie problemy analityczne, bo tak zmodyfikowane mykotoksyny są trudne do wykrycia i potrzebna jest specjalistyczna aparatura. Należy również zaznaczyć, że jak na razie nie są one objęte żadnymi normami.

Ecotoxicological aspects of the occurrence of masked mycotoxins in the environment and food

The occurrence of mycotoxins in food, feed and the environment is a generally known problem and researched in numerous laboratories around the world. The fact that they have a negative impact on all living organisms is also known and researched in terms of their toxic properties, conditions of creation, action and methods of neutralization. But in the last few years, a new problem has emerged related to a different form of their occurrence, which is related to the newly discovered way of neutralizing their toxic effects carried out by some plants, including cereals. It was found that, as a result of the glycolization process, plants attach a glucose molecule to active mycotoxins, which neutralizes their toxic effect and in this form, as masked mycotoxins, they are harmless to plants. However, after entering the human or animal body along with food or feed, glucose is quickly separated and used, and the masked mycotoxin regains its toxic properties. The presence of masked mycotoxins in food and feed creates huge analytical problems because such modified mycotoxins are difficult to detect and specialized equipment is needed. It should also be noted that they are not covered by any standards yet.

Monitoring jakości wód – analiza genomów *Klebsiella pneumoniae* izolowanych z wód powierzchniowych i ocena powiązania klinicznego

Damian Rolbiecki¹, Edyta Kiedrzyńska^{1,2}, Marcin Kiedrzyński³,
Monika Harnisz⁴

¹ Europejskie Regionalne Centrum Ekohydrologii Polskiej Akademii Nauk

² Uniwersytet Łódzki, Katedra UNESCO Ekohydrologii i Ekologii Stosowanej

³ Uniwersytet Łódzki, Katedra Biogeografii, Paleoekologii i Ochrony Przyrody

⁴ Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Inżynierii Ochrony Wód
i Mikrobiologii Środowiskowej

Stały monitoring jakości wód i ścieków pod kątem zanieczyszczenia związkami biogennymi oraz zanieczyszczeniami mikrobiologicznymi jest bardzo istotny. Rozprzestrzenianie bakterii silnie związanych ze środowiskiem klinicznym może zachodzić poprzez uwalnianie ścieków do wód powierzchniowych. W pracy przeanalizowano dostępne genomy *K. pneumoniae* izolowane z wód powierzchniowych na świecie. Analiza genomów pozwoliła na wytypowanie izolatów należących do typu sekwencyjnego ST11 jako najważniejszych z punktu widzenia zagrożenia zdrowia ludzkiego, u których wykrywano ważne determinanty lekooporności, kluczowe czynniki wirulencji oraz silne powiązania z izolatami klinicznymi. Analiza powiązań klinicznych wykazała, że obecność ST11 w wodach powierzchniowych może być związana z ogniskami klinicznymi, a nabywanie genów lekooporności przez *K. pneumoniae* następuje w lokalnych ośrodkach medycznych, skąd bakterie mogą przenikać do środowiska naturalnego.

Badania finansowane z projektów NCN OPUS 22 2021/43/B/ST10/01076 oraz NCBR HYDROSTRATEG1/000E/2022.

Water quality monitoring – analysis of *Klebsiella pneumoniae* genomes isolated from surface waters and assessment of clinical association

Continuous monitoring of water and sewage quality for biogenic compounds and microbiological contaminants is crucial, particularly to prevent the spread of bacteria from clinical environments through sewage discharge into surface waters. A study examined *K. pneumoniae* genomes from surface waters worldwide and found that isolates belonging to the ST11 sequence type pose the greatest threat to human health due to their drug resistance, virulence factors, and strong ties to clinical strains. Analysis of clinical data suggests that the presence of ST11 in surface waters may be linked to local clinical outbreaks, and drug resistance genes are acquired by *K. pneumoniae* in local medical centers before being released into the natural environment.

Research financed by NCN OPUS 22 project 2021/43/B/ST10/01076 and NCBR project HYDROSTRATEG1/000E/2022.

Fenotypowa i oparta na sekwencji całego genomu charakterystyka szczepów *Listeria monocytogenes* izolowanych z żywności i materiału klinicznego

Krzysztof Skowron¹, Natalia Wiktorczyk-Kapischke¹,
Ewa Wałęcka-Zacharska², Jakub Korkus², Jovana Kovacevic³, Kathrin Rychli⁴,
Nadja Pracser⁴, Katarzyna Grudlewska-Buda¹, Anna Budzyńska¹

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

² Katedra Higieny Żywności i Ochrony Zdrowia Konsumenta, Uniwersytet Przyrodniczy
we Wrocławiu, Polska

³ Food Innovation Center, Oregon State University, Portland, United States

⁴ Unit of Food Microbiology, Institute for Food Safety, Food Technology and Veterinary Public
Health, University of Veterinary Medicine Vienna, Austria

Listeria monocytogenes to Gram-dodatnie pałeczki, które szybko adaptują się do trudnych warunków środowiskowych. Przeprowadzono badania w celu oceny wpływu czynników stresowych na wzrost, przeżywalność i wirulencję *L. monocytogenes* izolowanych z żywności (n = 60) i materiału klinicznego (n = 20). Zidentyfikowano 50 różniących się genetycznie szczepów, z których 62,0% należało do serogrupy 1/2a-3a. U 60,0% wykazywano obecność 10 poszukiwanych genów wirulencji. Odpowiedź na stresory środowiskowe (zasolenie, pH, temperatura, dostępność substancji odżywczych) była zależna od szczepu i pochodzenia izolatów. Sekwencjonowanie całych genomów (WGS) obejmujące 10 wybranych szczepów wykazało obecność wysp patogenności (LIPI-1, 100%) oraz wysepek przetrwania stresu (SSI-1, 60%). Ponadto stwierdzono obecność plazmidów związanych z odpowiedzią na stres cieplny, zasolenie i kwasowość, a także genów oporności na środki dezynfekujące, takich jak *cadA1*, *cadA2* oraz *bcrABC*.

Phenotypic and whole genomics sequence based characterization of *Listeria monocytogenes* strains isolated from food and clinical material

Listeria monocytogenes is a Gram-positive rod that rapidly adapts to harsh environmental conditions. A study was conducted to assess the impact of stress factors on the growth, survival, and virulence of *L. monocytogenes* isolated from food (n = 60) and clinical material (n = 20). 50 genetically distinct strains were identified among which 62.0% belonged to serogroup 1/2a-3a. 60.0% exhibiting the presence of 10 targeted virulence genes. The response to environmental stressors (salinity, pH, temperature, nutrient availability) varied depending on the strain and origin of the isolates. Whole-genome sequencing of 10 selected strains revealed the presence of pathogenicity islands (LIPI-1, 100%) and stress survival islets (SSI-1, 60%). Additionally, plasmids related to responses to heat, salinity, and acidity, as well as genes conferring resistance to disinfectants such as *cadA1*, *cadA2*, and *bcrABC*, were identified.

Biomasa owocników grzybów wyższych jako potencjalny adsorbent w eliminacji bisfenolu A ze środowiska wodnego

Kamila Wlizło¹, Marek Siwulski², Adrian Wiater¹

¹ Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej,
ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

² Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Biotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu,
ul. Wojska Polskiego 28, 60-594 Poznań

Bisfenol A (BPA) to powszechnie występujący w środowisku związek endokrynnie czynny, stanowiący realne zagrożenie dla równowagi ekosystemów wodnych oraz zdrowia człowieka. Przedstawione badania dotyczą oceny możliwości zastosowania biomasy owocników grzybowych jako sorbentów BPA. Homogenaty owocników 50 gatunków grzybów poddano inkubacji z roztworem BPA w stężeniu $100 \text{ mg}\cdot\text{dm}^{-3}$ i spektrofotometrycznie oceniono procentowy spadek stężenia BPA w pozostałym supernatancie. Wybrane homogenaty zbadano następnie pod kątem wpływu warunków inkubacji na wydajność procesu sorpcji, a także oceniono możliwości ich wielokrotnego stosowania, regeneracji oraz szacunkowe objętości wody możliwej do oczyszczenia z BPA przy ich udziale. Wyniki wykazały, iż badane homogenaty stanowią sorbenty wydajnie i szybko wiążące BPA, działające w szerokim zakresie pH i temperatury. Mimo szybkiego ich wysycenia są podatne na regenerację, zachowując zdolność do ponownego wiązania BPA. Kalkulacje oparte na pojemności sorpcyjnej (do $6,56 \text{ mg}\cdot\text{g}^{-1}$) wskazują na możliwość stosowania badanych sorbentów w oczyszczaniu wody ściekowej ($10,1 \text{ m}^3$), powierzchniowej ($18,7 \text{ m}^3$) oraz pitnej (469 m^3).

Badania realizowano w ramach projektu finansowanego przez Instytutu Nauk Biologicznych Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie (Nr. MN/2023/4).

Higher fungal fruiting bodies biomass as a potential adsorbent in the elimination of bisphenol A from aquatic environment

Bisphenol A (BPA) is commonly present in the environment and is an endocrine-disrupting compound harmful to the aquatic ecosystem balance and human health. Therefore, the aim of this study was to verify the possibility of fungal fruiting bodies biomass as sorbents in BPA elimination. Homogenates of 50 fungal species were incubated with $100 \text{ mg}\cdot\text{dm}^{-3}$ BPA solution, and the decrease in BPA in the supernatant was measured spectrophotometrically. Selected homogenates were evaluated in terms of the incubation conditions of the sorption process, multiple uses, regeneration, and application in water treatment. The results showed high efficiency of BPA sorption over a short time and a broad range of pH and temperature. Although the sorbents were quickly saturated, they were easily regenerated and maintained their ability to adsorb BPA. Calculations based on a sorption capacity of up to $6.56 \text{ mg}\cdot\text{g}^{-1}$ indicated the possible use of the sorbents in the treatment of wastewater (10.1 m^3), surface water (18.7 m^3), and tap water (469 m^3).

The study was carried out as part of a project financed by the Institute of Biological Sciences of the Maria Curie-Skłodowska University in Lublin, Poland (No. MN/2023/4).

Monitoring szczepów *Listeria monocytogenes* w surowcach, produktach i środowisku zakładów przetwórstwa owocowo-warzywnego

Martyna Zielińska-Tadych, Anna Ligocka

Katedra Mikrobiologii i Technologii Żywności, Wydział Rolnictwa i Biotechnologii,
Politechnika Bydgoska

Nisko przetworzona żywność pochodzenia roślinnego jest szczególnie narażona na skażenie mikrobiologiczne, w tym w zakładach przetwórstwa owocowo-warzywnego, zwłaszcza niebezpieczną dla człowieka bakterią *Listeria monocytogenes*. Celem badań był monitoring zakładów przetwórstwa owocowo-warzywnego pod kątem występowania pałeczek *L. monocytogenes* w próbkach pobranych z surowców, ze środowiska zakładów i z gotowych produktów, a także charakterystyka fenotypowa do serotypu 1/2b-3b. Wszystkie szczepy były wrażliwe na zastosowane środki antybakteryjne. W 37°C 46% badanych szczepów wykazywało silne i bardzo silne zdolności do tworzenia biofilmu. Ponad 30% szczepów charakteryzowało się opornością na wybrane antybiotyki. Analizy pokrewieństwa genetycznego izolatów wskazały, że potencjalną drogą transmisji pałeczek *L. monocytogenes* na teren zakładu były świeże surowce, skąd bakterie trafiały na powierzchnie i elementy linii technologicznych, przyczyniając się do skażenia gotowych produktów. Zastosowane w zakładach zabiegi czyszczenia i dezynfekcji okazały się niewystarczające, aby skutecznie ograniczyć transmisję *L. monocytogenes*. Wyniki badań wskazują, że rozwój bakterii najskuteczniej ograniczały chlorowce oraz związki utleniające. Zaleca się kontynuowanie monitoringu badanych obiektów.

Monitoring of *Listeria monocytogenes* strains in raw materials, products and environment of fruit and vegetable processing plants

Low-processed food of plant origin is particularly exposed to microbiological contamination, including in fruit and vegetable processing plants, especially with the dangerous for human *Listeria monocytogenes* bacterium. The aim of the study was to monitor fruit and vegetable processing plants for the presence of *L. monocytogenes* bacilli in samples taken from raw materials, from the plant environment and from finished products, as well as phenotypic and genotypic characteristics. More than half of the 41 strains belonged to serotype 1/2b-3b. All strains were sensitive to the antibacterial agents used. At 37°C, 46% of the tested strains showed strong and very strong biofilm formation abilities. More than 30% of the strains were resistant to selected antibiotics. Analyses of the genetic relatedness of the isolates indicated that the potential route of transmission of *L. monocytogenes* bacilli to the plant was fresh raw materials, from where the bacteria found their way to surfaces and elements of technological lines, contributing to the contamination of finished products. The cleaning and disinfection procedures used in the plants proved to be insufficient to effectively limit the transmission of *L. monocytogenes*. The research results indicate that the growth of bacteria was most effectively limited by halogens and oxidizing compounds. It is recommended to continue monitoring the tested facilities.



POSTERY

SPIS TREŚCI

Paulina Adamczyk, Aleksandra Król, Michał Kalita, Anna Gromada, Monika Janczarek Analiza filogenetyczna szczepów <i>Rhizobium leguminosarum</i> sv. <i>viciae</i> wyzolowanych z brodawek korzeniowych bobu (<i>Vicia faba</i>)	42
Małgorzata Baćmaga, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski, Agata Borowik Struktura zespołów bakterii i grzybów oraz aktywność enzymatyczna ryzosfery <i>Vicia faba</i> L.	43
Daria Barańska, Jacek Panek, Agata Gryta, Giorgia Pertile, Magdalena Frąć Analiza funkcjonalna genomów szczepów bakterii z rodzaju <i>Bacillus</i> wyzolowanych z kiszonek i produktów mlecznych	44
Kalisza Bogati, Aleksandra Burkowska-But, Patrycja Golińska, Maciej Walczak Wpływ średniookresowej suszy na mikroorganizmy glebowe	45
Edyta Boros-Lajsner, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski Reakcja enzymów glebowych i <i>Festuca rubra</i> na metale ciężkie	46
Barbara Breza-Boruta, Justyna Bauza-Kaszewska, Jakub Biesek Analiza wpływu suchej sanityzacji glinokrzemianowej na jakość mikrobiologiczną ściółki w hodowli drobiu	47
Katarzyna Budzińska, Anita Jurek, Radomir Graczyk Wpływ wybranych dodatków mikrobiologicznych na proces zakiszania oraz jakość kiszzonek z kukurydzy	48
Karol Bulski, Krzysztof Frączek, Marek Ostafin Mikrobiologiczna ocena jakości powietrza w zakładzie przetwórstwa surowców roślinnych	49
Maria J. Chmiel, Michał Szalonek Mykobiom zakładu produkcji opakowań do żywności	50
Katarzyna Czaczyk, Anna Dobrowolska, Katarzyna Zarobkiewicz, Anna Sip Ocena stanu mikrobiologicznego serów wytwarzanych za pomocą metod rzemieślniczych	51
Jacek Długosz, Bożena Dębska, Anna Piotrowska-Długosz Wpływ różnych typów użytkowania rolniczego gleb oraz ich tekstury na zmiany zawartości węgla oraz aktywności enzymów związanych z jego przemianami w profilach czarnych ziem	52

Magdalena Frąć Mikrobiomy gleb i roślin jako kluczowe elementy zdrowych agroekosystemów	53
Anna Gałązka, Anna Marzec-Grządziel, Łukasz Pawlik Ocena bioróżnorodności w procesie biologicznego wietrzenia zwietrzelin skalnych	54
Karolina Gawryjolek, Karolina Furtak Wykorzystanie bakterii z rodzaju <i>Bacillus</i> w rolnictwie	55
Małgorzata Hałat-Łaś, Anna Ambroszczyk, Katarzyna Starzec, Paulina Supel, Paweł Kaszycki Unikalne właściwości szczepu bakterii <i>Bacillus azotofixans</i> AGBA 1007 – składnika aktywnego preparatu „bi azot”	56
Monika Janczarek, Paulina Adameczyk, Anna Gałązka, Anna Marzec-Grządziel Charakterystyka własności metabolicznych ryzobakterii wyizolowanych z brodawek korzeniowych koniczyny czerwonej rosnącej w klimacie subpolarnym i umiarkowanym	57
Karolina Jaros, Jolanta Jaroszuk-Ściśeł, Piotr Sugier, Jaco Vangronsveld, Małgorzata Wójcik Wskaźniki ekofizjologiczne w glebie ryzosferowej sorgo (<i>Sorghum bicolor</i> L.) zanieczyszczonej metalami przy wykorzystaniu dwóch biostymulantów	58
Jolanta Jaroszuk-Ściśeł, Karolina Jaros, Karolina Olech, Piotr Sugier, Anna Słomka, Jaco Vangronsveld, Małgorzata Wójcik Mikrobiota gleby ryzosferowej sorgo (<i>Sorghum bicolor</i> L.) zanieczyszczonej metalami z hałdy odpadów cynkowo-olowiowych	59
Jolanta Joniec, Edyta Kwiatkowska Aktywność mikroorganizmów w glebach zlokalizowanych na terenie Poleskiego Parku Narodowego i jego okolicach, w tym rekultywowanych odpadem pogórnictwem	60
Jolanta Joniec, Edyta Kwiatkowska, Cezary A. Kwiatkowski Wpływ kilkuletniego nawozowego stosowania odpadu popieczarkowego na aktywność mikroorganizmów związaną z przemianami azotu	61
Mirosław Kobierski, Barbara Breza-Boruta Ocena występowania drobnoustrojów uczestniczących w przemianach węgla i azotu po dogłębowej aplikacji gnojowicy	62
Beata Kowalska, Magdalena Szczech, Krzysztof Zachaj Wpływ bakterii <i>Azotobacter salinestris</i> na plon cebuli oraz na mikrobiologiczne parametry gleby	63

Anna Koziróg, Kinga Koszela, Jakub Jastrzębowski Mikroorganizmy w ochronie pszenicy przed porażeniem przez <i>Fusarium</i> sp.	64
Weronika Kursa, Agnieszka Jamiołkowska Wpływ wybranych ekstraktów roślinnych na porażenie liścia flagowego pszenicy ozimej przez <i>Drechslera tritici-repentis</i>	65
Wioleta Lewandowska, Justyna Małgorzata Drewnowska, Monika Zambrzycka Wgląd w filogenezę i antybiotykooporność <i>Pseudomonas</i> spp. z gleby Białowieskiego Parku Narodowego	66
Rafał Łopucki, Ewa Sajnaga, Agnieszka Kalwasińska, Daniel Klich, Ignacy Kitowski, Dagmara Stępień-Pyśniak, Henrik Christensen, Kinga Ożga Zmiany mikrobioty jelitowej u miejskich ssaków w zależności od stopnia zurbanizowania środowiska	67
Wiktoria Maj, Giorgia Pertile, Magdalena Frąć Mikromacierze Biolog™ PM21-25 jako skuteczne narzędzie do oceny odpowiedzi <i>Neosartorya</i> spp. (teleomorfa <i>Aspergillus</i> spp.) na związki azotowe	68
Ariel Marchlewicz Możliwość profilowania sncRNA z wykorzystaniem kinaz polinukleotydowej T4 (T4PNK) i hydroksylazy alfa-ketoglutaranozależnej (AlkB)	69
Mateusz Mącik, Dominika Siegieda, Agata Gryta, Jacek Panek, Beata Feledyn-Szewczyk, Giacomo Pietramellara, Shamina Imran Pathan, Magdalena Frąć Analiza różnorodności genetycznej zbiorowisk mikroorganizmów w warstwach podpowierzchniowych gleby w różnych systemach uprawy zbóż i roślin bobowatych	70
Justyna Mencil, Monika Gąsecka, Marta Molińska-Glura, Agnieszka Mocek-Płóćiniak Zależności między wybranymi związkami fenolowymi a aktywnością mikroorganizmów w glebach użytków zielonych w dolinie rzeki Obry	71
Michał Możejko, Justyna Bohacz Ocena skutków wprowadzenia hydrolizatu keratynowego do różnych typów gleb na podstawie liczebności mikroorganizmów i całkowitej puli DNA	72
Alicja Niewiadomska, Robert Wieczorek, Agnieszka Wolna-Maruwka, Adrianna Kubiak, Dorota Swędrzyńska, Zofia Zydlik Wpływ biofumigacji na mykobiom gleby replantowanej w szkółce drzew owocowych	73

Agnieszka Nowak, Aleksandra Zielińska, Daniel Nowakowski Aktywność przeciwbakteryjna cieklej frakcji powstającej w procesie pirolizy słomy pszennej	74
Artur Nowak, Aleksandra Jezioro, Joanna Wrześniewska, Dominika Jagleniec, Ewa Jezioro, Julia Czerwonka, Justyna Korneluk, Karolina Gołąb, Klaudia Hołub, Magdalena Depa, Magdalena Swat, Oliwia Szykuła Badania szczepów grzybowych wyizolowanych z gleby ryzoferowej rzodkiewki w poszukiwaniu izolatów o potencjale biokontrolnym	75
Bożena Nowak, Daria Chlebek, Katarzyna Hupert-Kocurek Biologiczne trio: bakteryjna ochrona roślin przed patogenami grzybowymi	76
Tetiana Nyzhnyk, Edyta Kiedrzyńska, Marcin Kiedrzyński, Sergii Kots, Maciej Zalewski Jakość wód a rolnictwo: <i>Rhizobia</i> – obiecujące nowoczesne rozwiązania w dobie zmian klimatycznych	77
Anna Otlewska, Klaudia Kowalczyk, Milena Zaciewska Kolorowe mikrofabryki – dobór warunków syntezy karotenoidów z udziałem bakterii	78
Jacek Panek, Daria Barańska, Dominika Siegieda, Giorgia Pertile, Krzysztof Sikorski, Katarzyna Turnau, Magdalena Frąc Analiza funkcjonalna genomu <i>Serendipita indica</i>	79
Małgorzata Pawlik, Monika Malicka, Zofia Piotrowska-Seget MHB (bakterie wspomagające mykoryzę) jako <i>game changer</i> w trójstronnej symbiozie (bakterie – mykoryza – roślina)	80
Anna Piotrowska-Długosz, Jacek Długosz Zmiany profilowe aktywności enzymów przemian fosforu i biomasy mikrobiologicznej w glebach płowych pod wpływem różnych typów użytkowania rolniczego gleb oraz procesów glebotwórczych	81
Marek Selwet Ocena występowania wybranych genów zjadliwości oraz antybiotykooporności <i>Campylobacter jejuni</i> pozyskanych od koni	82
Sylwia Siebielec Opracowanie innowacyjnej technologii wytwarzania wzbogaconych mikrobiologicznie bionawozów wspomagających zrównoważoną produkcję roślinną i jej adaptację do zmian klimatu	83
Anna Sip, Anna Dobrowolska, Katarzyna Zarobkiewicz, Katarzyna Czaczyk Aktywność przeciwdrobnoustrojowa mikrobioty fermentowanych produktów mlecznych	84

