



VI KONFERENCJA NAUKOWA
Bioróżnorodność środowiska glebowego
Puławy, 5–6 września 2024 roku



MATERIAŁY KONFERENCYJNE



Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa
Państwowy Instytut Badawczy

Zakład Mikrobiologii

**INSTYTUT UPRAWY NAWOŻENIA I GLEBOZNAWSTWA
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY**

ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy
tel. (81) 4786 700, 4786 800; fax: (81) 4786 900
e-mail: iung@iung.pulawy.pl www.iung.pulawy.pl
Dyrektor: *prof. dr hab. Mariusz Matyka*

Zakład Mikrobiologii Rolniczej
Kierownik: *dr hab. Anna Gałązka, prof. IUNG-PIB*
tel. (81) 4786 951; www.mikro-iung.pl

Dział Upowszechniania i Wydawnictw
Kierownik: *dr Monika Kowalik*
tel. (81) 4786 733

KOMITET ORGANIZACYJNY:

Przewodnicząca:
dr hab. Anna Gałązka, prof. Instytutu (IUNG-PIB, Puławy)

Członkowie:
Pracownicy Zakładu Mikrobiologii IUNG-PIB

SEKRETARIAT KONFERENCJI

dr Karolina Furtak
mgr Karolina Gawryjołek
e-mail: bio2024@iung.pulawy.pl

ISBN 978-83-7562-421-2

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

Skład komputerowy: mgr Katarzyna Mikulska

Konferencja odbędzie się pod honorowym patronatem **Ministra Nauki**
oraz honorowym patronatem **Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi**



**Minister
Nauki**



**Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego**



**Minister Rolnictwa
i Rozwoju Wsi**



**Ministerstwo Rolnictwa
i Rozwoju Wsi**

Konferencja otrzymała dofinansowanie z **Ministerstwa Edukacji i Nauki** w ramach programu „**Doskonała Nauka – Wsparcie konferencji naukowych**”.

Kwota dofinansowania wynosi 100 000 zł.



**Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego**



**Doskonała
Nauka**

Patronatem honorowym objął konferencję **Prezydent Miasta Puławy Paweł Maj**

**Prezydent
Miasta Puławy**



Patronat medialny nad wydarzeniem objęło czasopismo



Biotechnologia.pl

SPONSORZY



Life Science Innovator Since 1966



WSPÓŁPRACA



PROGRAM
VI KONFERENCJA NAUKOWA
„Bioróżnorodność środowiska glebowego”
05-06.09.2024 r., Puławy