Justyna Starzyk	
Ocena stanu mikrobiologicznego oczyszczonych ścieków szarych w kontekście ich wykorzystania do nawadniania roślin	85
Dorota Swędrzyńska, Stanisław Grześ, Alicja Niewiadomska, Arkadiusz Swędrzyński	
Długoterminowy wpływ międzyplonu na właściwości mikrobiologiczne gleby	86
Katarzyna Szałapata, Iwona Mazur, Anna Jarosz-Wilkołazka	
Preparaty dwuskładnikowe o działaniu przeciwdrobnoustrojowym i ich potencjalne zastosowanie w naukach biomedycznych	87
Magdalena Szczech, Beata Kowalska, Magdalena Ptaszek, Anna Jarecka-Boncela, Jolanta Winciorek, Anna Michalska	
Wpływ systemu uprawy na efektywność działania preparatów z grzybami <i>Trichoderma</i>	88
Michał Szopiński	
Biodegradacja leków w środowisku	89
Agata Święciło	
Wpływ DMSO na aktywność metaboliczną drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	90
Daniel Wasilkowski, Oliwia Metryka, Małgorzata Adamczyk-Habrajska, Agnieszka Mrozik	
Wpływ nanocząstek nieorganicznych na strukturę, właściwości i funkcjonowanie bakteryjnej błony komórkowej	91
Kamila Wlizło, Aneta Ptaszyńska, Adam Waśko, Ewa Sajnaga, Marcin Grąż, Klaudia Gustaw, Adrian Wiater	
Ocena wpływu preparatu nigerooligosacharydów na wzrost i aktywność kwasotwórczą bakterii mlekowych związanych ze środowiskiem życia pszczoły miodnej (<i>Apis mellifera</i> L.)	92
Danuta Wojcieszńska, Anna Dzionek, Ariel Marchlewicz, Urszula Guzik	
Wpływ immobilizacji na aktywność metaboliczną bakterii	93
Małgorzata Woźniak, Anna Gałązka	
Wpływ szczepienia nasion bobiku bakteriami endofitycznymi	94
Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski	
Wrażliwość mikroorganizmów i enzymów glebowych na indywidualną i połączoną toksyczność bisfenolu A i cynku	95
Monika Zambrzycka, Marek Bartoszewicz	
Antybiotykooporność <i>Bacillus cereus sensu lato</i> izolowanych z żywności różnego pochodzenia	96

Analiza filogenetyczna szczepów *Rhizobium leguminosarum* sv. *viciae* wyizolowanych z brodawek korzeniowych bobu (*Vicia faba*)

Paulina Adamczyk¹, Aleksandra Król¹, Michał Kalita², Anna Gromada¹,
Monika Janczarek¹

¹ Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, ² Katedra Genetyki i Mikrobiologii,
Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie; paulina.adamczyk@mail.umcs.pl

Rodzaj *Rhizobium* obejmuje bakterie Gram-ujemne, żyjące w symbiozie z roślinami motylkowatymi (*Fabaceae*). Bakterie te indukują tworzenie brodawek korzeniowych na korzeniach makrosymbionta, w których zachodzi proces wiązania azotu cząsteczkowego (N₂) do formy przyswajalnej przez roślinę. Zbadano populację szczepów *R. leguminosarum* zasiedlających brodawki korzeniowe bobu (*Vicia faba*). W celu określenia zróżnicowania genetycznego tych bakterii zastosowano technikę BOX-PCR opartą na PCR i starterze BOX1AR, z wykorzystaniem repetytywnych regionów występujących w genomach bakterii. Mieszaniny uzyskanych ampikonów rozdzielono w elektroforezie z wykorzystaniem żeli agarozowych. Zaobserwowano dużą różnorodność w profilach uzyskanych dla poszczególnych izolatów zarówno pod względem liczby, jak i wielkości fragmentów DNA, wynoszącą od 6 (szczepy 9, 16, 18, 19, 28) do 12 fragmentów (szczepy 11, 12) o długości od 0,75 do 3,5 kpz. Najczęściej powtarzały się ampikony o wielkościach: 1,3, 1,7 i 2,3 kpz. Zidentyfikowano także 3 grupy szczepów o identycznym profilu prążków (pierwsza – 2, 3; druga – 10, 17 19, 20, 28 i trzecia – 16, 26, 27), co potwierdziło, że niektóre profile BOX-PCR były charakterystyczne dla więcej niż jednego szczepu. Uzyskane wyniki wskazują, że mikrosymbionty bobu stanowią zróżnicowaną genetycznie populację bakterii *R. leguminosarum* sv. *viciae*.

Phylogenetic analysis of *Rhizobium leguminosarum* sv. *viciae* strains isolated from broad bean root nodules (*Vicia faba*)

The genus *Rhizobium* includes Gram-negative bacteria that live in symbiosis with legumes (*Fabaceae*). These bacteria induce nodules on macrosymbionts' roots, in which a process of fixation of atmospheric nitrogen (N₂) into a plant-available form takes place. A population of *R. leguminosarum* strains inhabiting broad bean (*Vicia faba*) root nodules was examined. In order to determine a genetic diversity of these bacteria, a BOX-PCR technique based on PCR and BOX1AR primer was used, in which repetitive genomic regions were amplified. Mixtures of obtained amplicons were separated in electrophoresis using agarose gels. A large diversity in respect to both a number and a size of DNA fragments was observed in profiles obtained for individual strains, ranging from 6 (strains 9, 16, 18, 19 and 28) to 12 fragments (strains 11 and 12), of the length from 750 to 3,500 bp. Amplicons of the 1,300-, 1,700- and 2,300-bp length were the most frequently found. Furthermore, three groups of strains with identical profiles (first group – 2, 3; second group – 10, 17 19, 20, 28 and third group – 16, 26, 27) were also identified, confirming that some patterns were characteristic for more than one strain. The obtained results indicate that broad bean microsymbionts constitute a rich and genetically diverse population of *R. leguminosarum* sv. *viciae* bacteria.

Struktura zespołów bakterii i grzybów oraz aktywność enzymatyczna ryzosfery *Vicia faba* L.

Małgorzata Baćmaga, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski, Agata Borowik

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

Celem badań było określenie oddziaływania przedplonu (pszenica jara, pszenica ozima, kukurydza i rzepak ozimy) na strukturę zespołów bakterii i grzybów, aktywność enzymów glebowych, a także wzrost i rozwój bobiku. Wykazano, że w glebie dominowały bakterie phylum Actinobacteriota oraz grzyby Ascomycota. Wszystkie gleby zostały skolonizowane przez bakterie z rodzaju *Cellulosimicrobium*. W glebie spod uprawy pszenicy jarej i rzepaku ozimego przeważały grzyby *Mortierella*, pszenicy ozimej – *Cladosporium*, a kukurydzy – *Alternaria*. Gleba spod uprawy kukurydzy charakteryzowała się najwyższą aktywnością dehydrogenaz, spod pszenicy ozimej – aktywnością katalazy, ureazy i fosfatazy alkalicznej, a spod rzepaku ozimego – aktywnością fosfatazy kwaśnej, β -glukozydazy i arylosulfatazy. Najwyższy plon nasion bobiku stwierdzono, gdy był on uprawiany po pszenicy ozimej, a liści, łodyg i łuszczyn – gdy przedplonem była pszenica jara. Najwyższy indeks zieloności (SPAD) notowano u bobiku uprawianego po pszenicy jarej, a najniższy – rzepaku ozimego.

Structure of bacterial and fungal communities and enzymatic activity of the rhizosphere of *Vicia faba* L.

The aim of the study was to determine the effect of the forecrop (spring wheat, winter wheat, maize and winter rape) on the structure of bacterial and fungal communities, soil enzyme activity, as well as the growth and development of faba bean. It was shown that the soil was dominated by bacteria belonging to the phylum Actinobacteriota and fungi Ascomycota. All soils were colonized by bacteria of the *Cellulosimicrobium* genus. The soil from under spring wheat and winter rape was dominated by *Mortierella* fungi, winter wheat – by *Cladosporium*, and maize – by *Alternaria*. The soil from under the maize crop had the highest dehydrogenase activity, from under winter wheat – catalase, urease and alkaline phosphatase activity, and from under winter rape – acid phosphatase, β -glucosidase and arylsulfatase activity. The highest seed yield of faba bean was found when it was grown after winter wheat, and leaves, stems and stalks – when spring wheat was the forecrop. The highest greenness index (SPAD) was noted for the faba bean grown after spring wheat, and the lowest one – when it was cultivated after winter rape.

Analiza funkcjonalna genomów szczepów bakterii z rodzaju *Bacillus* wyizolowanych z kiszonek i produktów mlecznych

Daria Barańska, Jacek Panek, Agata Gryta, Giorgia Pertile, Magdalena Frąć

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN, ul. Doświadczalna 4, 20-209 Lublin

Pomimo licznych korzyści zdrowotnych *microgreens* są wysoce wrażliwe na stresy abiotyczne, szczególnie na stres suszy, co prowadzi do szybkiej utraty świeżości produktu oraz zwiększenia podatności na gnicie i wędnięcie. Dostępne dane literaturowe dostarczają ograniczonych informacji związanych z tym wyzwaniem w hodowli *microgreens*. Jednakże badania nad niektórymi gatunkami mikroorganizmów, zwłaszcza bakteriami, wskazują na nabywanie obiecujących mechanizmów adaptacyjnych przez rośliny w wyniku inokulacji wyselekcjonowanymi szczepami, co skutkuje wydłużeniem okresu świeżości produktu. Prace badawcze sugerują, że wprowadzenie bakterii z rodzaju *Bacillus* ma korzystny wpływ na rośliny poddane stresowi suszy oraz znacząco wpływa na utrzymywanie ich świeżości. Celem przeprowadzonych badań była analiza funkcjonalna całych genomów 11 szczepów bakterii z rodzaju *Bacillus*, wyselekcjonowanych z kiszonek oraz produktów mlecznych, wykonana z użyciem platformy Illumina po to, aby dobrać izolat o najlepszym profilu genetycznym w kontekście inokulacji *microgreens*.

Functional genomic analysis of *Bacillus* bacterial strains isolated from silages and dairy products

Despite their numerous health benefits, microgreens are highly sensitive to abiotic stresses, particularly drought, which leads to rapid loss of freshness and increased susceptibility to rotting and wilting. The current literature offers limited information on addressing these challenges in microgreens cultivation. However, research on certain microbial species, especially bacteria, indicates that inoculation with selected strains can impart promising adaptive mechanisms to plants, thereby enhancing their freshness. Studies suggest that bacteria from the genus *Bacillus* have a beneficial impact on plants under drought stress, significantly aiding in the maintenance of their freshness. This study aimed to perform a functional whole-genome analysis of 11 bacterial strains belonging to *Bacillus* genus, selected from silages and dairy products, using the Illumina platform. The objective was to identify the isolate with the best genetic profile for enhancing microgreens inoculation.

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

Wpływ średniookresowej suszy na mikroorganizmy glebowe

Kalisa Bogati¹, Aleksandra Burkowska-But^{1,2}, Patrycja Golińska³,
Maciej Walczak^{1,2}

¹ Katedra Mikrobiologii Środowiskowej i Biotechnologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

² Bacto-Tech Sp. z o.o.

³ Katedra Mikrobiologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Wahania wilgotności wpływają na aktywność biologiczną gleby i nie jest to nic odkrywczego. Od zawsze wiadomo, że w glebie przesuszonej dominują grzyby, a w wilgotnej bakterie. Dostępne dane są jednak dość ogólne, stąd też celem badań była szczegółowa analiza zmian bioróżnorodności filogenetycznej i fizjologicznej oraz aktywności biologicznej zachodzących w warunkach suszy. Badania prowadzono podczas symulowanej suszy w glebach rolniczych różniących się istotnie ilością materii organicznej i możliwościami wiązania wody. Badano m.in. liczebność bakterii (w tym promieniowców) i grzybów, oznaczano zmiany w bioróżnorodności taksonomicznej, zmiany aktywności biologicznej zespołów mikroorganizmów glebowych czy aktywności enzymów w glebie.

Badania wykazały bardzo istotny wpływ suszy na aktywność enzymów glebowych oraz istotny na różnorodność fizjologiczną mikroorganizmów glebowych. Natomiast zmiany bioróżnorodności były stosunkowo niewielkie.

The impact of medium-term drought on soil microorganisms

The phenomenon of drought in Europe is nothing new, but has been clearly intensifying in recent years due to climate change. Currently, drought is an annual phenomenon in southern Europe and occurs several times a decade in Central European countries. Humidity fluctuations affect the biological activity of the soil and this is nothing groundbreaking. It has always been known that fungi dominate in dry soil and bacteria in wet soil. However, the available data is quite general, hence the aim of this study was to conduct a detailed analysis of changes in phylogenetic and physiological biodiversity and biological activity occurring in drought conditions. The studies were conducted during simulated drought in agricultural soils differing significantly in the amount of organic matter and water binding capacity. Among other things, the number of bacteria (including actinomycetes) and fungi was studied, changes in taxonomic biodiversity, changes in the biological activity of soil microorganism communities and enzyme activity in the soil were determined.

The studies showed a very significant effect of drought on the activity of soil enzymes and a significant effect on the physiological diversity of soil microorganisms. However, changes in biodiversity were relatively small.

Reakcja enzymów glebowych i *Festuca rubra* na metale ciężkie

Edyta Boros-Lajszner, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski

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

Istotną rolę w stabilizacji funkcji gleby zakłócanych przez metale ciężkie odgrywa właściwy dobór roślin do fitoremediacji i jej wspomaganie nawożeniem organicznym. W vegetacyjnym doświadczeniu wazonowym badano oddziaływanie niklu, kobaltu i kadmu na aktywność enzymów glebowych oraz biomasę *Festuca rubra* i jej wartość opałową, zawartość metali ciężkich w glebie i roślinie. Badania prowadzono w dwóch seriach: nienawożonej kompostem oraz nawożonej kompostem. Metale ciężkie wpływały negatywnie na aktywność dehydrogenaz, katalazy, ureazy, fosfatazy kwaśnej, fosfatazy alkalicznej, β -glukozydazy i arylosulfatazy. Największe zakłócenia w aktywności enzymów glebowych powodował Ni^{2+} , a najmniejsze – Cd^{2+} . Najbardziej wrażliwym enzymem na wszystkie testowane metale były dehydrogenazy, a najmniej – ureaza. Nawożenie kompostem poprawiało właściwości biochemiczne gleby, co w przypadku naruszenia ich homeostazy przez metale ciężkie może mieć istotne znaczenie w stabilizacji funkcji gleby. Stwierdzono, że nikiel i kobalt istotnie hamowały wzrost i rozwój *Festuca rubra*. Roślina ta może być stosowana na glebie zanieczyszczonej metalami ciężkimi. Jej wartość opałowa jest stabilna i nie jest zmieniana przez oddziaływanie metali ciężkich. Dlatego biomasa pozyskana z gleb zanieczyszczonych metalami ciężkimi może być wykorzystana na cele energetyczne. *Festuca rubra* jest szczególnie przydatna w fitostabilizacji gleby zanieczyszczonej kadmem i kobaltem.

Response of soil enzymes and *Festuca rubra* to heavy metals

An important role in the stabilization of soil functions disturbed by heavy metals is played by the correct selection of plants for phytoremediation and their support by organic fertilization. The effects of nickel, cobalt, and cadmium on soil enzyme activity, *Festuca rubra* biomass and its calorific value, soil and plant heavy metal content were studied in a pot experiment. The study was conducted in two series: unfertilized with compost and fertilized with compost. Heavy metals negatively affected the activity of dehydrogenases, catalase, urease, acid phosphatase, alkaline phosphatase, β -glucosidase and arylsulfatase. Ni^{2+} caused the greatest interference with soil enzyme activity and Cd^{2+} the least. The most sensitive enzyme to all metals tested was dehydrogenase and the least sensitive was urease. Compost improves the biochemical properties of soil, and it can significantly stabilize soil functions when soil homeostasis is disrupted by heavy metals. Nickel and cobalt significantly inhibited the growth and development of *Festuca rubra*. The experiment demonstrated that this plant species can be grown on soil contaminated with heavy metals. It has a stable calorific value which is not affected by heavy metals, therefore biomass harvested from heavy metal-polluted soil can be used for energy generation. *Festuca rubra* is particularly useful for the phytostabilization of soil contaminated with cadmium and cobalt.

Analiza wpływu suchej sanityzacji glinokrzemianowej na jakość mikrobiologiczną ściółki w hodowli drobiu

Barbara Breza-Boruta¹, Justyna Bauza-Kaszewska¹, Jakub Biesek²,

¹ Katedra Mikrobiologii i Technologii Żywności, Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, Politechnika Bydgoska

² Katedra Hodowli i Żywienia Zwierząt, Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt, Politechnika Bydgoska

Jakość mikrobiologiczna ściółki wykorzystywanej w hodowli drobiu wpływa zarówno na zdrowie ptaków, jak i jakość końcowych produktów. Celem badań prowadzonych w czerwcu i lipcu 2024 roku była analiza skuteczności higienizacyjnej glinokrzemianów zastosowanych do suchej sanityzacji ściółki w produkcji kurcząt rzeźnych i kur nieśnych. Mieszanka zeolitu 80% i halozytu 20% aplikowana była do ściółki z różną częstotliwością – od 1 do 6 razy w trakcie 6-tygodniowego cyklu hodowlanego. Wstępne wyniki przeprowadzonych doświadczeń wskazują na brak wpływu glinokrzemianów na liczebność bakterii wskaźnikowych z rodziny *Enterobacteriaceae*, w tym, *E. coli*, enterokoków oraz beztlenowych bakterii przetrwalnikujących redukujących siarczyny. Końcowe analizy mikrobiologiczne wykazały, że zarówno próbki kontrolne, niezawierające glinokrzemianów, jak i próbki ściółki z poszczególnych grup badawczych charakteryzowały się podobną liczbą tych drobnoustrojów rzędu 10^6 – 10^7 jtk·g⁻¹ *Enterobacteriaceae*, 10^{10} jtk·g⁻¹ enterokoki oraz 10^1 – 10^2 jtk·g⁻¹ beztlenowce redukujące siarczyny. W badanych próbkach nie wykryto bakterii z rodzaju *Salmonella*.

Badania finansowane z projektu MNiE NdS-II/SP/0516/2024/01.

Analysis of the effect of dry aluminosilicate sanitization on the microbiological quality of litter in poultry farming

The microbiological quality of the litter used in poultry farming affects both the health of the birds and the quality of the final products. The purpose of the study, conducted in June and July 2024, was to analyze the hygienization effectiveness of aluminosilicates applied for dry sanitation of litter used in the production of slaughter chickens and laying hens. A mixture of zeolite 80% and halloysite 20% was applied to the litter at different frequencies – from 1 to 6 times during a 6-week breeding cycle. Preliminary results of the experiments show that there was no effect of aluminosilicate on the abundance of indicator bacteria of the *Enterobacteriaceae* family, including *E. coli*, enterococci and anaerobic sulfite-reducing spore bacteria. Final microbiological analyses showed that both the control samples, without aluminosilicates, and the litter samples from each experimental group had similar numbers of these microorganisms of 10^6 – 10^7 cfu·g⁻¹ *Enterobacteriaceae*, 10^{10} cfu·g⁻¹ enterococci and 10^1 – 10^2 cfu·g⁻¹ sulfite-reducing anaerobes. No *Salmonella* sp. was detected in the litter samples tested.

The research was funded by the MNiE project NdS-II/SP/0516/2024/01.

Wpływ wybranych dodatków mikrobiologicznych na proces zakiszania oraz jakość kiszonek z kukurydzy

Katarzyna Budzińska, Anita Jurek, Radomir Graczyk

Katedra Biologii i Środowiska Zwierząt, Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt
Politechnika Bydgoska im. J. J. Śniadeckich w Bydgoszczy

Dokonano oceny wpływu wybranych inokulantów na skład chemiczny i zawartość kwasów w kiszonkach z kukurydzy oraz zmiany pH zakiszane go materiału. Określono wpływ inokulantów na zmiany liczby bakterii kwasu mlekowego oraz na zahamowanie rozwoju niepożądanego mikroflory podczas procesu zakiszania. Przeprowadzono testy trwałości tlenowej kiszonek. W kiszonce z kukurydzy sporządzonej z dodatkiem bakterii *E. faecium*, *L. plantarum*, *L. casei* i *P. acidilactici* stwierdzono niższą koncentrację białka ogólnego oraz spadek koncentracji włókna neutralno-detergentowego i kwaśno-detergentowego w porównaniu z pozostałymi kiszonkami. Kiszonki z kukurydzy sporządzone z dodatkami, w skład których wchodziły bakterie *L. buchneri*, miały niższą koncentrację włókna surowego oraz cechowały się wysoką zawartością kwasu octowego, przez co ich jakość była niższa niż pozostałych kiszonek. Zastosowane dodatki wpłynęły na inaktywację bakterii z rodziny *Enterobacteriaceae* oraz bakterii z grupy coli. Stwierdzono pozytywny wpływ dodatku *L. buchneri* na tlenową trwałość kiszonek z kukurydzy. Zaobserwowano, że bakterie homofermentatywne mało skutecznie wpływały na tlenową stabilność kiszonek. Po ekspozycji tlenowej w kiszonkach z kukurydzy sporządzonych z inokulantami stwierdzono mniejszą liczebność grzybów pleśniowych i drożdży.

The effect of selected microbiological inoculants on the ensilage process and quality of maize silages

An impact assessment was performed on effect of inoculants on the chemical composition and acids content in silage as well as on the pH value of ensiled material. The impact of inoculants on the dynamics of lactic acid bacteria growth and inhibition of undesired microflora during the ensilage process was determined. Aerobic stability tests of grass and maize silages was also performed. In corn silage made with the addition of *E. faecium*, *L. plantarum*, *L. casei* and *P. acidilactici* bacteria a lower concentration of total protein and a decrease in the concentration of neutral-detergent and acid-detergent fiber in comparison to the other silage was found. Maize silages made with additives that included *L. buchneri* bacteria, had a lower concentration of crude fiber than other silages and were characterized by a high content of acetic acid, so its quality was lower than the other silages. The additives applied during ensilage of maize influenced inactivation of bacteria from the *Enterobacteriaceae* family and coliform bacteria as compared to silage without additives. There was a clear effect of the addition of *L. buchneri* on the longer aerobic stability of maize silage. It was observed that homofermentative bacteria were less effective in influencing the aerobic stability of silages. After aerobic exposure in maize silages made with inoculants, a smaller number of molds and yeasts was found in comparison to silage without additives.

Mikrobiologiczna ocena jakości powietrza w zakładzie przetwórstwa surowców roślinnych

Karol Bulski, Krzysztof Frączek, Marek Ostafin

Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Wydział Rolniczo-Ekonomiczny,
Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie

Celem przeprowadzonych badań była ocena występowania aerozolu bakteryjnego w zakładzie przetwórstwa surowców roślinnych. Pomiar bioaerozolu w powietrzu zewnętrznym oraz wewnętrznym przeprowadzono czterokrotnie, w okresie kalendarzowych: wiosny, lata, jesieni i zimy, za pomocą 6-stopniowego impaktora Andersena. W każdym wyznaczonym punkcie pomiarowym dokonywano także pomiaru temperatury i wilgotności względnej powietrza z użyciem anemometru Kestrel 4000 oraz pomiaru stężenia pyłu (frakcje 1,0 μm , 2,5 μm , 4,0 μm i 10,0 μm) z wykorzystaniem analizatora pyłu DustTrak II. Wyniki badań wykazały, że proces technologiczny zastosowany w zakładzie miał istotny wpływ na stężenie aerozolu bakteryjnego w badanym powietrzu. Wykazano istotne statystycznie różnice w stężeniu aerozolu bakteryjnego pomiędzy powietrzem wewnątrz zakładu a tłem zewnętrznym oraz pomiędzy badanymi punktami wewnątrz zakładu, uwzględniając pory roku. Stężenie aerozolu bakteryjnego w pomieszczeniach produkcyjnych nie przekraczało wartości $7,6 \times 10^3 \text{ jtk}\cdot\text{m}^{-3}$ i było niższe od zalecanych przez ZECB wartości dla pomieszczeń produkcyjnych zanieczyszczonych pyłem organicznym. Na podstawie analizy jakościowej stwierdzono, że w powietrzu pomieszczeń produkcyjnych zakładu dominowały Gram-dodatnie ziarenkowce z rodzaju *Micrococcus* oraz laseczki z rodzaju *Bacillus*.

Microbiological assessment of air quality in a plant processing facility

The aim of this study was to assess bacterial aerosols in a plant processing facility. Bioaerosol measurements of indoor and outdoor air of the herbal processing plant were performed in four measurement rounds, in a seasonal cycle – in spring, summer, autumn, and winter, using a six-stage Andersen's cascade air sampler. At each measuring point, during the bioaerosol sampling, the values of relative humidity and air temperature were simultaneously measured using the Kestrel 4000 device, and the concentration of particulate matter (fractions 1.0 μm , 2.5 μm , 4.0 μm , and 10.0 μm) using a DustTrak II dust analyzer. The results showed that the production process affects the bacterial aerosol concentrations in the tested plant. There were statistically significant differences in the concentrations of bacterial aerosol between indoor and outdoor air, and between production rooms, taking into account the seasons of the year. The concentrations of bacterial aerosol in the production rooms did not exceed $7.6 \times 10^3 \text{ cfu}\cdot\text{m}^{-3}$ and were lower than the permissible concentration values proposed for production rooms contaminated with organic dust. Qualitative analysis of microorganisms isolated from the air of production rooms showed the dominance of Gram-positive cocci of the genus *Micrococcus* and spore-forming rods of the *Bacillus* genus.

Mykobiom zakładu produkcji opakowań do żywności

Maria J. Chmiel¹, Michał Szalonek²

¹ Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie
² Bag-in-Box Polska, sp. z o.o., Zator

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

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

Wśród zidentyfikowanych grzybów dominowały *Penicillium* (43,4%), *Byssochlamys* (33,2%), *Trichoderma* (9,3%), *Hormonema* (7,3%), niezidentyfikowany izolat-11 (3,5%), *Didymella* (1,2%), *Aspergillus* (0,7%), *Mycosphaerella* (0,5%) i *Alternaria* (0,4%), inne stanowiły łącznie zaledwie 0,6% spośród 184 oznaczonych sekwencji zaliczonych do 95 rodzajów.

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

Mycobiome of a food packaging production plant

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

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

The dominant fungi identified were *Penicillium* (43.4%), *Byssochlamys* (33.2%), *Trichoderma* (9.3%), *Hormonema* (7.3%), unidentified isolate-11 (3.5%), *Didymella* (1.2%), *Aspergillus* (0.7%), *Mycosphaerella* (0.5%) and *Alternaria* (0.4%), others constituted a total of only 0.6% of the 184 determined sequences classified into 95 genera.

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

Ocena stanu mikrobiologicznego serów wytwarzanych za pomocą metod rzemieślniczych

Katarzyna Czaczyk, Anna Dobrowolska, Katarzyna Zarobkiewicz, Anna Sip

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Celem badań było określenie stanu mikrobiologicznego serów podpuszczkowych wytwarzanych z wykorzystaniem metod rzemieślniczych z mleka niepasteryzowanego, takich jak: bundz, bryndza, gołka i oscypek. Wymienione sery poddano także analizie metagenomowej oraz zidentyfikowano dominujące w nich bakterie. Ustalono, że mikrobiota serów wytwarzanych w tym samym regionie przez różnych producentów była zróżnicowana zarówno pod względem składu ilościowego, jak i jakościowego. Mimo zaobserwowanych różnic żaden z badanych serów nie budził zastrzeżeń pod względem stanu higieny oraz bezpieczeństwa mikrobiologicznego. Najbardziej liczną grupą drobnoustrojów w serach z masy parzonej (gołkach i oscypkach) były bakterie *Lactobacillus*. W świeżych serach miękkich (bundzu) dominowały natomiast bakterie *Lactococcus*, a w miękkich serach dojrzewających (bryndzy) bakterie *Leuconostoc*, *Weissella* i *Enterococcus*. Obecność bakterii *Pediococcus* była za to charakterystyczna jedynie dla serów z mleka owczego. Najbardziej złożonym składem mikrobiologicznym cechowały się oscypki. Większość gatunków LAB charakterystycznych dla oscypków występowało też w gołkach owczych.

Badania zostały wykonane w ramach projektu pt. „Sieć uczelni przyrodniczych na rzecz rozwoju polskiego sektora mleczarskiego” nr 509-026 finansowanego z dotacji celowej Ministra Nauki.

Evaluation of the microbiological status of artisanal cheeses

The aim of this study was to determine the microbiological status of rennet cheeses produced by artisanal methods from non-pasteurised milk, such as bundz, bryndza, golka and oscypek. The listed cheeses were also subjected to metagenomic analysis and the predominant bacteria in them were identified. It was found that the microbiota of cheeses produced in the same region by different producers varied in both quantitative and qualitative composition. Despite the differences observed, none of the cheeses tested raised concerns in terms of hygiene status and microbiological safety. *Lactobacillus* bacteria were the most prevalent microbial group in the parboiled cheeses (golka and oscypek). In contrast, *Lactococcus* bacteria predominated in fresh soft cheeses (bundz), and *Leuconostoc*, *Weissella* and *Enterococcus* bacteria in soft ripened cheeses (bryndza). On the other hand, the presence of *Pediococcus* bacteria was only characteristic of sheep's milk cheeses. Oscypek was characterised by the most complex microbiological composition. Most of the LAB species characteristic of oscypek were also present in sheep's golka.

The research was carried out as part of the project 'Network of natural science universities for the development of the Polish dairy sector' No. 509-026 funded by a grant from the Minister of Sciences.

Wpływ różnych typów użytkowania rolniczego gleb oraz ich tekstury na zmiany zawartości węgla oraz aktywności enzymów związanych z jego przemianami w profilach czarnych ziem

Jacek Długosz, Bożena Dębska, Anna Piotrowska-Długosz

Katedra Biogeochemii i Gleboznawstwa, Wydział Rolnictwa i Biotechnologii,
Politechnika Bydgoska im. J.J. Śniadeckich, ul. Bernardyńska 6, 85-029 Bydgoszcz

Określano właściwości pięciu profili czarnych ziem zlokalizowanych na obszarach objętych zróżnicowanym użytkowaniem rolniczym (grunty orne, chmielniki, sady). Badano zawartość różnych form węgla (biomasy mikrobiologicznej – MBC, organiczny – TOC oraz rozpuszczalny – DOC) oraz aktywność enzymów przemian celulozy, ksylanu, skrobi, chityny i sacharozy. Zawartość badanych form węgla była najwyższa w poziomie Ap oraz w niektórych poziomach podpowierzchniowych i najczęściej malała wraz z głębokością w profilach glebowych. Najwyższą zawartość TOC i DOC uzyskano w profilach zlokalizowanych w sadach, zaś najniższą – w profilach znajdujących się w chmielnikach. Pod uprawą pszenicy najwyższa aktywność enzymów oznaczona została w powierzchniowych i najgłębszych poziomach badanych gleb, zaś w sadach oraz chmielnikach aktywność ta była wyższa w środkowych poziomach genetycznych gleb. Aktywność enzymatyczna była istotnie wyższa w glebie o teksturze gliny oraz piasku gliniastego niż w glebie o teksturze piasku drobnego. W poziomach powierzchniowych profili aktywność enzymów była istotnie skorelowana z zawartością TOC, DOC i MBC, zaś w poziomach głębszych była ona skorelowana z zawartością frakcji iltu i pyłu.

Badania finansowane były przez Narodowe Centrum Nauki, projekt 2018/29/B/NZ9/00982.

The effect of different types of agricultural land use and soil texture on changes in soil carbon content and C-acquiring enzyme activities in Phaeozem profiles

Changes to the studied properties were determined across five Phaeozem profiles in three agricultural land uses (arable field, hop plantations, apple orchards). The contents of various forms of soil carbon (microbial biomass – MBC, total – TOC and dissolved organic carbon – DOC) as well as the enzyme activities associated with cellulose, xylose, starch, chitin and sucrose decomposition were determined. The content of the studied C forms was the highest in the Ap horizon and in some sub-surface layers and generally decreased with depth. The highest TOC and DOC content was noted in the orchard profiles, while the lowest occurred in the hop profiles. Under winter wheat cultivation the highest enzymatic activity was noted in the surface and the deepest horizons, while in the orchard and hop profiles the highest activity was noted in the middle horizons. The enzymatic activity was significantly higher in loam and loamy sand as compared to the fine sand texture. In surface, C-rich horizons the enzyme activities were highly correlated with TOC, DOC and MBC. In the deeper, C-low horizons, the enzymes were significantly correlated with the silt and clay content.

This research was funded by the National Science Centre, Poland, project 2018/29/B/NZ9/00982.

Mikrobiomy gleb i roślin jako kluczowe elementy zdrowych agroekosystemów

Magdalena Frąc

Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin
m.frac@ipan.lublin.pl

Mikrobiomy są wszędzie, jednakże zrozumienie ich funkcji, interakcji, mechanizmów działania, a także prawidłowe ich zdefiniowanie wciąż budzi wiele dyskusji naukowych i kontrowersji. Dotychczas badania nad mikrobiomem koncentrowały się głównie na mikrobiomie jelitowym człowieka, z pominięciem kluczowych dla wyżywienia ludzkości zagadnień mikrobiomu gleb i roślin. Jak wspomniano w raporcie Komisji Europejskiej [doi:10.2777/365011], więcej wiadomo o gwiazdach i planetach we wszechświecie niż o mikrobiomach gleb i roślin występujących na Ziemi. Dlatego ŚWIAT MIKROBIOMÓW jest jednym z istotnych kierunków przyszłej polityki w zakresie badań naukowych i innowacji w Europie i na świecie. W związku z tym istotne jest rozpoznanie mikrobiomu gleb i roślin oraz określenie interakcji gleba – roślina – mikrobiom dla rozwoju zrównoważonych strategii produkcji roślinnej oraz wsparcia społeczno-gospodarczego. Upowszechnianie wiedzy oraz podniesienie świadomości różnych grup społecznych w zakresie znaczenia holobiontu roślinnego w nowoczesnej wizji rolnictwa i świata, połączenia badań i zarządzania mikrobiomami dla zrównoważonego i ekologicznego rolnictwa jest elementem realizowanego projektu.

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.

Soil and plant microbiomes as key elements of healthy agroecosystems

Microbiomes are everywhere, but understanding their functions, interactions, mechanisms of action, as well as their correct definition still raises many scientific discussions and controversies. So far, research on the microbiome has focused mainly on the gut microbiome, ignoring the key issues of soil and plant microbiome. As mentioned in the EC report [doi:10.2777/365011], more is known about the stars and planets in the universe than about the microbiomes of soils and plants found on Earth. Therefore, the WORLD OF MICROBIOMES is one of the important directions of future research and innovation policy in Europe. Therefore, it is important to recognize the soil and plant microbiome and determine soil-plant-microbiome interactions for the development of sustainable plant production strategies and socio-economic support. Disseminating knowledge and raising the awareness of various social groups regarding the importance of plant holobionts in the modern vision of agriculture and the world, combining research and microbiome management for sustainable and ecological agriculture is an element of the implemented project.

Ocena bioróżnorodności w procesie biologicznego wietrzenia zwietrzelin skalnych

Anna Gałązka¹, Anna Marzec-Grządziel¹, Łukasz Pawlik²

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

² Instytut Nauk o Ziemi, Uniwersytet Śląski, ul. Będzińska 60, 41-200 Sosnowiec
e-mail: agalazka@iung.pulawy.pl

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

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

Assessment of biodiversity in the process of biological weathering of weathered rocks

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

Wykorzystanie bakterii z rodzaju *Bacillus* w rolnictwie

Karolina Gawryjolek, Karolina Furtak

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
Zakład Mikrobiologii

Bakterie z rodzaju *Bacillus* stanowią przedmiot badań ze względu na ich powszechność występowania w przyrodzie oraz charakteryzujące je właściwości. Bakterie z rodzaju *Bacillus* to tlenowe lub fakultatywnie beztlenowe Gram-dodatnie bakterie w kształcie laseczek należących do typu *Firmicutes*. Wytwarzają formy przetrwalnikowe – endospory, dzięki czemu są odporne na niekorzystne warunki środowiska. Produkcją szeregu związków chemicznych, dzięki czemu znajdują zastosowanie w rolnictwie, przemyśle spożywczym, chemicznym oraz farmaceutycznym. Wiele gatunków zaliczanych jest do grupy tzw. PGPR (z ang. *Plant Growth Promoting Rhizobacteria*), czyli bakterii promujących wzrost roślin. Ze względu na swoje właściwości oraz wytwarzane metabolity wykorzystywane są do produkcji nawozowych produktów mikrobiologicznych. Stosowane są jako środki ochrony roślin, stymulatory wzrostu oraz jako dodatki poprawiające właściwości gleby. Ponadto niektóre gatunki z rodzaju *Bacillus* mogą stanowić składnik preparatów probiotycznych dodawanych do pasz dla zwierząt hodowlanych oraz ryb.

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

The use of bacteria of the *Bacillus* genus in agriculture

Bacteria of the genus *Bacillus* are the subject of research due to their common occurrence in nature and the properties that characterize them. Bacteria of the genus *Bacillus* are aerobic or facultatively anaerobic Gram-positive rod-shaped bacteria belonging to the *Firmicutes* phylum. They produce endospores which make them resistant to unfavorable environmental conditions. They produce a number of chemical compounds and therefore are used in agriculture, the food, chemical and pharmaceutical industries. Many species are included in the group of so-called PGPR (*Plant Growth Promoting Rhizobacteria*), i.e. bacteria that promote plant growth. Due to their properties and the produced metabolites, they are used in the production of microbiological fertilizer products. They are used as plant protection products, growth stimulants and as additives to improve soil properties. Furthermore, some species of the *Bacillus* genus may be a component of probiotic preparations added to feed for farm animals and fish.

The research was carried out as part of task 1.7 of the targeted grant of the Ministry of Agriculture and Rural Development in 2024 „Microbiological preparations”.

Unikalne właściwości szczepu bakterii *Bacillus azotofixans* AGBA 1007 – składnika aktywnego preparatu „bi azot”

Małgorzata Hałat-Łaś¹, Anna Ambroszczyk¹, Katarzyna Starzec²,
Paulina Supel², Paweł Kaszycki²

¹ ORGANIKA-AGRARIUS sp. z o. o., ² Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie

Wśród mikroorganizmów wspierających wzrost i rozwój roślin na uwagę zasługują bakterie z gatunku *Bacillus azotofixans*, a szczególnie starannie wyselekcjonowany szczep AGBA 1007, składnik aktywny preparatu „bi azot”. *Bacillus azotofixans* jest jednym z najlepiej przebadanych i najbardziej skutecznych gatunków wiążących azot. Dzięki zdolności tych drobnoustrojów do przetrwalnikowania ich preparaty cechują się wysoką stabilnością liczebności podczas przechowywania oraz powtarzalnością działania w glebie. Szczep *Bacillus azotofixans* AGBA 1007, wchodzący w skład preparatu „bi azot”, cechuje się rzadkimi właściwościami, które czynią go bezkonkurencyjnym wśród produktów o zbliżonym składzie drobnoustrojów. Niezależnie od wcześniej opisanych aktywności wiązania azotu atmosferycznego przeprowadzone badania laboratoryjne wykazały wyjątkowo wysoką zdolność tych mikroorganizmów do solubilizacji fosforu, a ponadto cynku, krzemu i potasu. Kolejnymi właściwościami potwierdzonymi doświadczalnie były: produkcja sideroforów, właściwości ligninolityczne, pektynolityczne oraz celulolityczne.

Niezwykle szeroki zakres oraz intensywność działania szczepu AGBA 1007 sprawiają, że preparat „bi azot” to idealny produkt przydatny dla wszelkiego rodzaju upraw, który poprawia wzrost i rozwój roślin, kompleksowo wpływając na polepszenie struktury gleby oraz udostępnianie roślinom składników pokarmowych.

Unique properties of *Bacillus azotofixans* strain AGBA 1007 – an active bacterial component of the “bi azot” preparation

Among the microorganisms supporting plant growth and development, bacteria of the species *Bacillus azotofixans* deserve particular attention, especially the carefully selected strain AGBA 1007, an active component of the “bi azot” preparation. *Bacillus azotofixans* is one of the best-studied and most effective species capable of nitrogen fixation. Due to the ability to spore, preparations of these bacteria are characterized by high stability of cell number during storage and repeatability of action in the soil. *Bacillus azotofixans* strain AGBA 1007 included in the “bi azot” preparation has unique properties that make it unrivaled among products with similar composition. Apart from the earlier described activities of atmospheric nitrogen fixation, the performed laboratory tests revealed an exceptionally high ability of these microbes to solubilize phosphorus, as well as zinc, silicon and potassium. Among the other experimentally confirmed properties were: siderophore production, and ligninolytic, pectinolytic and cellulolytic activities.

The extraordinarily wide range and intensity of action of *B. azotofixans* AGBA 1007 make the “bi azot” preparation an ideal product applicable for all types of crops, which promotes plant growth and development by comprehensively improving soil structure and making nutrients available to plants.

Charakterystyka własności metabolicznych ryzobakterii wyizolowanych z brodawek korzeniowych koniczyny czerwonej rosnącej w klimacie subpolarnym i umiarkowanym

Monika Janczarek¹, Paulina Adamczyk¹, Anna Gałązka²,
Anna Marzec-Grządziel²

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

² Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa Państwowy Instytut Badawczy w Puławach; monika.janczarek@mail.umcs.pl

Ryzobakterie zasiedlające brodawki korzeniowe roślin bobowatych są zdolne do przekształcania azotu atmosferycznego do form przyswajalnych dla roślin, uniezależniając je od nawożenia azotowego. W tej pracy scharakteryzowano i porównano własności metaboliczne szczepów wyizolowanych z brodawek koniczyny czerwonej rosnącej w dwóch strefach klimatycznych, różniących się znacząco profilem temperaturowym. Przebadano łącznie 31 izolatów, pochodzących z klimatu subpolarnego (15 szczepów) i umiarkowanego (16 szczepów). Porównano zdolność produkcji laktonów, sideroforów, kwasu indolilo-3-octowego, rozpuszczania fosforanów, aktywność oksydazy i deaminazy ACC oraz profile metaboliczne wykorzystania różnych źródeł węgla, azotu, fosforu i siarki tych szczepów, posługując się systemem Biolog. Kompleksowa analiza cech metabolicznych mikrosymbiontów koniczyny czerwonej pozwoliła na określenie ich zróżnicowania i wybrania szczepów o najlepszych własnościach promujących wzrost roślin. Na podstawie uzyskanych wyników kilka szczepów o bardzo korzystnych własnościach promujących wzrost roślin zostało wytypowanych jako potencjalne komponenty szczepionek bakteryjnych.

Badania były finansowane z projektu Narodowego Centrum Nauki nr 2018/31/B/NZ9/00663.