5.09.2024 r. (czwartek)	
8:30–9:00	Rejestracja uczestników konferencji
9:00–9:30	Otwarcie Konferencji - przywitanie gości przez organizatorów i Dyrekcję Instytutu
	SESJA PLENARNA <i>prof. dr hab. Jadwiga Wyszowska, prof. dr hab. Wiesław Barabasz</i>
9:30–10:00	REFERAT PLENARNY <u>Pogrzeba M.</u> , Krzyżak J., Szada-Borzyszkowska A., Rusinowski S. <i>Samowystarczalny, inteligentny moduł zielonej infrastruktury miejskiej w adaptacji do zmian klimatu - projekt Mod4Grin w teorii i praktyce</i>
10:00–10:30	REFERAT PLENARNY <u>Chrzanowski Łukasz</u> <i>Ciecze jonowe: czy stają się nowym rodzajem zanieczyszczeń środowiskowych</i>
10:30–11:00	REFERAT PLENARNY <u>Drewniak Ł.</u> , Iwan M. <i>Wysokowęglowe popioły lotne jako polepszacze gleby</i>
11:00–11:20	<u>Kaczmarek P.</u> <i>Rolnictwo regeneratywne jako klucz do odbudowy zdrowia gleby i ochrony bioróżnorodności środowiska glebowego</i>
11:00–11:15	Dyskusja
11:15–12:00	Przerwa kawowa
	SESJA I <i>dr hab. Maria Chmiel, prof. dr hab. Jan Kucharski</i>
12:00–12:30	REFERAT PLENARNY <u>Krasowicz S.</u> , Madej A. <i>Innowacje w rolnictwie, a środowisko</i>
	REFERATY
12:30–13:00	Bogati K., Burkowska-But A., Golińska P., <u>Walczak M.</u> <i>Wpływ suszy na mikrobiotę i jej aktywność biologiczna w glebie</i>
13:00–13:30	<u>Wolińska A.</u> , Kruczyńska A., Jurczyk S., Banach A., Słomczewski A., Podlewski J., Kuźniar A. <i>Redukcja nawożenia azotowego zgodna ze strategią UE „Od pola do stołu” – wpływ na bioróżnorodność i plonowanie gleb spod monokulturowej uprawy kukurydzy (badania dwuletnie)</i>
13:30–13:45	Dyskusja
13:45–14:00	Pamiątkowe zdjęcie na dziedzińcu Pałacu
14:00–15:00	Przerwa obiadowa
	PANEL DYSKUSYJNY/SESJA PLAKATOWA
14:00–15:30	Sesja posterowa
	SESJA II <i>prof. dr hab. Krystyna Cybulska, prof. dr hab. Maciej Walczak</i>
15:30–16:00	Musiałowski M., Kowalewska Ł., Wójtowicz J., Bykowski M., Koziół-Lipińska J., <u>Dębiec- Andrzejewska K.</u> <i>Regeneracja gleby i promocja wzrostu roślin za pomocą bakteryjnych syderoforów</i>
16:00–16:30	<u>Kagan K.</u> , Kuźniar A., Kruczyńska A., Jurczyk S., Słomczewski A., Podlewski J., Wolińska A. <i>Bioróżnorodność i analiza funkcjonalna mikrobiomu spod upraw rzepaku i pszenicy</i>
16:30–17:00	<u>Oleńska E.</u> , Małek W., Sujkowska- Rybkowska M., Szopa S., Włostowski T., Aleksandrowicz O., Swiecicka I., Wójcik M., Thijs S., Vangronsveld J. <i>Bakterie i grzyby ryzosfery koniczyny białej (Trifolium repens L.) około 130-letniej hałdy Zn-Pb-Cd Bolesław w południowej Polsce</i>
17:00–17:15	Dyskusja
20:00–....	Uroczysta kolacja

PROGRAM
VI KONFERENCJA NAUKOWA
„Bioróżnorodność środowiska glebowego”
05-06.09.2024 r., Puławy

6.09.2024 r. (piątek)	
SESJA III	
<i>prof. dr hab. Magdalena Frąc, prof. dr hab. Jan Długoński</i>	
	REFERATY
9:00–9:30	Pikulicka A., Barabasz W. <i>Znaczenie i interakcje bakterii kwasu mlekowego (LAB) w układach gleba–roślina</i>
09:30–10:00	Szczech M. , Kowalska B., Wurm F., Ptaszek M., Jarecka A. <i>Jak rośliny towarzyszące mogą wpływać na wzrost roślin i działanie preparatów biologicznych</i>
10:10–10:20	Kowalska B. , Szczech M., Sabat T., Treder J. <i>Wpływ ściółek organicznych na plonowanie cukinii, ogórka i dyni olbrzymiej oraz na mikrobiologiczne właściwości gleby w uprawie ekologicznej</i>
10:20–10:50	Dyskusja
10:50–11:30	Przerwa kawowa
SESJA IV	
<i>Prof. dr hab. Jadwiga Stanek-Tarkowska; prof. dr hab. Stefan Martyniuk</i>	
	REFERATY
11:30–12:00	Józefowska A. <i>Co wiemy o różnorodności skąposzczetów w glebach przekształconych przez człowieka</i>
12:00–12:30	Furtak K. , Gawryjolek K., Wyzińska M. <i>Wpływ dodatku wybranych egzogennych osmoprotektantów na aktywność mikrobiologiczną gleby w różnych warunkach wilgotności</i>
12:30–13:00	Gałązka A. , Janczarek A., Ciepiel J., Gawryjolek K., Ukalska-Jaruga A., Marzec-Grządział A. <i>Ocena bioróżnorodności mikrobiomu gleb silnie zdegradowanych i długotrwale zanieczyszczonych ropą naftową – badania wstępne</i>
13:00–13:30	Dyskusja
12:30–13:00	WRĘCZENIE NAGRÓD* PODSUMOWANIE I ZAKOŃCZENIE KONFERENCJI
14:00–15:00	Obiad
17:00–....	Warsztaty terenowe „ Bioróżnorodność wąwozów lessowych ” Przejazd w okolice Kazimierza Dolnego

*Komisja Konkursowa wyłoni wśród prelegentów najlepszy referat oraz najlepszy poster w kategorii „Młody Naukowiec”