Characterization of metabolic properties of rhizobacteria isolated from root nodules of red clover plants growing in subpolar and temperate climate regions

Rhizobacteria occupying legume root nodules are capable to reduce atmospheric nitrogen to a form available to plants, making them independent of external input of artificial nitrogen fertilizers. In this study, metabolic properties of strains isolated from nodules of clover plants growing in two climatic zones that essentially differ in temperature profiles were characterized and compared. In total, 31 isolates coming from the subpolar (15) and temperate climate (16) regions were examined. The ability of production of lactones, siderophores, and indolil-3-acetate acid, phosphate solubilization, oxidase and ACC deaminase activities and utilization of different sources of carbon, nitrogen, phosphorous and sulfute by these strains using Biolog system was determined. A comprehensive analysis of metabolic traits of clover microsymbionts allowed to determine their diversity and select strains of the best plant-growth promoting properties. Based on results obtained a few strains of the highest metabolic activities were chosen as potential components of bacterial vaccines.

Wskaźniki ekofizjologiczne w glebie ryzosferowej sorgo (*Sorghum bicolor* L.) zanieczyszczonej metalami przy wykorzystaniu dwóch biostymulantów

Karolina Jaros¹, Jolanta Jaroszuk-Ścisel¹, Piotr Sugier¹, Jaco Vangronsveld²,
Małgorzata Wójcik¹

¹ Instytut Nauk Biologicznych, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

² Environmental Biology Centre for Sciences, Hasselt University, Belgium

Uprawę poletkową *Sorghum bicolor* L. założono w maju 2023 r. przy hałdzie odpadów cynkowo-ołowiowych, gdzie zawartość w glebie metali ciężkich Zn, Pb i Cd kilkadziesiąt razy przekraczała normy i wynosiła odpowiednio 8067, 2340 i 51,56 mg·kg⁻¹. Rośliny osiągnęły we wrześniu ok. 3,5–4,0 m wysokości, a wersje traktowane biostymulantami – kwasy humusowe (H) oraz jednocześnie H i endomycoryzowym (M) – H x M, dało istotnie wyższe plony niż sorgo kontrolne (K). W biomacie łodyg stwierdzono występowanie Zn, Pb i Cd odpowiednio w stężeniu 161,1; 5,6; 6,5 mg·kg⁻¹, co oznacza 3450, 121, 138 g tych pierwiastków w plonie sorgo w przeliczeniu na ha. W glebie ryzosferowej (R) aktywność metaboliczna mierzona w testach EcoPlate zdolnością wykorzystania substratów przez mikroorganizmy glebowe była znacząco wyższa niż w nieryzosferowych (NR). Wartości wskaźników ekofizjologicznych AWCD w R były w lipcu o ok. 50%, a we wrześniu o ok. 80% wyższe niż w NR. Wartości te były w obu okresach najwyższe w wersji z biostymulantem H, a szczególnie intensywnie były wykorzystywane w wersji H kwasy karboksylowe oraz węglowodany.

Projekt otrzymał dofinansowanie z Programu Badań i Innowacji Unii Europejskiej Horyzont 2020 w ramach Umowy o Grant nr 101006873 (projekt GOLD – www.gold-h2020.eu).

Ecophysiological indicators in metal-contaminated sorghum (*Sorghum bicolor* L.) rhizosphere soil using two biostimulants

A field crop of *Sorghum bicolor* L. was established next to a zinc-lead waste heap, where the content of heavy metals Zn, Pb and Cd in the soil exceeded the standards several tens of times and was 8067, 2340 and 51.56 mg kg⁻¹ in May 2023, respectively. Plants reached about 3.5-4.0 m in height in September, and the experimental versions treated with biostimulants - humic acids (H) and simultaneously H and endomycorrhizal fungi (M) - HxM gave significantly higher yields than the control sorghum (K). Zn, Pb and Cd were found in the stem biomass at 161.1; 5.6; 6.5 mg kg⁻¹, respectively, representing 3450, 121, 138 g of these elements in sorghum yield per ha. In rhizosphere (R) soil, metabolic activity as measured by EcoPlate tests of the ability of soil microorganisms to utilise substrates was significantly higher than in non-rhizosphere (NR) soils. The values of the AWCD ecophysiological indices in R were in July about 50%, and in September about 80% higher than in NR. These values were highest in both periods in the H version and carboxylic acids and carbohydrates were used particularly intensively in this version.

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

Mikrobiota gleby ryzosferowej sorgo (*Sorghum bicolor* L.) zanieczyszczonej metalami z hałdy odpadów cynkowo-olowiowych

Jolanta Jaroszuk-Ścisel¹, Karolina Jaros¹, Karolina Olech¹, Piotr Sugier¹, Anna Słomka¹, Jaco Vangronsveld², Małgorzata Wójcik¹

¹ Instytut Nauk Biologicznych, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

² Environmental Biology Centre for Sciences, Hasselt University, Belgium

Poletkową uprawę *Sorghum sudanense* var. *bicolor* prowadzono w sezonie wegetacyjnym 2023 r. przy hałdach odpadów cynkowo-olowiowych w Piekarach Śląskich w glebie o wysokiej zawartości metali (m.in. Zn, Pb i Cd) w 3 wariantach: (1) kontrola (K), (2) preparat Lonite – kwasy humusowe/fulwowe (H), (3) preparat H i Symbivit – endomycoryzowy (M), czyli H x M. Próby glebowe pobrano w lipcu i wrześniu, czyli 8 i 16 tygodni po wysianiu nasion. Biostymulanty H i M powodowały statystycznie istotny 20% przyrost świeżej masy i 6% przyrost długości w stosunku do K, przy czym oddziaływanie H było nieistotnie wyższe niż H x M. Wartości aktywności dehydrogenazy w glebie ryzosferowej (R) sorgo były nawet 20–40-krotnie wyższe niż w nieryzosferowej (NR) i najwyższe w próbach H, przy czym skorelowane z liczebnością mikrobioty. W lipcu i wrześniu liczebność \log_{10} JTK bakterii koptotroficznych oraz grzybów g^{-1} gleby R była o ponad 1 jednostkę wyższa niż w NR, a najwyższa w wariantcie H. W lipcu w R zanotowano silny wzrost JTK bakterii z rodzaju *Pseudomonas*, mikroorganizmów wytwarzających siderofory (WSM), rozpuszczających fosforany (PSM) i amyloリティcznych w stosunku do NR oraz istotnie wyższe wartości w wersjach H i HM w stosunku do K. We wrześniu liczebność *Pseudomonas* spp. i WSM była istotnie wyższa w wersji H niż HM.

Projekt otrzymał dofinansowanie z Programu Badań i Innowacji Unii Europejskiej Horyzont 2020 w ramach Umowy o Grant nr 101006873 (projekt GOLD – www.gold-h2020.eu).

Microbiota of sorghum (*Sorghum bicolor* L.) rhizosphere soil contaminated with metals from a zinc-lead waste heap

Field cultivation of *Sorghum sudanense* var. *bicolor* was carried out in the 2023 growing season at zinc-lead waste heaps in Piekary Śląskie in soil with a high content of metals (Zn, Pb and Cd) in 3 variants: (1) control (K), (2) Lonite preparation – humic/fulvic acids (H), (3) H and Symbivit – endomycorrhizal (M), i.e. HxM. Soil samples were taken in July and September, i.e. 8 and 16 weeks after sowing the seeds. Biostimulants H and M caused a statistically significant 20% increase in fresh matter and a 6% increase in length relative to K, with the H effect being insignificantly higher than HM. Dehydrogenase activity values in the sorghum rhizosphere (R) soil were up to 20–40 times higher than in the non-rhizosphere (NR) soil and the highest in the H samples, correlated with the abundance of the microbiota. In July and September, the \log_{10} CFU abundance of copiotrophic bacteria and fungi g^{-1} of R soil was more than 1 unit higher than in NR. In September, the number of *Pseudomonas* spp. and WSM was significantly higher in the H version than in HxM.

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

Aktywność mikroorganizmów w glebach zlokalizowanych na terenie Poleskiego Parku Narodowego i jego okolicach, w tym rekultywowanych odpadem pogórnym

Jolanta Joniec, Edyta Kwiatkowska

Katedra Mikrobiologii Środowiskowej, Wydział Agrobiotechnologii,
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Leszczyńskiego7, 20-069 Lublin

Badania podjęto w celu opracowania zestawu wskaźników biologicznych przydatnych w monitorowaniu stanu środowiska na obszarze PPN i jego okolic, w tym rekultywowanych skałą płonną. Wyniki dostarczą cennych informacji o stanie środowiska, które powinny być brane pod uwagę przy podejmowaniu decyzji dotyczących postępowania z odpadami pogórnymi. Materiał glebowy pochodził z pól uprawnych i nieużytków zlokalizowanych na terenie PPN i w jego okolicach oraz z terenów rekultywowanych skałą płonną. Badania wykazały różnice w aktywnościach mikroorganizmów w poszczególnych glebach w zależności od lokalizacji (PPN i okolice). Na terenie PPN wyższą aktywność odnotowano w glebie z pola w przypadku fosfatazy kwaśnej, proteazy i nityfikacji, a w glebie spod nieużytków – amonifikacji i nityfikacji. Na terenach przyległych do parku gleba z pola charakteryzowała się wyższą aktywnością amonifikacji i ureazy, a gleba spod nieużytków aktywnością fosfatazy kwaśnej i proteazy. Wszystkie analizowane parametry wykazywały najniższy poziom w materiale pochodzącym z terenów rekultywowanych odpadem pogórnym.

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

Activity of microorganisms in soils located in the Polesie National Park and its surroundings, including those reclaimed with post-mining waste

The research was undertaken to develop a set of biological indicators useful in monitoring the state of the environment in the PNP area and its surroundings, including those reclaimed with waste rock. Results provide valuable information about the state of the environment, which should be taken into account when making decisions regarding the treatment of post-mining waste. The soil material came from arable fields and wastelands located in the PNP and its vicinity, as well as from areas recultivated with waste rock. The research showed differences in the activities of microorganisms in individual soils depending on the location, (the PNP and vicinity). In the PNP area, higher activity was recorded in the field soil in the case of acid phosphatase, protease and nitrification, and in the soil from wastelands - ammonification and nitrification. In the areas adjacent to the park, soil from the field was characterized by higher ammonification and urease activity, and the soil from wasteland was characterized by higher acid phosphatase and protease activity. All analyzed parameters showed the lowest level in material originating from areas reclaimed with post-mining waste.

Wpływ kilkuletniego nawozowego stosowania odpadu popieczarkowego na aktywność mikroorganizmów związaną z przemianami azotu

Jolanta Joniec¹, Edyta Kwiatkowska¹, Cezary A. Kwiatkowski²

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

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

Badania podjęto w celu określenia kierunku i nasilenia procesów związanych z mikrobiologicznymi przemianami azotu w glebie nawożonej odpadem popieczarkowym oraz obornikiem. Podłoże popieczarkowe wprowadzano do gleby w trzech wariantach, tj. oddzielnie, łącznie z niższą dawką nawożenia NPK oraz łącznie z wyższą dawką NPK. W ramach badań w drugim i trzecim roku nawożenia analizowano liczebność bakterii i grzybów glebowych, nasilenie procesu amonifikacji i nityfikacji oraz aktywność ureazy.

Wyniki dotyczące rozwoju drobnoustrojów proteolitycznych wykazały, że w badanym okresie rozwój zarówno bakterii, jak i grzybów był stymulowany przez odpad. Jednak wyraźniej efekt ten zaznaczył się w obiekcie z nawożeniem mineralnym. Proces amonifikacji podlegał stymulacji jedynie wiosną w II roku trwania doświadczenia i tylko pod wpływem odpadu łącznie z nawożeniem NPK. Proces nityfikacji i aktywność ureazy były nasilone w całym okresie badań we wszystkich obiektach z odpadem, przy czym wyraźniej efekt ten zaznaczył się w obiektach z nawożeniem mineralnym.

The influence of several years of fertilizing spent mushroom waste on the activity of microorganisms related to nitrogen transformation

The research was undertaken to determine the direction and intensity of processes related to microbiological nitrogen transformations in soil fertilized with mushroom waste and with manure. The mushroom substrate was introduced into the soil in three variants, i.e. separately, together with a lower dose of NPK fertilization and together with a higher dose of NPK. As part of the research in the second and third year of fertilization, the number of soil bacteria and fungi, the intensity of the ammonification and nitrification process and the activity of urease were analyzed.

The results regarding the development of proteolytic microorganisms showed that in the studied period the development of both bacteria and fungi was stimulated by waste. However, this effect was more pronounced in the facility with mineral fertilization. The ammonification process was stimulated only in spring in the second year of the experiment and only under the influence of waste together with NPK fertilization. The nitrification process and urease activity were intensified throughout the entire study period in all facilities with waste, and this effect was more pronounced in facilities with mineral fertilization.

Ocena występowania drobnoustrojów uczestniczących w przemianach węgla i azotu po doglebowej aplikacji gnojowicy

Mirosław Kobierski¹, Barbara Breza-Boruta²

¹ Katedra Biogeochemii i Gleboznawstwa, ² Katedra Mikrobiologii i Technologii Żywności, Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, Politechnika Bydgoska

Nawozy naturalne (gnojowica i poferement) są bogatym źródłem składników pokarmowych, a ich umiejętne stosowanie pozwala uzyskać wysokie plony traw. Aplikacja doglebowa po drugim roku stosowania nawozów naturalnych poprawiła właściwości fizyczne, fizykochemiczne i zwiększyła zasobność w materię organiczną oraz zawartość przyswajalnych dla roślin makro- i mikroelementy, co przekłada się na wzrost i jakość plonu roślin. Zastosowanie aeratora i głębosza w połączeniu z doglebową aplikacją tych nawozów pozwoliło uzyskać bardzo dobrej jakości trawę (białko ogólne, tłuszcz surowy oraz włókno surowe). Wyniki badań mikrobiologicznych gleby po doglebowym zastosowaniu gnojowicy wskazują na pozytywne oddziaływanie na drobnoustroje uczestniczące w przemianach C i N. W warstwie 0-20 cm oraz 20-40 cm określono ogólną liczbę bakterii heterotroficznych, promieniowców (*Actinobacteria*), grzybów strzępkowych, drobnoustrojów rozkładających celulozę i białko, bakterii *Azotobacter* sp. W wyniku doglebowej aplikacji gnojowicy w odniesieniu do poletek kontrolnych wzrosła liczebność grzybów strzępkowych oraz drobnoustrojów rozkładających białko, a także bakterii asymilujących azot atmosferyczny z powietrza.

Badania zrealizowano w ramach projektu Akademia Trawy Agrihandler.

Assessment of the occurrence of soil microorganisms involved in carbon and nitrogen transformation after slurry application

Natural fertilizers (slurry and digestate) are a rich source of nutrients, and their relevant application allows high grass yields. Two years application of natural fertilizers improved the physical and physico-chemical soil properties and increased the abundance of organic matter and the content of plant-available macro- and microelements, which is reflected in the growth and quality of the crop yield. The use of an aerator and a subsoiler, in combination with a soil application of these fertilizers, resulted in very good grass quality (total protein, crude fat, and crude fibre). The results of the microbiological tests after slurry soil-applied indicate a positive effect on the microorganisms involved in C and N metabolism. The total number of heterotrophic bacteria, *Actinobacteria*, filamentous fungi, cellulose- and protein- decomposing microorganisms, and *Azotobacter* bacteria were determined in the 0-20 cm and 20-40 cm soil layers. The content of filamentous fungi, the abundance of protein- decomposing microorganisms and the abundance of bacteria assimilating atmospheric nitrogen from the air increased as a result of the soil application of slurry in comparison with the control plots.

The research was carried out as part of the Agrihandler Grass Academy project.

Wpływ bakterii *Azotobacter salinestris* na plon cebuli oraz na mikrobiologiczne parametry gleby

Beata Kowalska¹, Magdalena Szczech¹, Krzysztof Zachaj²

¹ Instytut Ogrodnictwa-PIB, ² Agrosimex Sp. z o.o.

Celem badań była ocena wpływu bakterii *Azotobacter salinestris* zastosowanych w postaci preparatu Rhizosum N plus na plon cebuli odm. Sochaczewska uprawianej w systemie integrowanym. Doświadczenie obejmowało trzy kombinacje: kontrola (pełne nawożenie N), Rhizosum N plus + pół dawki nawożenia N oraz Rhizosum N plus + Rosahumus + pół dawki nawożenia N. Badano także wpływ tego preparatu na liczebność *Pseudomonas* spp. i *Azotobacter* spp, aktywność dehydrogenazy oraz aktywność mikrobiologiczną (współczynnik Weavera-Shannona) i bioróżnorodność gleby (AWCD) analizowaną za pomocą testów BIOLOG. Stwierdzono, że po oprysku roślin badanym preparatem liczebność bakterii *Azotobacter* sp. na szczypiorze wzrasta i ich liczebność utrzymuje się na dość wysokim poziomie do 35 dni. Podobnie liczebność tych bakterii w glebie była wyższa w kombinacjach traktowanych Rhizosum N plus przynajmniej do 14 dni po aplikacji. W glebie pobranej z kombinacji Rhizosum N plus + Rosahumus uzyskano wzrost aktywności funkcjonalnej mikroorganizmów – wzrost wartości współczynnika Weavera-Shannona (H). Traktowanie roślin Rhizosum N plus wpłynęło pozytywnie na całkowity plon cebuli, który był wyższy niż w kontroli o 31,8%. Takiego efektu nie uzyskano, gdy rośliny traktowano Rhizosum N plus łącznie z Rosahumusem.

Badania współfinansowane przez firmę Agrosimex Sp. z o.o.

Effect of *Azotobacter salinestris* on onion yield and soil microbiological parameters

The aim of the study was to evaluate the effect of *Azotobacter salinestris* bacteria applied in the form of Rhizosum N plus on the yield of onion cv. Sochaczewska grown in an integrated system. The experiment included three treatments: control (full N fertilization), Rhizosum N plus + half-dose of N fertilization, and Rhizosum N plus + Rosahumus + half-dose of N fertilization. The effect of this preparation on the number of *Pseudomonas* spp. and *Azotobacter* spp., dehydrogenase activity, and microbial activity (Weaver-Shannon coefficient) and soil biodiversity (AWCD) analyzed by BIOLOG tests was also studied. It was found that after spraying the plants with the tested preparation, the abundance of *Azotobacter* sp. bacteria on the chives increases and their abundance remains quite high up to 35 days. Similarly, the abundance of these bacteria in the soil was higher in treatments treated with Rhizosum N plus at least until 14 days after application. An increase in the functional activity of microorganisms - an increase in the Weaver-Shannon coefficient (H) value - was obtained in the soil taken from the Rhizosum N plus + Rosahumus treatment. Rhizosum N plus had a positive effect on the total yield of onions, which was higher by 31.8% than in the control. Such an effect was not obtained when plants were treated with Rhizosum N plus together with Rosahumus.

Mikroorganizmy w ochronie pszenicy przed porażeniem przez *Fusarium* sp.

Anna Koziróg¹, Kinga Koszela^{1,2}, Jakub Jastrzębowski^{1,3}

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

^{2/3} Student wykonujący pracę ²inżynierską/ ³magisterską w Instytucie Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Politechnika Łódzka, Łódź

Grzyby strzępkowe z rodzaju *Fusarium* sp. powodują wiele chorób zbóż, atakując rośliny już na etapie kiełkowania ziaren. Z tego względu ziarna poddaje się procesowi zaprawiania, wykorzystując najczęściej związki syntetyczne. Coraz częściej zastosowanie znajdują także naturalne zaprawy zawierające w swym składzie np. mikroorganizmy. Celem badań była ocena bakterii *Bacillus* ssp., *Paenisporsarcina* spp. oraz grzybów strzępkowych *Trichoderma* spp. jako biokomponentów naturalnego preparatu do zaprawiania pszenicy. W toku prac sprawdzono działanie przeciwgrzybowe pojedynczych monokultur badanych mikroorganizmów wobec *Fusarium* sp., przygotowano mieszanki najbardziej aktywnych szczepów, sprawdzając ich działania antagonistyczne. Kolejno zaprawiano ziarna przygotowanymi biopreparatami, sprawdzając ich skuteczność w warunkach laboratoryjnych na pożywkach syntetycznych, jak i w testach glebowych. Zastosowane biofungicydy pozwoliły na ograniczenie ilości ziaren porażonych przez *Fusarium graminearum* na pożywkach syntetycznych do 50 punktów procentowych, a w warunkach glebowych ograniczono występowanie infekcji pszenicy o ponad 90%.

Microorganisms in the protection of wheat against infection by *Fusarium* sp.

Filamentous fungi of the genus *Fusarium* sp. cause many cereal diseases, attacking plants already at the stage of grain germination. For this reason, grains are subjected to the dressing process, usually using synthetic compounds. Increasingly, natural dressings containing, for example, microorganisms in their composition are also used. The aim of the presented research was to evaluate the bacteria *Bacillus* ssp., *Paenisporsarcina* spp. and filamentous fungi *Trichoderma* spp. as biocomponents of a natural dressing preparation for wheat. In the course of the work, the antifungal activity of single monocultures of the tested microorganisms against *Fusarium* sp. was checked, and a mixtures of the most active strains were prepared, checking their antagonistic activities. Subsequently, grains were treated with the prepared biofungicides checking their effectiveness in laboratory conditions on synthetic media as well as in soil tests. The applied biofungicides allowed reducing the number of grains infected by *Fusarium graminearum* on synthetic media by up to 50 percentage points, and under soil conditions the incidence of wheat infection was reduced by more than 90%.

Wpływ wybranych ekstraktów roślinnych na porażenie liścia flagowego pszenicy ozimej przez *Drechslera tritici-repentis*

Weronika Kursa, Agnieszka Jamiołkowska,

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Katedra Ochrony Roślin

Znaczenie i szkodliwość brunatnej plamistości liści powodowanej przez *Drechslera tritici-repentis* (Died.) Shoemaker w ostatnich latach intensywnie rośnie. Celem dwuletnich badań polowych (2023–2024) było określenie stopnia porażenia liścia flagowego pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) odmiany ‘Venecja’ przez brunatną plamistość liści (DTR) po zastosowaniu ekstraktów roślinnych. W doświadczeniu zastosowano trzykrotny oprysk roślin 20% stężeniem mieszaniny ekstraktów (M) z szafalii lekarskiej, wrotyczu pospolitego i konopi siewnych oraz 20% ekstrakt z konopi siewnych (H). Jako kontroli użyto wody (C) oraz fungicydu – tebukonazol (F) (250 g·dm⁻³) (Tarcza® Łan Extra 250 EW). Opryski aplikowano w 3 fazach rozwojowych pszenicy BBCH 29, 39 i 55. Wyniki wyrażono jako procentowy indeks porażenia z wykorzystaniem klucza graficznego EPPO PP 1/26(4). W pierwszym roku najwyższy wskaźnik porażenia liścia flagowego przez DTR odnotowano po oprysku fungicydem (F – 37,27%). Wartość ta była statystycznie wyższa tylko od wartości z kombinacji H (24,43%) i M (26,05%). W drugim roku, indeks porażenia liścia flagowego, po oprysku ekstraktami roślinnymi kształtował się na bardzo niskim poziomie (H – 6,23%; M – 9,50%) i był statystycznie niższy niż w C (42,80%). Uzyskane wyniki stanowią podstawę do dalszych badań uwzględniających selektywność i możliwości praktycznego wykorzystania ekstraktów roślinnych.

Effect of selected plant extracts against *Drechslera tritici-repentis* on winter wheat flag leaf

The importance and harmfulness of brown leaf spot caused by *Drechslera tritici-repentis* (Died.) Shoemaker has been increasing intensively in recent years. The aim of a two-year field study (2022-2024) was to determine the extent of flag leaf infestation of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivar ‘Venecja’ by brown leaf spot (DTR) after application of plant extracts. In the experiment, the plants were sprayed three times with a 20% concentration of a mixture of extracts (M) from sage, tansy and hemp and 20% extract from hemp (H). Water (C) and the fungicide tebuconazole (F) (250 g·dm⁻³) (Tarcza® Łan Extra 250 EW) were used as controls. Sprays were applied at 3 developmental stages of wheat BBCH 29, 39 and 55. The results were expressed as a percentage infestation index based on EPPO graphic key PP 1/26(4). In the first year, the highest index of flag leaf infestation by DTR was recorded after fungicide spraying (F – 37.27%). This value was statistically higher only than the values from combinations H (24.43%) and M (26.05%). In the second year, the flag leaf infestation index, after spraying with plant extracts, was at a very low level (H – 6.23%; M – 9.50%) and was statistically lower than in the C (42.80%). The results obtained provide a basis for further research taking into account the selectivity and potential for practical use of plant extracts.

Wgląd w filogenezę i antybiotykooporność *Pseudomonas* spp. z gleby Białowieckiego Parku Narodowego

Wioleta Lewandowska^{1,2}, Justyna Małgorzata Drewnowska²,
Monika Zambrzycka²

¹ Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych, Uniwersytet w Białymstoku

² Katedra Mikrobiologii i Biotechnologii, Wydział Biologii, Uniwersytet w Białymstoku

Rodzaj *Pseudomonas* obejmuje gatunki występujące w różnych środowiskach i znane z oporności na antybiotyki, jednak szeroko badano jedynie szpitalne izolaty *P. aeruginosa*. Dlatego aby wypełnić lukę w wiedzy na temat oporności na antybiotyki wśród innych *Pseudomonas* spp., zbadano 41 izolatów z próbek gleby pobranych w rezerwacie ścisłym Białowieckiego Parku Narodowego (BPN). To wyjątkowe środowisko, pozbawione znaczących wpływów antropogenicznych, zapewnia doskonałe warunki do badań nad antybiotykoopornością z punktu widzenia środowisk naturalnych. Drzewo filogenetyczne uzyskane na podstawie sekwencji nukleotydowej genu *gyrB* pogrupowało izolaty w klastry filogenetyczne należące do grup *P. fluorescens*, *P. koreensis* i *P. putida*, pochodzące z linii *P. fluorescens*. Wszystkie badane izolaty wykazywały oporność na co najmniej 12 z 24 testowanych antybiotyków. Wykryto oporność na kolistynę, cefotaksym i imipenem odpowiednio u 73, 73 i 17% izolatów. Wśród izolatów *Pseudomonas* spp. z BPN potwierdzono obecność szczepów opornych na karbapenemy oraz wykazano wzorzec genetyczny oporności „wrodzonej” charakterystyczny dla *P. aeruginosa*.

Insight into phylogeny and antibiotic resistance of *Pseudomonas* spp. originating from soil of the Białowieża National Park

The genus *Pseudomonas* includes species found in a variety of environments and known to be resistant to antibiotics, but only clinical isolates of *P. aeruginosa* have been widely studied. Therefore, to fill the knowledge gap on antibiotic resistance among other *Pseudomonas* spp., 41 isolates from soil samples collected in the strict reserve of the Białowieża National Park were examined. This unique environment, devoid of significant anthropogenic influences, provides excellent conditions for research on antibiotic resistance from the perspective of natural environments. The phylogenetic tree obtained on the basis of the nucleotide sequence of the *gyrB* gene grouped the isolates into phylogenetic clusters belonging to the groups *P. fluorescens*, *P. koreensis* and *P. putida*, originating from the *P. fluorescens* lineage. All isolates were resistant to at least 12 of the 24 antibiotics tested. Resistance to colistin, cefotaxime and imipenem was detected in 73, 73 and 17% of isolates, respectively. Among *Pseudomonas* spp. isolates from BPN, the presence of carbapenem-resistant strains was confirmed and a genetic pattern of "intrinsic" resistance characteristic of *P. aeruginosa* was demonstrated.

Zmiany mikrobioty jelitowej u miejskich ssaków w zależności od stopnia zurbanizowania środowiska

Rafał Łopucki¹, Ewa Sajnaga¹, Agnieszka Kalwasińska², Daniel Klich³, Ignacy Kitowski⁴, Dagmara Stępień-Pyśniak⁵, Henrik Christensen⁶, Kinga Ożga¹

¹ Katedra Biomedycyny i Badań Środowiskowych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1J, 20-708 Lublin

² Katedra Mikrobiologii Środowiskowej i Biotechnologii, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, ul. Lwowska 1, 87-100 Toruń

³ Katedra Genetyki i Ochrony Zwierząt, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, ul. Ciszewskiego 8, 02-786 Warszawa

⁴ Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Chełmie, ul. Poczтовая 54, 22-100 Chełm

⁵ Katedra Prewencji Weterynaryjnej i Chorób Ptaków, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Głęboka 30, 20-612 Lublin

⁶ Department of Veterinary and Animal Sciences, University of Copenhagen, Stigbøjlen 4, Frederiksberg C, Denmark

Mikrobiom jelitowy dzikich zwierząt podlega różnym wpływom środowiska, w tym zmianom antropogenicznym. W prezentowanej pracy przedstawiono badania zmian w mikrobiocie jelitowej ssaków w zależności od miejsca zamieszkiwania (miasta różnej wielkości). Do analiz pobrano próbki kału od zwierząt zamieszkujących tereny niezurbanizowane i tereny zielone miast różnej wielkości. Wykorzystano sekwencjonowanie metagenomiczne genu 16S rRNA. Stwierdzono istotne różnice w składzie mikrobiomów jelitowych pomiędzy badanymi populacjami. Zaobserwowane zmiany były zależne od lokalnych warunków siedliskowych, nie były jednak jednoznacznie skorelowane z wielkością obszaru zurbanizowanego. Uzyskane wyniki sugerują, że izolacja od pozamiejskiego środowiska nie prowadzi automatycznie do rozwoju „miejskiego mikrobiomu”. Ekspozycja na środowisko naturalne na terenach zielonych może służyć jako katalizator przemian mikrobiomu, zapewniając wcześniej niedoceniany wkład w utrzymanie rodzimych zbiorowisk drobnoustrojów jelitowych u ssaków miejskich.

Changes in the gut microbiota of urban mammals depending on the degree of urbanization of their environment

The gut microbiome of wild animals is subject to various environmental influences, including anthropogenic changes. This study investigated the changes in the gut microbiota of mammals that can be observed in cities of different sizes. Fecal samples were collected from animals inhabiting non-urban areas and green spaces in cities of various sizes. Metagenomic sequencing of the 16S rRNA gene was used for analysis. Significant differences were found in the composition of gut microbiomes between the studied populations. The observed changes were dependent on local habitat conditions but were not clearly correlated with the size of the urban area. The results suggest that isolation from non-urban environments does not automatically lead to the development of an "urban microbiome" model in urban mammals. Exposure to natural environments in green spaces may serve as a catalyst for microbiome transformation, providing a previously underappreciated contribution to maintaining native gut microbial communities in urban mammals.

Mikromacierze Biolog™ PM21-25 jako skuteczne narzędzie do oceny odpowiedzi *Neosartorya* spp. (teleomorfa *Aspergillus* spp.) na związki azotowe

Wiktoria Maj, Giorgia Pertile, Magdalena Frąć

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk w Lublinie.
ul. Doświadczalna 4, 20-209, Lublin; adres korespondencyjny: m.frac@ipan.lublin.pl

Grzyby *Neosartorya* spp. przyczyniają się nie tylko do kontaminacji produktów rolniczych i żywności, lecz także ze względu na termooporność są trudne do zwalczania w przemyśle przetwórczym, stanowiąc poważny problem w rolnictwie i ogrodnictwie. Dlatego też zrozumienie ich wrażliwości na bodźce środowiskowe, na przykład obecność związków azotu, ma kluczowe znaczenie dla opracowania skutecznych strategii kontroli występowania grzybów. W prezentowanym badaniu przestudiowano wpływ związków azotu na wzrost i aktywność metaboliczną grzybów *Neosartorya* spp. z wykorzystaniem mikromacierzy Biolog™ PM21-25. Wyniki pokazują, że związki, takie jak izoniazyd, chlorowodorek hydroksyloaminy i chlorowodorek mechloretyaminy, stymulowały przyrost biomasy po 144 godzinach inkubacji. W przeciwieństwie do nich cisplatyna, tiomocznik i hydroksymocznik wykazywały działanie hamujące wzrost grzybów, co sugeruje potencjalną użyteczność tych związków jako środków przeciwgrzybiczych. Analiza ta zapewnia unikalny wgląd w dynamikę metabolizmu grzybów, który może być wykorzystany do projektowania ukierunkowanych terapii przeciwgrzybiczych i poprawy bezpieczeństwa żywności.

Badania zostały zrealizowane dzięki wsparciu Narodowego Centrum Nauki, projekt Preludium Bis 2 (2020/39/0/NZ9/03421).

Biolog™ PM21-25 microarray as an effective tool in gauging *Neosartorya* spp. (teleomorph of *Aspergillus* spp.) response to nitrogen compounds

Neosartorya spp. fungi not only contribute to the contamination of agricultural products and food, but also, due to thermo resistance, are difficult to control in the processing industry, posing a serious problem in agriculture and horticulture. Therefore, understanding their sensitivity to environmental factors, such as the availability of nitrogen compounds, is critical for successful fungal management tactics. This study used Biolog™ PM21-25 microarrays to investigate how nitrogen compounds affect the growth and metabolic activities of *Neosartorya* spp. fungi. Our findings show that certain chemicals, such as isoniazid, hydroxylamine hydrochloride, and mechlorethamine hydrochloride, increased biomass gain after 144 hours of incubation. Notably, cisplatin, thiourea, and hydroxyurea inhibited fungal growth, indicating their potential use as antifungal substances. This assay provides unique insights into fungus metabolic dynamics, which can be used to design tailored antifungal therapies and improve food safety.

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

Możliwość profilowania sncRNA z wykorzystaniem kinaz polinukleotydowej T4 (T4PNK) i hydroksylazy alfa-ketoglutaranu- zależnej (AlkB)

Ariel Marchlewicz

IBBiOS, Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach

Małe niekodujące RNA (sncRNA), takie jak piRNA, miRNA, siRNA i snoRNA, to krótkie sekwencje RNA regulujące procesy transkrypcyjne i translacyjne, mogące znacząco wpływać na funkcjonowanie komórek. Ze względu na swoją długość (nawet 20 nt) i liczne modyfikacje, izolacja i analiza tych cząsteczek są wyzwaniem. Wstępne przygotowanie i analiza profili sncRNA mogą być użyteczne w badaniu długotrwałej ekspozycji na ksenobiotyki, ponieważ zmiany w sncRNA mogą odzwierciedlać reakcje organizmu na stres środowiskowy. Wykorzystanie T4PNK i AlkB pomaga uzyskać szerokie spektrum sncRNA. Monitorowanie konkretnych sncRNA, takich jak miRNA, wymaga wyboru odpowiednich cząsteczek do analizy. Profilowanie RNA umożliwia obserwowanie zmian w szerokim zakresie długości RNA, co pozwala na precyzyjną analizę wybranych cząsteczek. Kierunkowe sekwencjonowanie RNA bez specyficznych starterów umożliwia badanie różnorodnych, krótkich fragmentów sncRNA o nieznanym funkcjach. W szerszej perspektywie profilowanie sncRNA może stać się użytecznym narzędziem w ocenie skutków długotrwałej ekspozycji na ksenobiotyki w środowisku.

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

Possibility of sncRNA profiling using T4 polynucleotide kinase (T4PNK) and alpha-ketoglutarate-dependent hydroxylase (AlkB)

Small noncoding RNAs (sncRNAs), such as piRNA, miRNA, siRNA, and snoRNA, are short RNA sequences that regulate transcriptional and translational processes and can significantly impact cellular functions. Due to their length (even 20 nt) and numerous modifications make their isolation and analysis challenging. Preliminary preparation and analysis of sncRNA profiles can be useful in studying long-term exposure to xenobiotics. Changes can reflect the organism's response to environmental stress. The use of T4PNK and AlkB helps obtain a broad spectrum of sncRNA. Monitoring specific sncRNA, such as miRNA, requires selecting appropriate molecules for analysis. RNA profiling allows for observing changes across a wide range of RNA lengths, enabling precise analysis of selected molecules. Directional RNA sequencing without specific primers facilitates the study of various short sncRNA fragments with unknown functions. In a broader perspective, sncRNA profiling could become useful in assessing the effects of long-term exposure to xenobiotics in the environment.

The research activities were co-financed by the funds granted under the Research Excellence Initiative of the University of Silesia in Katowice.

Analiza różnorodności genetycznej zbiorowisk mikroorganizmów w warstwach podpowierzchniowych gleby w różnych systemach uprawy zbóż i roślin bobowatych

Mateusz Mącik¹, Dominika Siegieda¹, Agata Gryta¹, Jacek Panek¹,
Beata Feledyn-Szewczyk², Giacomo Pietramellara³, Shamina Imran Pathan³,
Magdalena Frąc¹ (m.frac@ipan.lublin.pl)

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

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

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

Uprawy współrzędne promują bioróżnorodność, tworząc bardziej odporny i produktywny agroekosystem. Celem badań była analiza składu taksonomicznego zbiorowisk bakterii i grzybów w różnych systemach uprawy pszenicy i roślin bobowatych w doświadczeniu polowym zlokalizowanym w Stacji Doświadczalnej Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa w Osinach. Próbkę gleby pobierano z warstw podpowierzchniowych gleby 15–30 cm, 30–60 cm oraz 60–90 cm. Różnorodność genetyczną zbiorowisk mikroorganizmów określono za pomocą sekwencjonowania następnej generacji (NGS). Uzyskane wyniki wykazały, że na skład taksonomiczny miał wpływ nie tylko sposób uprawy, lecz także głębokość profilu glebowego. Wśród zbiorowisk bakterii na poziomie typu dominowali przedstawiciele Proteobacteria, Actinobacteria oraz Acidobacteria, natomiast największy udział w kreowaniu społeczności grzybów miały mikroorganizmy należące do Ascomycota, Basidiomycota oraz Mortierellomycota.

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

Analysis of the genetic diversity of microbial communities in subsurface soil layers in various cereal and legume crop systems

Intercropping, promotes biodiversity, creating a more resilient and productive agroecosystem. The aim of this research was to analyze the taxonomic composition of bacterial and fungal communities in various wheat and legume cropping systems in a field experiment located at the Experimental Station of the Institute of Soil Science and Plant Cultivation in Osiny. Soil samples were taken from subsurface layers at depths of 15-30 cm, 30-60 cm, and 60-90 cm. The genetic diversity of microbial communities was determined using next-generation sequencing (NGS). The results showed that the taxonomic composition was influenced not only by the cropping method but also by the soil profile depth. Among bacterial communities at the phylum level, representatives of Proteobacteria, Actinobacteria, and Acidobacteria were dominant, while microorganisms belonging to Ascomycota, Basidiomycota, and Mortierellomycota had the greatest influence on shaping fungal communities.

Zależności między wybranymi związkami fenolowymi a aktywnością mikroorganizmów w glebach użytków zielonych w dolinie rzeki Obry

Justyna Mencil¹, Monika Gąsecka², Marta Molińska-Glura³,
Agnieszka Mocek-Płóćiniak¹

¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii,
Szydłowska 50, 60-656 Poznań, Polska

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Chemii, Wojska Polskiego 75,
60-625 Poznań, Polska

³ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Ekonomiki i Techniki Leśnej,
Wojska Polskiego 71c, 60-625 Poznań, Polska

Obiektem badań były wierzchnie warstwy gleb spod użytków zielonych, zlokalizowanych wzdłuż rzeki Obry (Nizina Wielkopolska, centralna Polska), pobrane we wrześniu 2022 roku. Na badanym obszarze wytypowano 5 jednostek syntaksonomicznych roślinności: *Molinietum caeruleae*, *Alopecuretum pratensis*, *Arrhenatheretum elatioris*, *Lolio-Cynosuretum* i zbiorowisko *Poa pratensis-Festuca rubra*. W próbkach glebowych oznaczono zawartości: C_{org.}, N_{og.} oraz wybranych związków fenolowych. Ponadto określono odczyn gleby (pH_{H2O} i pH_{KCl}), ogólną liczebność bakterii heterotroficznych, promieniowców i grzybów. Badania wskazywały na dodatnią korelację występowania promieniowców z kwasem cynamonowym i kawowym, bakterii heterotroficznych z kwasem *p*-kumarowym, ferulowym i katechiną oraz grzybów z kwasem galusowym i katechiną. Ponadto uwzględniając cechy istotne statystycznie, stwierdzono, że *Molinietum caeruleae* wykazuje odmienną strukturę w porównaniu z pozostałymi jednostkami roślinnymi, *Arrhenatheretum elatioris* i *Lolio-Cynosuretum* są podobne, natomiast zb. *Poa pratensis-Festuca rubra* i *Alopecuretum pratensis* charakteryzują się odmiennymi strukturami od pozostałych.

Relationships between selected phenolic compounds and microbial activity in grassland soils in the Obra River valley

The objects of the study were topsoils from under grasslands, located along the Obra River (Wielkopolska Lowland, central Poland), taken in September 2022. Five vegetation syntaxonomic units were selected in the study area: *Molinietum caeruleae*, *Alopecuretum pratensis*, *Arrhenatheretum elatioris*, *Lolio-Cynosuretum* and community *Poa pratensis-Festuca rubra*. In soil samples, the contents were determined: TOC, TN and selected phenolic compounds. In addition, the soil pH (in H₂O and KCl), the total number of heterotrophic bacteria, actinobacteria and fungi were determined. Our research indicates a positive correlation of actinobacteria with cinnamic and caffeic acid, heterotrophic bacteria with *p*-coumaric and ferulic acid and catechin, and fungi with gallic acid and catechin. In addition, taking into account statistically significant features, it can be concluded that *Molinietum caeruleae* shows a different structure compared to the other vegetation units, the *Arrhenatheretum elatioris* and *Lolio-Cynosuretum* group are similar, while com. *Poa pratensis-Festuca rubra* and *Alopecuretum pratensis* show different structures from the others.

Ocena skutków wprowadzenia hydrolizatu keratynowego do różnych typów gleb na podstawie liczebności mikroorganizmów i całkowitej puli DNA

Michał Możejko, Justyna Bohacz

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

Celem badań było przeanalizowanie wpływu zhydrolizowanego przez *Trichophyton ajelloi* odpadowego pierza kurcząt na ogólną liczebność bakterii, grzybów, drobnoustrojów proteolitycznych i celuloitycznych a także całkowitą pulę DNA w dwóch typach gleb, tj. kambisolu i czarnoziemie. Doświadczenie obejmowało warianty bez i z dodatkiem hydrolizatu, a także bez i z obsadą rzepaku. Stwierdzono, że liczebność bakterii w obu glebach była wyższa po zastosowaniu hydrolizatu, niezależnie od obecności rośliny, z wyjątkiem czarnoziemiu bez obsady roślin. Znacznie wyższy i pozytywny efekt hydrolizat keratynowy w obu glebach wywierał na populacje grzybów w wariantach bez obsady roślin. Hydrolizat ograniczył rozwój mikroorganizmów proteolitycznych w czarnoziemiu bez rzepaku i z jego obsadą. Wprowadzenie hydrolizatu korzystniej wpływało na bakterie celuloityczne zasiedlające czarnoziem niż kambisol, przeciwnie do grzybów celuloitycznych. Średni, istotny wzrost zawartości dsDNA pod wpływem hydrolizatu odnotowano w obu wariantach z kambisolem oraz czarnoziemem bez rośliny. Wprowadzony do kambisolu i czarnoziemiu hydrolizat keratynowy w ogólnym ujęciu zwiększał pulę glebowego dsDNA skorelowaną z liczebnością badanych zespołów drobnoustrojów i może stanowić nawóz poprawiający aktywność biologiczną gleb.

Evaluation of the effects of introduction of keratin hydrolysate into different soil types based on the number of microorganisms and total DNA pool

The aim of the study was to examine the effect of hydrolyzed by *Trichophyton ajelloi* waste chicken feathers on the total number of bacteria, fungi, proteolytic and cellulolytic microorganisms and the total DNA pool in two types of soils, i.e. Cambisol and Chernozem. The experiment included variants without and with the addition of hydrolysate, as well as without and with oilseed rape planting. It was found that the number of bacteria in both soils was higher after the application of the hydrolysate, regardless of the presence of the plant, except for Chernozem without plant cover. A significantly higher and positive effect was exerted by keratin hydrolysate in both soils on fungal populations in the variants without plant cover. The hydrolysate reduced the growth of proteolytic microorganisms in Chernozem without and with oilseed rape planting. The introduction of hydrolysate had a more favorable effect on cellulolytic bacteria colonizing Chernozem than Cambisol, contrary to cellulolytic fungi. An average significant increase in dsDNA content under the influence of the hydrolysate was recorded in both variants with Cambisol and Chernozem without the plant. Introduced into Cambisol and Chernozem, keratin hydrolysate in general increased the pool of soil dsDNA correlated with the abundance of the microbial assemblages studied and may be a fertilizer to improve the biological activity of soils.