SPIS TREŚCI

REFERATY PLENARNE:

1. CHRZANOWSKI Ł.: *Ciecze jonowe: czy Stają się Nowym Rodzajem Zanieczyszczeń Środowiskowych?*..... 11
2. DREWNIAK Ł., IWAN M.: *Wysokowęglowe popioły lotne jako polepszacze gleby*..... 12
3. KRASOWICZ S., MADEJ A.: *Innowacje w rolnictwie a środowisko* 13
4. POGRZEBA M., KRZYŻAK J., SZADA-BORZYSZKOWSKA A., RUSINOWSKI S.: *Samowystarczalny, inteligentny moduł zielonej infrastruktury miejskiej w adaptacji do zmian klimatu – projekt Mod4Grin w teorii i praktyce*..... 14

REFERATY:

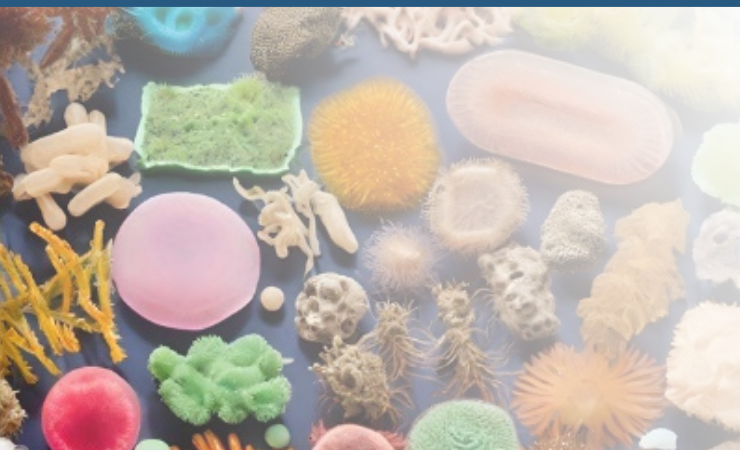
1. FURTAK K., GAWRYJOŁEK K., WYZIŃSKA M.: *Wpływ dodatku wybranych egzogennych osmoprotektantów na aktywność mikrobiologiczną gleby w różnych warunkach wilgotności*..... 16
2. GAŁĄZKA A., JANCZAREK A., CIEPIEL J., GAWRYJOŁEK K., UKALSKA-JARUGA A., MARZEC-GRZĄDZIEL A.: *Bioróżnorodność gleb długotrwale zanieczyszczonych ropą naftową – badania wstępne*..... 17
3. JÓZEFOWSKA A.: *Co wiemy o różnorodności skąposzczetów w glebach przekształconych przez człowieka?*..... 18
4. KAGAN K., KUŹNIAR A., KRUCZYŃSKA A., JURCZYK S., SŁOMCZEWSKI A., PODLEWSKI J., WOLIŃSKA A.: *Bioróżnorodność i analiza funkcjonalna mikrobiomu spod upraw rzepaku i pszenicy* 19
5. KOWALSKA B., SZCZECHE M., SABAT T., TREDER J.: *Wpływ ściółek organicznych na plonowanie cukinii, ogórka i dyni olbrzymiej oraz na mikrobiologiczne właściwości gleby w uprawie ekologicznej*..... 20
6. MUSIAŁOWSKI M., KOWALEWSKA Ł., WÓJTOWICZ J., BYKOWSKI M., KOZIOŁ-LIPIŃSKA J., DĘBIEC-ANDRZEJEWSKA K.: *Regeneracja gleby i promocja wzrostu roślin za pomocą bakteryjnych syderoforów* 21
7. OLEŃSKA E., MAŁEK W., SUJKOWSKA-RYBKOWSKA M., SZOPA S., WŁOSTOWSKI T., ALEKSANDROWICZ O., SWIECICKA I., WÓJCIK M., THIJS S., VANGRONSVELD J.: *Bakterie i grzyby ryzosfery koniczyny białej (*Trifolium repens* L.) około 130-letniej hałdy Zn-Pb-Cd Bolesław w południowej Polsce* 22
8. PIKULICKA A., BARABASZ W.: *Znaczenie i interakcje bakterii kwasu mlekowego (LAB) w układach gleba-roślina*..... 23
9. SZCZECHE M., KOWALSKA B., WURM F., PTASZEK M., JARECKA A.: *Jak rośliny towarzyszące mogą wpływać na wzrost roślin i działanie preparatów biologicznych*..... 24
10. BOGATI K., BURKOWSKA-BUT A., GOLIŃSKA P., WALCZAK M.: *Wpływ suszy na mikrobiotę i jej aktywność biologiczną w glebie*..... 25
11. WOLIŃSKA A., KRUCZYŃSKA A., JURCZYK S., BANACH A., SŁOMCZEWSKI A., PODLEWSKI J., KUŹNIAR A.: *Redukcja nawożenia azotowego zgodna ze strategią UE „Od pola do stołu” – wpływ na bioróżnorodność i plonowanie gleb spod monokulturowej uprawy kukurydzy (badania dwuletnie)*.. 26