Wpływ biofumigacji na mykobiom gleby replantowanej w szkółce drzew owocowych)

Alicja Niewiadomska¹, Robert Wieczorek², Agnieszka Wolna-Maruwka¹,
Adrianna Kubiak¹, Dorota Swędrzyńska¹, Zofia Zydlik²

¹ Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, ² Katedra Roślin Ozdobnych, Dendrologii
i Sadownictwa Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu,
ul. Wojska Polskiego 28, 60-637 Poznań

Problem konieczności regeneracji gleby jest oczywisty w przypadku uprawy drzew owocowych oraz szkółek produkujących drzewa, co wiąże się z wieloletnią monokulturą prowadzącą do zjawiska zwanego chorobą replantacyjną (ARD). Jednym ze wskaźników występowania ARD jest struktura mykobiomu.

Założono, że zastosowanie biofumigacji w postaci roślin fitosanitarnych – nagietka (*Tagetes patula* L.), gorczycy białej (*Sinapis alba*) i rzodkwi oleistej (*Raphanus sativus* var. *oleifera*) w odpowiedniej ilości, składzie i czasie zapewni roślinom składniki odżywcze i wpłynie na różnorodność mikrobiomu, w tym sieci grzybów, w kierunku korzystnego mykobiomu. Analiza metagenomiczna populacji grzybów przeprowadzona w oparciu o hiperzmienny region ITS1 jako narzędzie oceny zmian w mykobiomie badanych gleb wykazała, że biofumigacja, głównie z wykorzystaniem przedplonu nagietka (*Tagetes patula* L.) (R3), najlepiej przyczyniła się do wzrostu liczebności jednostek taksonomicznych OTU królestwa Fungi i kształtował się na poziomie gleb niezdegradowanych rolniczo. W tym wariancie doświadczenia największą liczbę jednostek taksonomicznych OTU odnotowano na poziomie *Phylum*, dla *Ascomycota* i dla grzybów pożytecznych *Mortierellomycota*, które wyniosły odpowiednio 39,82% i 7,73%. Nie stwierdzono takich zależności w przypadku gleb replantowanych z przedplonem gorczycy białej (*Sinapis alba*) i rzodkwi oleistej (*Raphanus sativus* var. *oleifera*).

The impact of biofumigation on the mycobiome of soil replanted in a fruit tree nursery

The problem of the need for soil regeneration is obvious in the case of growing fruit trees and nurseries producing trees, which is related to many years of monoculture leading to the phenomenon known as replantation disease (ARD). One indicator of ARD occurrence is the structure of the mycobiome.

It was assumed that the use of biofumigation in the form of phytosanitary plants – marigold (*Tagetes patula* L.), white mustard (*Sinapis alba*), and oil radish (*Raphanus sativus* var. *oleifera*) in the appropriate quantity, composition and time will provide the plants with nutrients and influence the diversity microbiota, including fungal networks, towards a beneficial mycobiome. Metagenomic analysis of fungal populations carried out based on the hypervariable ITS1 region as a tool for assessing changes in the mycobiome of the studied soils showed that biofumigation, mainly using the forecrop of marigold (*Tagetes patula* L.) (R3), best contributed to the increase in the abundance of taxonomic units of the OTUs of the Fungi Kingdom and was at the level of agriculturally undegraded soils. For this experiment variant, the highest number of OTU taxonomic units was recorded at the *Phylum* level, for *Ascomycota*, and for the beneficial fungi *Mortierellomycota*, which amounted to 39.82% and 7.73%, respectively. No such dependencies were recorded for soils replanted using white mustard (*Sinapis alba*) and oilseed radish (*Raphanus sativus* var. *oleifera*) forecrops.

Aktywność przeciwbakteryjna ciekłej frakcji powstającej w procesie pirolizy słomy pszennej

Agnieszka Nowak¹, Aleksandra Zielińska², Daniel Nowakowski³

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

² Katedra i Zakład Genetyki Medycznej, Wydział Nauk Farmaceutycznych w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach;

³ Energy and Bioproducts Research Institute, Aston University

W ostatnich latach coraz intensywniej poszukuje się naturalnych środków przeciwbakteryjnych i przeciwgrzybiczych, które mogłyby stanowić alternatywę dla syntetycznych środków chemicznych. Jednym z badanych rozwiązań jest użycie ciekłej frakcji z procesu pirolizy biomasy zawierającej lekkie związki organiczne, takie jak kwasy karboksylowe, ksyleny czy fenole, w literaturze opisywanej jako "wood vinegar", czy "pyroligneous acid". W przeprowadzonych badaniach wykazano, że ciekła frakcja z pirolizy słomy pszennej (temperatura procesu 350°C) już w stężeniu 0,025% związków czynnych działała biobójczo zarówno na szczepy bakterii gram-ujemnych (*Escherichia coli*), gram-dodatnich (*Staphylococcus epidermidis*), jak i grzyby z rodzaju *Candida*. Stężenie 0,5% całkowicie hamowało wzrost badanych bakterii, a drożdży w 40%. Uzyskane wyniki stanowią punkt wyjścia do prowadzenia dalszych badań w kierunku praktycznych antybakteryjnych i przeciwgrzybiczych zastosowań "pyroligneous acid".

Antibacterial activity of the liquid fraction produced in the pyrolysis process of wheat straw

In recent years, there has been an increasing search for natural antibacterial and antifungal agents that could constitute an alternative to synthetic chemicals. One of the solutions being investigated is the use of a liquid fraction from the biomass pyrolysis process containing light organic compounds such as carboxylic acids, xylenes and phenols, described in the literature as "wood vinegar" or "pyroligneous acid". Our research showed that the liquid fraction from the pyrolysis of wheat straw (process temperature 350°C) at a 0.025% concentration of active compounds had a biocidal effect on both strains of gram-negative bacteria (*Escherichia coli*), gram-positive bacteria (*Staphylococcus epidermidis*) and fungi of the genus *Candida*. A concentration of 0.5% inhibited the growth of the tested bacteria completely and yeast in 40%. The results constitute a starting point for further research into practical antibacterial and antifungal applications of "pyroligneous acid".

Badania szczepów grzybowych wyizolowanych z gleby ryzoferowej rzodkiewki w poszukiwaniu izolatów o potencjale biokontrolnym

Artur Nowak¹, Aleksandra Jezioro², Joanna Wrześniewska²,
Dominika Jagleniec², Ewa Jezioro², Julia Czerwonka², Justyna Korneluk²,
Karolina Gołąb², Klaudia Hołub², Magdalena Depa², Magdalena Swat²,
Oliwia Szykuła²

¹ Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, ² Studenckie Koło Naukowe Mikrobiologów „Bakcyl”, UMCS, Akademicka 19, 20-033 Lublin, Poland

Rzodkiewka (*Raphanus sativus* var. *sativus*) jest rośliną hodowaną w wielkoskalowych monokulturach przez niemal cały rok. Czas od zasiewu roślin do zbioru wynosi od 25–40 dni. Tak intensywna hodowla wpływa na bioróżnorodność gleby, która stanowi potencjalne źródło izolatów grzybowych o interesujących właściwościach. Do badań wykorzystano glebę związaną z korzeniami rzodkiewki, z której wykonano posiewy na podłoże Martina. Po 5 dniach inkubacji w 20°C, wyizolowano zróżnicowane morfologicznie izolaty grzybów strzępkowych. Uzyskane szczepy następnie przepasażowano kilkukrotnie na podłoże Martina, uzyskując ostatecznie 13 czystych kultur. Wszystkie badane izolaty wykazywały wzrost na podłożach PDA, SNA, Czapek-Dox i V8, przy czym najbardziej optymalnymi temperaturami były 20°C i 28°C. Cztery izolaty (RM06, RN15, RM16 i RM23) osiągnęły tempo wzrostu na poziomie 300 mm² na dzień. Badane szczepy wykazywały wzrost i aktywności na podłożach skринingowych (amylolityczne, celulolityczne, proteolityczne, rozpuszczanie fosforanów i synteza sideroforów). Największą efektywność (> 1) badane izolaty wykazywały na podłożu celulolitycznym przy czym 6 izolatów wykazywało efektywność > 1,5.

Characterisation of fungal strains isolated from radish rhizosphere soil in search of isolates with biocontrol potential

Radish (*Raphanus sativus* var. *sativus*) is a crop grown in large monocultures throughout the year. The time from sowing to harvest is between 25–40 days. Such intensive cultivation affects soil biodiversity and is a potential source of fungal isolates with interesting properties. For this study, radish root-bound soil was inoculated into Martin's medium. After five days of incubation at 20°C, morphologically diverse filamentous fungal isolates were isolated. The strains obtained were inoculated several times on Martin's medium until 13 pure cultures were obtained. All isolates tested showed growth on PDA, SNA, Czapek-Dox and V8 media at optimum temperatures of 20°C and 28°C. Four isolates (RM06, RN15, RM16 and RM23) reached a growth rate of 300 mm²/day. The isolates showed growth and activity on screening media (amylolytic, cellulolytic, proteolytic, phosphate solubilisation and siderophore synthesis). The isolates tested showed the highest efficiencies (> 1) on cellulolytic medium, with six isolates showing efficiencies > 1.5.

Biologiczne trio: bakteryjna ochrona roślin przed patogenami grzybowymi

Bożena Nowak, Daria Chlebek, Katarzyna Hupert-Kocurek

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

Grzyby *Sclerotinia sclerotiorum* są patogenem ponad 400 roślin, w tym rzepaku i słonecznika. W wyniku infekcji rośliny mają ograniczone procesy asymilacji i zmniejszoną zdolność do przewodzenia składników odżywczych i wody. Rosnące obawy związane ze stosowaniem fungicydów przyczyniają się do poszukiwania alternatywnych metod ochrony roślin, w tym opartych na kontroli biologicznej. Celem prowadzonych badań było określenie wpływu endofitycznego szczepu *Priestia megaterium* KW16 wyizolowanego z korzeni wiechliny łąkowej (*Poa pratensis* L.) na wzrost i rozwój roślin w obecności patogennego grzyba *S. sclerotiorum*. Do gleby skażonej grzybnią wprowadzono po 5 nasion rzepaku na doniczkę. Połowę roślin inokulowano szczepem KW16. Eksperyment prowadzono w pokoju hodowlanym, w warunkach 16 godz. dnia i 8 godz. nocy, w temperaturze 21°C i stałej wilgotności gleby. W ciągu 35 dni doświadczenia monitorowano wzrost, masę roślin oraz przeżywalność bakterii w roślinie i ich obecność w glebie. Obecność bakterii znosiła negatywny wpływ grzybowego patogena na wzrost rzepaku. Badany szczep wydaje się obiecującym czynnikiem biologicznych środków ochrony roślin.

Inkubator Innowacyjności 4.0; US/5/II 4.0/2021.

The biological trio: bacterial plant protection against fungal pathogens

Sclerotinia sclerotiorum is a fungal pathogen of more than 400 plants, including oilseed rape and sunflower. As a result of infection, plants have reduced assimilation processes and a reduced ability to conduct nutrients and water. Growing concerns about the use of fungicides are contributing to the search for alternative methods of plant protection, including those based on biological control. The present study aimed to determine the effect of the endophytic strain *Priestia megaterium* KW16 isolated from the roots of meadowgrass (*Poa pratensis* L.) on plant growth and development in the presence of the pathogenic fungus *S. sclerotiorum*. Five oilseed rape seeds per pot were introduced into soil contaminated with the fungus. Half of the plants were inoculated with strain KW16. The experiment was conducted in a culture room, under conditions of 16 h day and 8 h night, at 21°C and constant soil moisture. During the 35 days of the experiment, plant growth, weight and survival of bacteria in the plant and soil were monitored. The presence of the bacteria abolished the negative effect of the fungal pathogen on oilseed rape growth. The tested strain appears to be a promising agent for biological plant protection products.

Innovation Incubator 4.0; US/5/II 4.0/2021.

Jakość wód a rolnictwo: Rhizobia – obiecujące nowoczesne rozwiązania w dobie zmian klimatycznych

Tetiana Nyzhnyk^{1,2}, Edyta Kiedrzyńska^{1,3}, Marcin Kiedrzyński⁴, Sergii Kots²,
Maciej Zalewski¹

¹ Europejskie Regionalne Centrum Ekohydrologii PAN, Łódź, Polska

² Instytut Fizjologii i Genetyki Roślin NAS Ukrainy, Kijów, Ukraina

³ Uniwersytet Łódzki, Katedra UNESCO Ekohydrologii i Ekologii Stosowanej, Łódź, Polska

⁴ Uniwersytet Łódzki, Katedra Biogeografii, Paleoeologii i Ochrony Przyrody, Łódź, Polska

Badania jakości wód oraz zrównoważone i zintegrowane gospodarowanie zasobami wodnymi są szczególnie istotne, zwłaszcza w rolnictwie i produkcji żywności, gdyż w największym stopniu generują eutrofizację (dopływ fosforu, i azotu) i konsumują zasoby wodne. Stąd ważne jest z jednej strony opracowanie odpowiednich zintegrowanych systemów monitoringu jakości wody pracujących w trybie ciągłym. Z drugiej strony priorytetowym obszarem badań jest opracowanie optymalnych rozwiązań ograniczających zużycie nawozów i straty w plonach i zapewniających utrzymanie zrównoważonego rozwoju rolnictwa w obliczu zmian klimatycznych na skutek zakłócenia bilansu wodnego roślin. Jednym z rozwiązań może być działanie intensyfikujące, aby rośliny strączkowe mogły być zaopatrywane w azot i chronione przed zmianami klimatycznymi poprzez tworzenie efektywnych relacji symbiotycznych z bakteriami brodawkowymi (*Rhizobia*). Jest to ważny cel przy próbie uzyskania ekologicznie bezpiecznych i niedrogich plonów w warunkach zmian klimatycznych.

Water quality and agriculture: Rhizobia – promising modern solutions in the era of climate change

Quality water research and sustainable and integrated water resource management are particularly important, especially in agriculture and food production, as they generate the most eutrophication (phosphorus and nitrogen inflow) and consume water resources. Hence, it is important on one hand to develop appropriate integrated water quality monitoring systems that operate continuously. On the other hand, it is crucial to create optimal solutions that reduce fertilizer use and crop losses in the face of climate change due to disturbances in the water balance of plants. One possible solution could be intensifying actions so that leguminous plants can be supplied with nitrogen and protected against climate change by creating effective symbiotic relationships with nodule bacteria (*Rhizobia*). This is an important goal to achieve environmentally safe and cost-effective crops under conditions of climate change.

The research was carried out during the implementation of the tasks of the FOSMO Water project (HYDROSTRATEG1/000E/2022)

Kolorowe mikrofabryki – dobór warunków syntezy karotenoidów z udziałem bakterii

Anna Otlewska, Klaudia Kowalczyk, Milena Zaciewska

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

Mikroorganizmy stanowią mikrofabryki, będące producentami unikalnych związków wykorzystywanych w różnych gałęziach przemysłu. Jednym z wielu metabolitów syntetyzowanych przez bakterie są barwniki, w tym także karotenoidy. Tym barwnym związkom przypisuje się właściwości przeciwdrobnoustrojowe, przeciwzapalne, antyoksydacyjne, a nawet przeciwnowotworowe. Jednak z punktu widzenia biotechnologii istotne jest to, że stanowią alternatywę dla barwników chemicznych.

Celem badań był dobór warunków biosyntezy karotenoidów z udziałem szczepów bakterii z rodzajów *Rhodococcus*, *Plantibacter* i *Curtobacterium*. Określono wpływ formy pożywki, pH i ilości źródła węgla oraz naświetlania i temperatury hodowli na biosyntezę barwników i ich profil.

Forma pożywki i naświetlanie hodowli badanych bakterii wpływały na profil produkowanych karotenoidów, natomiast nie determinowały ich ilości. Optymalna temperatura procesu kształtowała się w zakresie 25–30°C. Największe ilości karotenoidów otrzymano w pożywce o pH 7–8 zawierającej 2,5 g·dm⁻³ glukozy.

Badane szczepy bakterii *Rhodococcus* spp., *Plantibacter* spp. i *Curtobacterium* spp. stanowią potencjalne źródło naturalnych barwników karotenoidowych, głównie β-karotenu, astakstantyny i zeaksantyny.

Colorful microfactories – selection of conditions for carotenoid synthesis by bacteria

Microorganisms are microfactories, producing unique compounds used in various industries. One of the many metabolites synthesized by bacteria are pigments, including carotenoids. These colored compounds are attributed with antimicrobial, anti-inflammatory, antioxidant and even anti-cancer properties. However, from the point of view of biotechnology, it is important that they are an alternative to chemical dyes.

The aim of the study was to determine the conditions of carotenoid biosynthesis by bacterial strains *Rhodococcus*, *Plantibacter* and *Curtobacterium* genera. The influence of the form of the medium, pH and the carbon source concentrations, as well as the light exposure and temperature of the culture on the pigments biosynthesis and their profile was examined.

The form of the medium and light exposure during the cultivation of the examined bacteria influenced the profile of carotenoids produced, but did not determine their amount. The optimal process temperature was in the range of 25–30°C. The highest amounts of carotenoids were obtained in the medium with pH 7–8, containing 2.5 g·dm⁻³ of glucose.

The studied bacterial strains of *Rhodococcus* spp., *Plantibacter* spp. and *Curtobacterium* spp. are a potential source of natural carotenoid pigments, mainly β-carotene, astaxanthin and zeaxanthin.

Analiza funkcjonalna genomu *Serendipita indica*

Jacek Panek¹, Daria Barańska¹, Dominika Siegieda¹, Giorgia Pertile¹,
Krzysztof Sikorski², Katarzyna Turnau², Magdalena Frąc^{1*}

¹ Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk,
ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, *m.frac@ipan.lublin.pl

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

Serendipita indica należy do grupy grzybów endofitycznych – grzyb ten zasiedla korzenie roślin. Dotychczasowe badania określają wpływ takiej kolonizacji korzeni jako pozytywny i stymulujący wzrost i rozwój roślin. Charakteryzacja genomu *S. indica* może pozwolić na określenie tego, które geny odgrywają rolę w kolonizacji roślin, jak i wpływają na ich wzrost i rozwój.

Celem prac badawczych była charakteryzacja genomu *Serendipita indica* z wykorzystaniem sekwencjonowania genomowego oraz narzędzi bioinformatycznych.

Przeprowadzono hybrydowe sekwencjonowanie genomowe *S. indica* w oparciu o Illumina Miseq z wykorzystaniem odczynników v3 2x300 pz oraz Oxford Nanopore Technologies MinION odczynnikami v14 i flow cell R10.4.1. Z uzyskanych sekwencji odfiltrowano typowe zanieczyszczenia, złożono z wykorzystaniem trybu hybrydowego assemblera SPAdes. Przeprowadzono kontrolę jakości w oparciu o QUAST oraz benchmarking BUSCO. Przeprowadzono anotację genomu z wykorzystaniem narzędzi funannotate, a następnie przeprowadzono analizę funkcjonalną KofamKOALA w oparciu o bazę KEGG.

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

Functional analysis of the *Serendipita indica* genome

Serendipita indica belongs to the group of endophytic fungi - it colonizes the roots of plants. Previous research identifies the impact of such root colonization as positive and stimulating plant growth and development. Characterization of the *S. indica* genome may make it possible to determine which genes play a role in both colonizing plants and affecting their growth and development.

The research work aimed to characterize the *Serendipita indica* genome using genomic sequencing and bioinformatics tools.

Hybrid genomic sequencing of *S. indica* was carried out based on Illumina Miseq using v3 2x300 bp reagents and Oxford Nanopore Technologies MinION with v14 reagents and flow cell R10.4.1. Typical contaminants were filtered out from the obtained sequences, assembled using SPAdes hybrid assembler mode. QUAST-based quality control and BUSCO benchmarking were performed. Genome annotation was performed using funannotate tools, followed by KofamKOALA functional analysis based on the KEGG database.

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

MHB (bakterie wspomagające mykoryzę) jako *game changer* w trójstronnej symbiozie (bakterie – mykoryza – roślina)

Małgorzata Pawlik, Monika Malicka, Zofia Piotrowska-Seget

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

Mykoryza arbuskularna to mutualistyczny związek grzybów arbuskularnych oraz roślin. Znaczącą rolę w prawidłowym rozwoju i funkcjonowaniu mykoryzy odgrywają bakterie wspomagające mykoryzę (MHB, mycorrhiza helper bacteria). Mechanizmy, dzięki którym MHB wspomagają kiełkowanie spor grzybowych, stymulują kolonizację mykoryzową korzeni oraz wymianę składników odżywczych pomiędzy symbiontami, są dotychczas słabo poznane. W przeprowadzonych badaniach potencjalne MHB wyizolowano ze skażonej węglowodorami mykosfery *Dactylis glomerata* oraz zbadano ich właściwości promujące wzrost roślin. Ponad 90% MHB miało zdolność do ruchu i produkcji auksyny. 70% szczepów solubilizowało fosforany. MHB nie syntetyzowały cyjanowodoru. Pojedyncze szczepy wytwarzały amoniak lub enzymy celulolityczne. Są to mechanizmy, które potencjalnie odpowiadają za wspomaganie wzrostu i rozwoju roślin, a bezpośrednio lub pośrednio – także mykoryzy. Wybrane MHB zostaną wykorzystane w badaniach nad znaczeniem trójstronnej symbiozy roślina – mykoryza – MHB we wspomaganiu fitoremediacji gleb skażonych WWA.

Badania zostały zrealizowane w ramach grantu finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki, SONATA 18 (2022/47/D/NZ8/03432).

MHB (mycorrhiza helper bacteria) as a *game changer* in tripartite symbiosis (bacteria – mycorrhiza – plant)

Arbuscular mycorrhiza is a mutualistic relationship between arbuscular fungi and plants. Mycorrhiza helper bacteria (MHB) play a significant role in the proper development and functioning of mycorrhiza. The mechanisms by which MHB support the germination of fungal spores, stimulate mycorrhizal colonization of roots and the exchange of nutrients between symbionts are so far poorly understood. In the conducted research, potential MHBs were isolated from the hydrocarbon-contaminated mycosphere of *Dactylis glomerata* and their properties to promote plant growth were examined. More than 90% of MHBs were motile and produced auxin. 70% of strains solubilized phosphates. MHBs did not synthesize hydrogen cyanide. Single strains produced ammonia or cellulolytic enzymes. These mechanisms are potentially responsible for supporting the growth and development of plants, and directly or indirectly, also the mycorrhizas. Selected MHBs will be used in research on the importance of the tripartite plant – mycorrhiza – MHB symbiosis in supporting phytoremediation of PAH-contaminated soils.

The research was supported by The National Science Centre in Poland (SONATA 18, Grant number 2022/47/D/NZ8/03432).

Zmiany profilowe aktywności enzymów przemian fosforu i biomasy mikrobiologicznej w glebach płowych pod wpływem różnych typów użytkowania rolniczego gleb oraz procesów glebotwórczych

Anna Piotrowska-Długosz, Jacek Długosz

Katedra Biogeochemii i Gleboznawstwa, Wydział Rolnictwa i Biotechnologii,
Politechnika Bydgoska im. J. J. Śniadeckich, ul. Bernardyńska 6, 85-029 Bydgoszcz

Zmiany aktywności enzymów związanych z przemianami fosforu glebowego oraz zawartość biomasy mikrobiologicznej badane były w ośmiu profilach gleb płowych zlokalizowanych na obszarach objętych zróżnicowanym użytkowaniem rolniczym (grunty orne – pszenica ozima, uprawy kilkuletnie – lucerna, winnice, sady). Oznaczano aktywność kwaśnej i alkalicznej fosfatazy (KF, AF), fosfodiesteraz oraz zawartość C i P biomasy mikrobiologicznej (MBC, MBP). Ponadto oznaczono masę korzeni roślin oraz ich parametry morfologiczne. Najwyższą aktywność enzymów oraz zawartość MBC i MBP oznaczono w poziomach powierzchniowych i podpowierzchniowych badanych gleb i malała ona w głąb profilu w różnym stopniu, podobnie jak zawartość węgla organicznego i azotu ogółem. We wszystkich poziomach genetycznych gleb badane właściwości były istotnie kształtowane zawartością węgla i jego przyswajalnością. Natomiast wpływ procesu lessivage (zawartość frakcji iłu) był widoczny tylko w przypadku aktywności KF, która była istotnie wyższa w poziomach illuwalnych (E) niż w poziomach eluwalnych (Bt). Ponadto jedynie aktywność KF była istotnie i dodatnio skorelowana z masą korzeni oraz ilością drobnych korzeni uprawianych roślin.

Badania finansowane były przez Narodowe Centrum Nauki, projekt 2018/29/B/NZ9/00982.

Vertical changes in P-acquiring enzyme activities and microbial biomass in Luvisols as affected by different types of agricultural land use and soil-forming processes

Changes in soil microbial biomass and the activities of P-cycling enzymes with depth were determined across the eight Luvisol profiles in four agricultural land uses including arable land (winter wheat), short-term cultivation (lucerne), vineyards and orchards. The activities of acid and alkaline phosphatase (AcP, AIP) and phosphodiesterase were assessed, as was the microbial biomass C and P content. Additionally, mass and morphological parameters of the plant roots were also assessed. The highest enzymatic activity and microbial biomass C and P content were found in the surface and sub-surface horizons and decreased with depth to varying degrees in parallel to the changes in total organic C and total N. The studied properties were mainly determined by means of the organic C content and availability in all genetic horizons, while the influence of the lessivage was only clearly pronounced for AcP activity, which was significantly higher in the illuvial layers (E) as compared to the eluvial horizons (Bt) in most of the considered profiles. What is more, only AcP activity was significantly and positively related to the root biomass and the number of small roots in the plants.

This research was funded by the National Science Centre, Poland, project 2018/29/B/NZ9/00982.

Ocena występowania wybranych genów zjadliwości oraz antybiotykooporności *Campylobacter jejuni* pozyskanych od koni

Marek Selwet

Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Badania dotyczyły występowania wybranych genów zjadliwości, antybiotykooporności i zdolności hemolitycznej szczepów *Campylobacter jejuni* wyizolowanych od koni. Badano wymazy pobrane z odbytnicy od 100 koni ze stajni na terenie Wielkopolski. Żaden z koni nie wykazywał typowych objawów chorobowych. Bakterie *Campylobacter* stwierdzono w 36 próbkach (36%) pobranych od 100 koni. Techniki molekularne zidentyfikowały 16 przypadków *C. jejuni* (44%). W próbkach nie zidentyfikowano *C. coli*. W dalszych badaniach nad występowaniem genów zjadliwości wykorzystano szesnaście izolatów *C. jejuni*. Gen *cadF* stwierdzono w 10 izolatach (62,5%). Zbadano także obecność genów odpowiedzialnych za występowanie cytoletalnej toksyny (CDT). Wyniki wykazały, że gen *cdtB* był obecny w 6 izolatach (37,5%), natomiast genów *cdtA* i *cdtC* nie wykryto. Test oporności na antybiotyki wykazał, że 7 izolatów było wrażliwych na wszystkie antybiotyki użyte w teście. Wszystkie szczepy były wrażliwe na cyprofloksacynę (CIP), gentamycynę (GE) i meropenem (MEM).

Assessment of the occurrence of selected virulence genes, and antibiotic resistance of *Campylobacter jejuni* isolates collected from horses

The study concerned the occurrence of selected virulence genes, antibiotic resistance and hemolytic capacity of *Campylobacter jejuni* strains isolated from horses. Swab samples collected per rectum from 100 horses from stables located in Wielkopolska region were studied. None of the horses exhibited typical disease symptoms. *Campylobacter* bacteria were found in 36 samples (36%) cultured from 100 horses. Molecular techniques resulted in the identification of 16 cases of *C. jejuni* (44%). No *C. coli* were identified in the samples. Sixteen *C. jejuni* isolates were used in further research on the occurrence of virulence genes. The *cadF* gene was found in 10 isolates (62.5%). The presence of the genes responsible for the occurrence of cytolethal distending toxin (CDT) was also investigated. The results showed that the *cdtB* gene was present in 6 isolates (37.5%), whereas *cdtA* and *cdtC* genes were not detected. The antibiotic resistance test revealed that 7 isolates were sensitive to all the antibiotics used in the test. All the strains were sensitive to ciprofloxacin (CIP), gentamicin (GE) and meropenem (MEM).

Opracowanie innowacyjnej technologii wytwarzania wzbogaconych mikrobiologicznie bionawozów wspomagających zrównoważoną produkcję roślinną i jej adaptację do zmian klimatu

Sylwia Siebielec

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy w Puławach

Celem głównym projektu jest opracowanie technologii wytwarzania bionawozów na bazie odpadów organicznych i mikroorganizmów, wspomagających zrównoważony rozwój produkcji roślinnej, szczególnie w odniesieniu do przeciwdziałania suszy – jako wsparcie dla rozwoju gospodarki odpadami w cyklu zamkniętym oraz strategii adaptacji i mitygacji zmian klimatu w rolnictwie. Opracowane zostaną technologie otrzymywania trzech rodzajów bionawozów na bazie: płynnego pofermentu, kompostu i biowęgla o wysokiej zawartości fitohormonów. Bionawozy będą nośnikiem mikroorganizmów wspomagających rozwój roślin w warunkach suszy. Aparatura w postaci reaktorów wiernie odzwierciedlających warunki fermentacji, kompostowania i torfikacji w skali przemysłowej zostanie zastosowana do wyprodukowania substratów zawierających maksymalnie wysokie zawartości fitohormonów oraz służących jako nośniki mikroorganizmów. Głównym rezultatem projektu będzie opracowanie innowacyjnych technologii łączących trzy różne strategie mające na celu zwiększenie odporności roślin na suszę i zmniejszenie strat plonów w sezonach o niekorzystnych warunkach wodnych.

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

Development of innovative technology for producing microbially enriched bio-fertilisers supporting sustainable crop production and its adaptation to climate change

The main objective of the project is to develop technology of biofertiliser production based on biodegradable waste and microorganisms, supporting development of sustainable crop production, especially to counteract drought conditions, as support for waste circular management and adaptation and mitigation to climate change. The technologies for producing three types of biofertilizers based on liquid digestate, compost and biochar and containing high level of phytohormones will be developed. Biofertilizers will be carriers of microorganisms supporting plant growth in drought conditions. The reactors faithfully reflecting the conditions of fermentation, composting and torrefication on an industrial scale will be used to produce substrates maximally rich in phytohormones and serving as carriers of consortia of dedicated microorganisms. The main result of the project will be the development of innovative technologies combining three different strategies aimed at increasing drought resistance of plants and reducing crop losses in seasons with insufficient rainfall.

Project funded under the competition Lider XII The National Centre for Research and Development; No. LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021.

Aktywność przeciwdrobnoustrojowa mikrobioty fermentowanych produktów mlecznych

Anna Sip, Anna Dobrowolska, Katarzyna Zarobkiewicz, Katarzyna Czaczyk

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Celem badań było ocenienie potencjału przeciwdrobnoustrojowego bakterii fermentacji mlekowej (LAB) będących dominującą mikrobiotą produktów mlecznych wytwarzanych na drodze fermentacji spontanicznych. Aktywność przeciwdrobnoustrojową LAB oznaczono w stosunku do patogenów zoonotycznych (bakterii *Listeria*, *Salmonella*, *Yersinia*, verotoksycznych *E. coli*, *Campylobacter*), a także innych bakterii chorobotwórczych wykrywanych w produktach mlecznych (*S. aureus*, *P. aeruginosa* i *C. sakazaki*). Ustalono, że ponad połowa badanych szczepów wykazywała antagonistyczną aktywność w stosunku do co najmniej jednego szczepu wskaźnikowego. Najciekawszymi profilami aktywności charakteryzowały się szczepy *Enterococcus faecium*, *Enterococcus durans*, *Leuconostoc mesenteroides* oraz *Lactiplantibacillus plantarum*. Szczepy te były m.in. zdolne do syntezy bakteriocyn oraz innych bakteriocynopodobnych związków. Ich potencjał przeciwdrobnoustrojowy zostanie wykorzystany do opracowania biopreparatów służących do poprawy jakości i bezpieczeństwa mikrobiologicznego żywności.

Badania zostały wykonane w ramach projektu pt. „Sieć uczelni przyrodniczych na rzecz rozwoju polskiego sektora mleczarskiego” nr 509-026 finansowanego z dotacji celowej Ministra Nauki.

Antimicrobial activity of the fermented dairy products microbiota

The aim of this study is to assess the antimicrobial potential of lactic fermentation bacteria (LAB), which are the predominant microbiota of dairy products manufactured by spontaneous fermentations. The antimicrobial activity of LAB was determined against zoonotic pathogens (*Listeria*, *Salmonella*, *Yersinia*, verotoxigenic *E. coli*, *Campylobacter*), as well as other pathogenic bacteria detected in dairy products (*S. aureus*, *P. aeruginosa* and *C. sakazaki*). It was found that more than half of the strains tested showed antagonistic activity to at least one indicator strain. The most interesting activity profiles were characterised by *Enterococcus faecium*, *Enterococcus durans*, *Leuconostoc mesenteroides* and *Lactiplantibacillus plantarum* strains. These strains were capable of synthesising bacteriocins and other bacteriocin-like substances. Their antimicrobial potential will be used to develop biopreparations to improve the quality and microbiological safety of food.

The research was carried out as part of the project ‘Network of natural science universities for the development of the Polish dairy sector’ No. 509-026 funded by a grant from the Minister of Sciences.

Ocena stanu mikrobiologicznego oczyszczonych ścieków szarych w kontekście ich wykorzystania do nawadniania roślin

Justyna Starzyk

Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Przedmiotem badań była ocena stanu mikrobiologicznego oczyszczonych ścieków szarych w kontekście ich wykorzystania do nawadniania roślin. Analizowano liczebność bakterii heterotroficznych, bakterii grupy coli, bakterii z rodzaju *Escherichia coli* oraz *Clostridium perfringens*, bakterii laktozoujemnych i laktozodatnich. W doświadczeniu modelowym wykorzystano układ do filtracji ścieku szarego zbudowany z kolumn wypełnionych siatką raszlową. Źródłem ścieku szarego był ściek powstały w wyniku prania odzieży pochodzącej z gospodarstwa domowego.

Wykazano, iż ogólna liczebność bakterii heterotroficznych, grupy bakterii laktozodatnich i laktozoujemnych, a także bakterii z grupy coli była wyższa po oczyszczeniu. Natomiast liczebność bakterii z rodzaju *E. coli* była wyższa w ścieku surowym. Analizę mikrobiologiczną uzupełniono o badania wskaźnikowe takie jak: BZT₅, ChZT, zawiesina ogólna, a także fosfor ogólny i azot ogólny. Parametry te dzięki oczyszczaniu zostały znacząco obniżone.

Assessment of the microbiological state of treated gray wastewater in the context of its use for irrigation of plants

The subject of the work is the assessment of the microbiological state of treated grey wastewater in the context of their use for plant irrigation. The number of heterotrophic bacteria, coliform bacteria, *Escherichia coli* and *Clostridium perfringens*, lactose-negative and lactose-positive bacteria were analyzed. In the model experiment, a grey-water filtration system was used, built from columns filled with a raschel mesh. The source of greywater was sewage generated as a result of washing household clothes.

It was shown that the total number of heterotrophic bacteria, lactose-positive and lactose-negative bacteria, as well as coliform bacteria was higher after treatment. On the other hand, the number of *E.coli* bacteria was higher in the raw sewage. The microbiological analysis was supplemented with indicator tests such as: BOD₅, COD, total suspended solids, as well as total phosphorus and total nitrogen. These parameters were significantly reduced.

Długoterminowy wpływ międzyplonu na właściwości mikrobiologiczne gleby

Dorota Swędrzyńska¹, Stanisław Grześ², Alicja Niewiadomska¹,
Arkadiusz Swędrzyński³

¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Agronomii

³ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Łąkarstwa i Krajobrazu Przyrodniczego

Celem badań było określenie wpływu międzyplonu na właściwości mikrobiologiczne gleby w drugim roku po jego zastosowaniu, w warunkach różnych systemów uprawy roli.

Badania prowadzono w latach 2021–2022 na materiale glebowym pochodzącym z doświadczenia polowego, w którym czynnikiem doświadczalnym były różne kombinacje systemu uprawy roli i stosowania międzyplonu: uprawa konwencjonalna bez międzyplonu, uprawa uproszczona bez międzyplonu i z międzyplonem (gorczyca), uprawa pasowa bez międzyplonu i z 4 wariantami międzyplonu – gorczyca, facelia, owies i mieszanka tych gatunków. Badano właściwości mikrobiologiczne gleby spod jęczmienia jarego, uprawianego po buraku cukrowym. Międzyplon zastosowano jeszcze wcześniej – po zbiorze pszenicy ozimej uprawianej przed burakiem cukrowym. Analizowano: aktywność dehydrogenaz, fosfataz i ureazy oraz liczebność bakterii heterotroficznych, oligotroficznych i koptroficznych oraz bakterii z rodzaju *Azotobacter*, promieniowców i grzybów.

Mimo że minęły niemal dwa lata od zastosowania międzyplonu, jego pozytywny wpływ na właściwości mikrobiologiczne gleby był istotny w odniesieniu do większości badanych parametrów.

Long-term effect of catch crop on soil microbiological properties

The aim of this study was to determine the effect of catch crop on soil microbiological properties in the second year after its application, under different tillage systems.

The research was carried out in 2021-2022 on soil material from a field experiment in which different combinations of tillage system and catch crop application (conventional tillage without intercrop, reduced tillage without intercrop and with mustard as cover crop, strip tillage without intercrop and with 4 variants of cover crop – mustard, phacelia, oats and a mixture of these species) were the experimental factor. The microbiological properties of the soil under spring barley, grown after sugar beets were studied. The catch crop was applied still earlier - after harvesting winter wheat grown before sugar beets. The following were analyzed: the activity of dehydrogenases, phosphatases and urease, as well as the abundance of heterotrophic, oligotrophic and copiotrophic bacteria, as well as bacteria of the genus *Azotobacter*, actinomycetes and fungi.

Despite almost two years since the cover crop was applied, its positive effect on soil microbiological properties was significant for most of the parameters studied.

Preparaty dwuskładnikowe o działaniu przeciwdrobnoustrojowym i ich potencjalne zastosowanie w naukach biomedycznych

Katarzyna Szałapata, Iwona Mazur, Anna Jarosz-Wilkolażka

Katedra Biochemii i Biotechnologii, Instytut Nauk Biologicznych,
Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, Akademicka 19, 20-033 Lublin

Implanty, jako ciała obce, są pozbawione naturalnej bariery ochronnej ze strony układu immunologicznego pacjenta i narażone na zakażenia drobnoustrojami. W celu zwiększenia potencjału aseptycznego biomateriałów opracowano metody ich modyfikacji z zastosowaniem nanocząstek srebra czy antybiotyków, jednak nawet takie podejście nie zapewnia całkowitego uniknięcia ryzyka zakażenia. Ponadto powszechność występowania zjawiska antybiotykooporności wymusza poszukiwanie nowych, bezpiecznych substancji o wysokim potencjale przeciwdrobnoustrojowym.

Celem doświadczeń było opracowanie składu mieszanin nowych preparatów dwuskładnikowych, wyłonionych na podstawie analiz FIC (*Fractional Inhibitory Concentration*). Preparaty te składają się z cząsteczki peptydu antymikrobiologicznego (AMP) oraz inhibitora enzymów proteolitycznych (jako składnika odpowiadającego za protekcję AMP przed niepożądanym efektem proteolizy) o właściwościach przeciwdrobnoustrojowych względem chorobotwórczych mikroorganizmów, tj. *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermidis*, *Pseudomonas aeruginosa* oraz *Candida albicans*.

Badania prowadzone w ramach projektu SONATA 2021/43/D/NZ7/01643 finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki.

Two-component antimicrobial preparations and their potential application in biomedical sciences

Implants, as foreign bodies, lack the natural protective barrier of the patient's immune system and are exposed to infections caused by a wide range of microorganisms. In order to increase the aseptic potential of biomaterials, many methods of their modification have been developed using silver nanoparticles or antibiotics, but even such an approach does not completely avoid the risk of infection. Moreover, the widespread occurrence of antibiotic resistance forces the search for new, safe substances with high antimicrobial potential.

The aim of the experiments was to develop the composition of mixtures of new two-component preparations, selected on the basis of FIC (*Fractional Inhibitor Concentration*) analyses. These preparations consist of an antimicrobial peptide (AMP) molecule and a proteolytic enzyme inhibitor (as a component responsible for protecting AMP against the undesirable effect of proteolysis), which exhibit antimicrobial properties against pathogenic microorganisms, i.e. *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermidis*, *Pseudomonas aeruginosa* and *Candida albicans*.

Research conducted as part of SONATA project 2021/43/D/NZ7/01643 financed by the National Science Centre, Poland.

Wpływ systemu uprawy na efektywność działania preparatów z grzybami *Trichoderma*

Magdalena Szczech, Beata Kowalska, Magdalena Ptaszek,
Anna Jarecka-Boncela, Jolanta Winciorek, Anna Michalska

Instytut Ogrodnictwa-PIB, Skierniewice

Znaczenie preparatów mikrobiologicznych w uprawach roślin wciąż rośnie. Stale jednak ich skuteczność nie jest stabilna i nie dorównuje działaniu środków chemicznych. Efektywność mikroorganizmów jest silnie uzależniona od czynników środowiskowych, gleby, rośliny uprawnej etc. Poznanie, które z tych czynników mają największe znaczenie, pozwoli modyfikować technologie stosowania preparatów mikrobiologicznych w celu poprawy ich skuteczności. Przedstawione badania wskazują wpływ dwóch systemów uprawy pomidorów gruntowych: integrowanego i ekologicznego na działanie preparatów zawierających grzyby *Trichoderma*. Doświadczenia prowadzono na polu doświadczalnym Instytutu Ogrodnictwa-PIB w Skierniewicach (w tym na certyfikowanym polu ekologicznym). Preparaty Trianum G oraz ligno-celulozowe mikrokapsuły z zarodnikami *T. atroviride* TRS14 aplikowano doglebowo przed wysadzeniem pomidorów. Wykonywano pomiary biomasy roślin, plonowania oraz wpływu zastosowanych preparatów na wybrane grupy mikroorganizmów glebowych oraz ich aktywność. Stwierdzono, że stosowane preparaty działały lepiej w systemie integrowanej uprawy pomidorów w porównaniu z systemem ekologicznym.

Badania wykonane w ramach międzynarodowego projektu BioHortiTech, finansowanego przez NCBiR w ramach programu SusCrop ERA-NET, wspólnej inicjatywy programowej w zakresie rolnictwa, bezpieczeństwa żywnościowego i zmian klimatycznych (FACCE-JPI).

Effect of cultivation system on the efficacy of *Trichoderma* bio-preparations

The importance of microbial inoculations in plant cultivations is increasing. However, their efficacy and stability is still not satisfactory as those of chemicals. The effects of microorganisms is strongly related to environmental conditions, soil, crop plants etc. The knowledge, which of these factors are of the highest significance may help to modify the method of application to improve microbial agents effectivity. Presented studies show the impact of two cultivation systems: integrated and organic, on the performance of *Trichoderma* preparations in tomato field cultivation. The experiments were conducted on the experimental field of The National Institute of Horticultural Research in Skierniewice (including certified organic field). The preparations Trianum G and lingo-cellulosic microcapsules with the spores of *T. atroviride* TRS14 were applied to the soil before tomato planting. The measurements of tomato biomass, yield and the impact of the preparations on the activity of selected microbial groups in soils were performed. It was found that both *Trichoderma* agents worked better in the integrated system of tomato cultivation.

Biodegradacja leków w środowisku

Michał Szopiński

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

Obecność leków w środowisku jest nieustannie rosnącym problemem. Jedną z głównych grup leków dostających się w coraz większej ilości do środowiska są niesteroidowe leki przeciwzapalne (NLP), do których należy np. ibuprofen. Ze względu na swoje działanie przeciwbólowe, przeciwzapalne i niską szkodliwość są one stosowane w społeczeństwie w bardzo dużych ilościach. NLP nie są w pełni metabolizowane przez człowieka przez co trafiają do środowiska w dużych ilościach w niezmienionej lub minimalnie zmienionej formie. Akumulacja NLP w środowisku może mieć szkodliwy wpływ na organizmy żywe, dlatego istotne jest znalezienie skutecznych i wydajnych metod ich usuwania w oczyszczalniach ścieków. Jednym z rozwiązań dla tego rosnącego problemu może być wzbogacenie systemów bioremediacyjnych w oczyszczalniach ścieków o mikroorganizmy zdolne do pełnej biodegradacji NLP.

Biodegradation of drugs in the environment

The presence of drugs in the environment is an ever-growing problem. One of the main groups of drugs getting into the environment in increasing quantities are non-steroidal anti-inflammatory drugs (NSAIDs), which include, for example, ibuprofen. Due to their analgesic effect and low harmfulness, they are used in the society in very large quantities. NSAIDs are not fully metabolized by humans by which they end up in the environment in large quantities in an unchanged or minimally altered form. Accumulation of NSAIDs in the environment can have harmful effects on living organisms, so it is important to find effective and efficient methods for their removal in wastewater treatment plants. One solution to this growing problem may be to enrich bioremediation systems at wastewater treatment plants with microorganisms capable of fully biodegrading NSAIDs.

Wpływ DMSO na aktywność metaboliczną drożdży *Saccharomyces cerevisiae*

Agata Święciło

Katedra Mikrobiologii Środowiskowej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Dimetylosulfotlenek (DMSO) to związek występujący naturalnie (przeważnie w nanomolarnych stężeniach), przede wszystkim w środowiskach wodnych, ale jest on także produkowany antropogenicznie i wykorzystywany na dużą skalę głównie jako rozpuszczalnik i krioprotektant. Celem prezentowanych badań było oznaczenie krótkotrwałego oddziaływania DMSO na komórki modelowego organizmu eukariotycznego – drożdży *S. cerevisiae* o zróżnicowanym statusie antyoksydacyjnym (mutanty $\Delta sod1$, $\Delta sod2$) i odpowiedzi na stres środowiskowy (ESR) (mutanty $\Delta msn2$, $\Delta msn4$ i podwójne $\Delta msn2msn4$). Jednogodzinna ekspozycja na DMSO, nawet w szerokim zakresie stężeń DMSO (2–20%), miała niewielki wpływ na aktywność metaboliczną komórek drożdży i stabilność ich błon komórkowych, ale wyraźnie zmieniła ich aktywność proliferacyjną. Komórki mutantu $\Delta sod1$ wykazały większą wrażliwość na DMSO w tych warunkach. DMSO w stężeniach od 4 do 10–14% (w zależności od szczepu i tła genetycznego) aktywował program odpowiedzi na stres środowiskowy, który warunkuje odporność na różnego typu stresy środowiskowe. Uzyskane wyniki wskazują, że DMSO pomimo, że jest uznawany za związek obojętny i bezpieczny dla systemów komórkowych może indukować szkodliwe efekty zwłaszcza w komórkach o obniżonym poziomie obrony antyoksydacyjnej oraz jest zdolny do uruchomienia uniwersalnych mechanizmów obronnych, co może być wskaźnikiem jego toksycznego potencjału.

Effect of DMSO on metabolic activity of *Saccharomyces cerevisiae* cells

Dimethyl sulfoxide (DMSO) is a naturally occurring compound (usually in nanomolar concentrations), mainly in aquatic environments, but it is also produced anthropogenically and used on a large scale mainly as a solvent and cryoprotectant. The aim of the presented study was to determine the short-term effect of DMSO on cells of a model eukaryotic organism – yeast *S. cerevisiae* with a varied antioxidant status ($\Delta sod1$, $\Delta sod2$ mutants) and response to environmental stress (ESR) ($\Delta msn2$, $\Delta msn4$ and double $\Delta msn2msn4$ mutants). One-hour exposure to DMSO, even in a wide range of DMSO concentrations (2–20%), had little effect on the metabolic activity of yeast cells and the stability of their cell membranes, but clearly changed their proliferative activity. $\Delta sod1$ mutant cells showed greater sensitivity to DMSO under these conditions. DMSO in concentrations from 4 to 10–14% (depending on the strain and genetic background) activated the environmental stress response program, which determines resistance to various types of environmental stresses. The obtained results indicate that DMSO, despite being considered a neutral and safe compound for cellular systems, may induce harmful effects especially in cells with a reduced level of antioxidant defense and is capable of activating universal defense mechanisms, which may be an indicator of its toxic potential.

Wpływ nanocząstek nieorganicznych na strukturę, właściwości i funkcjonowanie bakteryjnej błony komórkowej

Daniel Wasilkowski¹, Oliwia Metryka², Małgorzata Adamczyk-Habrajska³,
Agnieszka Mrozik¹

¹ Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet Śląski w Katowicach

² Szkoła Doktorska, Uniwersytet Śląski w Katowicach

³ Instytut Inżynierii Materiałowej, Uniwersytet Śląski w Katowicach

Unikalne właściwości fizykochemiczne i biologiczne nanomateriałów przyniosły nowe zastosowania technologiczne i przemysłowe. Wzrost wykorzystania inżynierskich metalicznych nanocząstek i nanomateriałów (NMs) wynika również z ich właściwości antibakteryjnych. Istnieje jednak obawa związana z niekontrolowanym uwalnianiem tych NMs do środowiska oraz ich potencjalnie toksycznymi efektami.

Obecnie, pomimo szeroko zakrojonych badań nad wpływem nanocząstek na komórki bakteryjne oraz ich wpływem na właściwości i funkcjonowanie błon, wiele kwestii pozostaje niewyjaśnionych.

Celem tego badania było zatem zbadanie wieloaspektowych efektów powszechnie używanych nanocząstek Ag, Cu, TiO₂ i ZnO na strukturę i funkcjonowanie błon komórkowych szczepów *Escherichia coli*, *Bacillus cereus* i *Staphylococcus epidermidis*. Wyniki jednoznacznie wskazały, że ich obecność zwiększała przepuszczalność błon i była silnie skorelowana ze zwiększonym wyciekaniem cytoplazmy. Profil kwasów tłuszczowych wykazał znaczące zmiany w udziale kwasów hydroksylowych, cyklopropanowych, rozgałęzionych i nienasyconych. Podsumowując, można stwierdzić, że *E. coli* wykazywało większą podatność na zmiany niż *B. cereus* i *S. epidermidis*.

Unveiling the influence of inorganic nanoparticles on bacterial cell membrane: structure, properties, and functionality

The unique physicochemical and biological properties of nanomaterials gave us new technological and industrial applications. The increasing use of engineered metallic nanoparticles and nanomaterials (NMs) is primarily due to their notable antibacterial properties. There is also a concern regarding to uncontrolled release of these NMs into the environment and their potentially toxic effects.

Nowadays, despite the extensive research conducted to comprehend the impact of NPs on bacterial cells and their effects on the membrane properties and functioning, many issues remain unexplained.

Hence, the objective of this study was to investigate the multifaceted effects of commonly used Ag-NPs, Cu-NPs, TiO₂-NPs, and ZnO-NPs on the structure and functionality of cell membranes in *Escherichia coli*, *Bacillus cereus* and *Staphylococcus epidermidis*. The results clearly showed that their presence enhanced membrane permeability and was strongly correlated with increasing cytoplasmic leakage. The fatty acid profile demonstrated significant changes in the proportions of hydroxyl, cyclopropane, branched, and unsaturated fatty acids. Conclusively, *E. coli* exhibited higher susceptibility to alterations than *B. cereus* and *S. epidermidis*.

Ocena wpływu preparatu nigerooligosacharydów na wzrost i aktywność kwasotwórczą bakterii mlekowych związanych ze środowiskiem życia pszczoły miodnej (*Apis mellifera* L.)

Kamila Wlizło¹, Aneta Ptaszyńska², Adam Waško³, Ewa Sajnaga⁴,
Marcin Grąż⁵, Klaudia Gustaw³, Adrian Wiater¹

¹ Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej UMCS,
ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

² Katedra Immunobiologii UMCS, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

³ Katedra Biotechnologii, Mikrobiologii i Żywienia Człowieka UP, ul. Skromna 8, 20-704 Lublin

⁴ Katedra Biomedycyny i Badań Środowiskowych KUL, ul. Konstantynów 1J, 20-708 Lublin

⁵ Katedra Biochemii i Biotechnologii UMCS, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

Nigerooligosacharydy (NOS) to stosunkowo słabo poznane cukry o właściwościach prebiotycznych, otrzymywane głównie na drodze kwaśnej hydrolizy (1→3)- α -D-glukanów. Celem badań było określenie wpływu NOS na selektywną stymulację wzrostu bakterii mlekowych związanych ze środowiskiem życia pszczoły miodnej oraz wytwarzanie kwasów karboksylowych podczas hodowli tych bakterii. W badaniach wykorzystano szczepy należące do rodzajów *Apilactobacillus*, *Fructobacillus* i *Leuconostoc*. Analiza uzyskanych wyników wykazała, że wzrost wszystkich bakterii był stymulowany obecnością nigerooligosacharydów w podłożu hodowlanym, a zdolność do utylizacji poszczególnych cukrów była szczepozależna. Analiza jakościowa i ilościowa kwaśnych metabolitów wykazała, że profile produkowanych związków w przypadku badanych szczepów były zróżnicowane. Sumarycznie największą ogólną ilość kwasów wydzielali do podłoża szczep *Leuconostoc mesenteroides*. Tymczasem największym zróżnicowaniem profilu metabolicznego charakteryzował się szczep *Apilactobacillus kunkeei*, który już od pierwszego dnia hodowli produkował znaczne ilości kwasu mlekowego, octowego oraz masłowego.

Evaluation of the effect of a nigerooligosaccharides preparation on the growth and acid-forming activity of lactic bacteria associated with the habitat of the honeybee (*Apis mellifera* L.)

Nigerooligosaccharides (NOS) are relatively poorly understood sugars with prebiotic properties, mainly obtained by acid hydrolysis of (1→3)- α -D-glucans. The aim of this study was to determine the effect of NOS on the selective stimulation of the growth of lactic acid bacteria associated with the honeybee habitat and the production of carboxylic acids during the culture of these bacteria. Strains belonging to the genera *Apilactobacillus*, *Fructobacillus*, and *Leuconostoc* were used in the present study. Analysis of the results showed that the growth of all bacteria was stimulated by the presence of nigerooligosaccharides in the culture medium and that the ability to utilise individual sugars was strain-dependent. Qualitative and quantitative analyses of the acidic metabolites showed that the profiles of the compounds produced by the strains studied varied. Overall, the highest total amount of acids was secreted into the medium by *Leuconostoc mesenteroides*. In contrast, the *A. kunkeei* strain had the most varied metabolic profile, producing significant amounts of lactic, acetic, and butyric acids from the first day of culture.

Wpływ immobilizacji na aktywność metaboliczną bakterii

Danuta Wojcieszńska, Anna Dzionek, Ariel Marchlewicz, Urszula Guzik

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

Badania prowadzono na szczepie *Planococcus* sp. S5 należącym do bakterii rozkładających naproksen, jeden z najpopularniejszych niesteroidowych leków przeciwzapalnych. Immobilizację szczepu przeprowadzono na gąbce roślinnej *Loofah*, co poprawiło efektywność degradacji. Badania kinetyczne wykazały zniesienie hamowania przez substrat obserwowanego w układzie wolnych komórek. Analiza intermedatów wykazała, że naproksen przekształcany jest do naftalenu i kwasu salicylowego.

Ponadto obserwowano również degradację naproksenu poprzez kwas 3-hydroksybenzoesowy do kwasu gentyzynowego. Po unieruchomieniu stwierdzono wyraźne zmiany w profilu metabolicznym szczepu, co było związane ze specyficznym mikrośrodowiskiem nośnika. Między innymi obserwowano większe zużycie związków fosforu i siarki. Z drugiej strony wykazano zmniejszenie metabolizmu związków azotu, w tym aminokwasów. Nie zaobserwowano natomiast różnic w wykorzystaniu źródeł węgla pomiędzy wolnymi a immobilizowanymi komórkami szczepu. Powyższe wyniki wskazują na zmiany metaboliczne po immobilizacji szczepu S5, a wysoka skuteczność degradacji naproksenu przez unieruchomiony szczep S5 umożliwia jego zastosowanie w bioremediacji.

Badania sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu OPUS 2018/29/B/NZ9/00424.

Influence of immobilization on the metabolic activities of bacteria

The research was conducted on the *Planococcus* sp. S5 strain, which belongs to bacteria that degrade naproxen, one of the most popular non-steroidal anti-inflammatory drugs. The strain was immobilized on the *Loofah* plant sponge, which improved the degradation efficiency. Kinetic studies demonstrated the abolition of the substrate inhibition observed in the free cell system. Intermediate analysis showed that naproxen is converted to naphthalene and salicylic acid.

Moreover, naproxen degradation *via* 3-hydroxybenzoic acid to gentisic acid was also observed. After immobilization, there were evident changes in the metabolic profile of the strain, which were related to the specific microenvironment of the carrier. Among other things, higher consumption of phosphorus and sulfur compounds was observed. On the other hand, a reduction in the metabolism of nitrogen compounds, including amino acids, has been demonstrated. However, no differences in the use of carbon sources were observed between free and immobilized cells of the strain. The above results indicate metabolic changes after immobilization of the S5 strain, and the high efficiency of naproxen degradation by the immobilized S5 strain allows its use in bioremediation.

The National Science Center financed research under the OPUS project 2018/29/B/NZ9/00424.

Wpływ szczepienia nasion bobiku bakteriami endofitycznymi

Małgorzata Woźniak, Anna Gałązka

Zakład Mikrobiologii, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy, e-mail: *m.wozniak@iung.pulawy.pl

Bobik (*Vicia faba* L.) to gatunek roślin strączkowych o dużym znaczeniu ekonomicznym i odżywczym na całym świecie, dlatego też rozwój strategii zarządzania w celu promowania wzrostu roślin i zwiększenia plonu ziarna roślin strączkowych jest bardzo interesujący dla zrównoważonego rolnictwa. W opracowaniu oceniono wpływ szczepienia nasion bobiku odm. Bobas (*Vicia faba* L.) bakteriami endofitycznymi na wzrost roślin. Oceniono parametry związane ze wzrostem, takie jak wysokość rośliny, długość korzeni oraz sucha masa roślin. Udowodniono, że zastosowane kombinacje inokulum bakteryjnego skutecznie promowały wzrost roślin bobiku. Koinokulacja roślin bakteriami z rodzaju *Rhizobium* i *Variovorax* była najskuteczniejsza w promowaniu wzrostu roślin, przy czym wszystkie parametry były istotnie większe niż w przypadku roślin kontrolnych. W celu dokładnej charakterystyki potencjału wytypowanych szczepów zaplanowano przyszłe badania szklarniowe i poletkowe.

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

The effect of inoculation of *Faba bean* seeds with endophytic bacteria

Faba bean (*Vicia faba* L.) is a legume species of great economic and nutritional importance worldwide, so the development of management strategies to promote plant growth and increase grain yield of legumes is of great interest for sustainable agriculture. In this study, the effect of inoculation of *Faba bean* (*Vicia faba* L.) seeds with endophytic bacteria on plant growth was evaluated. Growth-related parameters such as plant height, root length and plant dry weight were evaluated. It was proven that the bacterial inoculum combinations used effectively promoted bean plant growth. The co-inoculation of plants with bacteria of the genus *Rhizobium* and *Variovorax* was the most effective in promoting plant growth, with all parameters being significantly higher than those of the control plants. In order to accurately characterize the potential of the selected strains, future greenhouse and field studies have been planned.

The development was carried out as part of the implementation of task 1.7 of the targeted subsidy of the MRiRW in 2024 entitled "Microbiological preparations".

Wrażliwość mikroorganizmów i enzymów glebowych na indywidualną i połączoną toksyczność bisfenolu A i cynku

Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski

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

Wzrost świadomości społeczeństw na temat znaczenia gleb dla dobrostanu człowieka skutkuje tym, że promowane są skuteczne działania na rzecz zrównoważonego zarządzania zasobami glebowymi, głównie zachowanie ich różnorodności biologicznej. Pochylenie się nad toksycznością bisfenolu A (BPA) i cynku (Zn^{2+}) wynika z faktu, że światowa produkcja BPA w 2024 roku wyniesie prawdopodobnie 8,18 mln ton, a do 2029 roku ma osiągnąć 11,23 mln ton. Popyt na BPA spowodował uznanie go za substancję priorytetową, rozproszoną w mediach środowiskowych, w tym w osadach ściekowych, które są również istotnym źródłem cynku w glebach, co w konsekwencji przekłada się na 20 mln ha gruntów zanieczyszczonych tym ksenobiotykiem. Skalę zaburzeń homeostazy gleby zweryfikowano na podstawie strukturalnej różnorodności jej mikrobiomu, aktywności mikrobiologicznej i enzymatycznej oraz odpowiedzi *Sorghum Moench* i *Panicum virgatum* na presję tak indywidualnej, jak i połączonej toksyczności BPA oraz Zn^{2+} . Ekspozycja na ksenobiotyki i ich kompilację ujawniła największą wrażliwość dehydrogenaz i ureazy. BPA jako jedyny indukował namnażanie się mikroorganizmów. Analiza NGS wyodrębniła we wszystkich obiektach unikalne rodzaje bakterii, reprezentujące phylum Actinobacteriota i Proteobacteria oraz grzybów przypisanych do phylum Ascomycota i Basidiomycota. *Panicum virgatum* okazało się rośliną mniej wrażliwą na zanieczyszczenia niż *Sorghum Moench*.

Sensitivity of soil microorganisms and enzymes to individual and combined toxicity of bisphenol A and zinc

Increasing public awareness of the importance of soils for human well-being is leading to the promotion of effective measures for the sustainable management of soil resources, in particular the conservation of their biodiversity. The focus on the toxicity of bisphenol A (BPA) and zinc (Zn^{2+}) stems from the fact that global production of BPA is expected to reach 8.18 million tonnes in 2024 and 11.23 million tonnes in 2029. The demand for BPA has led to it being recognized as a priority substance that is present in environmental media, including sewage sludge, which is also a significant source of zinc in soils, resulting in 20 mln ha of land being contaminated with this xenobiotic. The extent of disruption to soil homeostasis was demonstrated by the structural diversity of the soil microbiome, microbial and enzymatic activity, and the response of *Sorghum Moench* and *Panicum virgatum* to single and combined BPA and Zn^{2+} toxicity. Exposure to xenobiotics and their compilation revealed the greatest sensitivity of dehydrogenases and urease. BPA was the only one to induce microbial proliferation. NGS analysis identified unique bacterial genera in all subjects, representing the Actinobacteriota and Proteobacteria phyla, and fungi assigned to the Ascomycota and Basidiomycota phyla. *Panicum virgatum* proved to be a less sensitive plant to contaminants than *Sorghum Moench*.

Antybiotykooporność *Bacillus cereus sensu lato* izolowanych z żywności różnego pochodzenia

Monika Zambrzycka, Marek Bartoszewicz²

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

Obecność antybiotyków w środowisku występowania bakterii to silna presja elekcyjna prowadząca do rozwoju tolerancji względem coraz wyższych dawek terapeutycznych. *Bacillus cereus sensu lato* to fakultatywnie chorobotwórcze laseczki, które na ogół nie powodują infekcji krów, lecz są obecne w środowisku pozyskiwania i przetwórstwa mleka. Dlatego też mogą, mimo iż zazwyczaj nie są obiektem docelowym w terapii, mieć kontakt z wybranymi antybiotykami i stopniowo nabywać coraz wyższą tolerancję na wybrane antybiotyki. Dlatego w prezentowanej pracy porównano wrażliwość na wybrane klasy antybiotyków laseczek *B. cereus sensu lato* pozyskanych z mleka surowego pochodzącego z dużych gospodarstw rolnych ukierunkowanych na produkcję mleczarską z wrażliwością bakterii pochodzących z mleka z niewielkich gospodarstw ekologicznych. Uzyskane dane dotyczące występowania oporności oraz tolerowanych dawek antybiotyków (ocenione na podstawie wartości MIC₅₀) zestawiono z profilami enterotoksyczności, psychrotolerancji oraz z profilem genetycznym (MLST). Ustalono, że oporność wśród badanych bakterii dotyczy głównie β-laktamów i częściowo makrolidów, ale szczepy pochodzące z mleka z dużych gospodarstw rolnych tolerowały istotnie wyższe stężenia różnych grup antybiotyków w porównaniu ze szczepem z gospodarstw ekologicznych, co wskazuje na obecność silnej presji selekcyjnej i sprawia, że *B. cereus sensu lato* mogą stać się rezerwuarem antybiotykooporności.

Antibiotic resistance of *Bacillus cereus sensu lato* isolated from of various origins

The presence of antibiotics in the bacterial environment is one of the strongest selective pressures and can potentially lead to the gradual development of tolerance to increasingly higher doses of therapeutics. *Bacillus cereus sensu lato* are facultatively pathogenic rods that generally do not cause infections in cows but are present in the environment where milk is sourced and processed. Therefore, even though they are not typically the target of antibiotic therapy, they may come into contact with certain antibiotics and gradually acquire higher tolerance to these antibiotics.

In this study, we compared the sensitivity to selected classes of antibiotics of *B. cereus sensu lato* isolated from raw milk obtained from large dairy farms and bacteria from milk from small organic farms. The obtained data on the occurrence of resistance and tolerated antibiotic doses (assessed based on MIC₅₀ values) were compared with enterotoxicity profiles, psychrotolerance, and genetic profile (MLST). We found that resistance among the studied bacteria mainly concerns β-lactams and partially macrolides. However, strains from milk from large dairy farms tolerated significantly higher concentrations of various groups of antibiotics compared to strains from organic farms, indicating the presence of strong selective pressure and suggesting that *B. cereus sensu lato* could become a reservoir of antibiotic resistance.