POSTERY:

1. BARAŃSKA D., PANEK J., GRYTA A., PERTILE G., FRĄC M.: *Fenotypowa analiza szczepów z rodzaju *Bacillus* w celu selekcji efektywnych izolatów do inokulacji microgreens*..... 28
2. BURKOWSKA-BUT A., WALCZAK M., OSIŃSKA A.: *Zmiany w składzie ryzobiomu pszenicy podczas cyklu wegetacyjnego* 29
3. CYBULSKA K., PASTWA O.: *Ocena parametrów poprawiających żyzność gleby w wyniku aplikacji nowej linii nawozów otoczkowanych mikroorganizmami* 30
4. DZIOSA K., KOZIEŁ M., GAŁĄZKA A., MAKOWSKA M.: *Zastosowanie biowęgla z glonów *Chlorella* sp. jako środka polepszającego właściwości gleby w hodowli roślin bobowatych*..... 31

5. FRĄC M., GRYTA A., PANEK J., OSZUST K., SIEGIEDA D., PYLAK M., MAĆIK M.: <i>Holobiont roślinny i mikrobiom glebowy szansą dla zrównoważonej produkcji i zdrowia agroekosystemów</i>	32
6. FRYMARK-SZYMKOWIAK A., MATELA M.: <i>Zmiany aktywności biologicznej gleby na terenach leśnych zdewastowanych przez huraganowy wiatr w Nadleśnictwie Ryteł (Bory Tucholskie)</i>	33
7. FURTAK K., GAWRYJOŁEK K.: <i>Wpływ stresu solnego na kiełkowanie oraz wzrost pszenicy i rzepaku</i>	34
8. FUTA B., GMITROWICZ-IWAN J., MYSZURA-DYMEK M.: <i>Wskaźniki biochemiczne w ocenie bioróżnorodności środowiska glebowego wybranych obszarów Natura 2000</i>	35
9. GAWRYJOŁEK K., GAŁĄZKA A.: <i>Porównanie zawartości białek glebowych spokrewnionych z glomalinami w glebie leśnej oraz rolniczej</i>	36
10. GRYTA A., OSZUST K., BOGUZAS V., KRIAUCIŪNIENĖ Z., WEBER J., FRĄC M.: <i>Biochemiczna charakterystyka mikrobiomu glebowego w monokulturowej uprawie żyta i kukurydzy</i>	37
11. HARASIM E., KWIATKOWSKI C.A.: <i>Wpływ systemów gospodarowania oraz nawadniania na wybrane wskaźniki bioróżnorodności gleby pod zasiewami marchwi</i>	38
12. JANCZAREK A., CIEPIEL J., GAWRYJOŁEK K., UKALSKA-JARUGA A., ABRAMCZYK B., MARZEC-GRZĄDZIEL A., GAŁĄZKA A.: <i>Charakterystyka grzybów zasiedlających ryzosferę roślin ruderalnych pobranych z terenów zdegradowanych i zanieczyszczonych ropą naftową</i>	39
13. KLISZCZ A., PUŁA J.: <i>Zmiany w strukturze populacji dżdżownic na polu w następstwie stosowania środków ochrony roślin i nawozów mineralnych</i>	40
14. KOZIEŁ M., GAŁĄZKA A.: <i>Oddziaływanie różnych szczepów bakterii z rodzaju Pseudomonas wykazujących zdolność do solubilizacji fosforanów na wzrost pszenicy ozimej</i>	41
15. KUŹNIAR A., KRUCZYŃSKA A., THIJS S., VANGRONSVELD J., GRZĄDZIEL J., GAŁĄZKA A., WOLIŃSKA A.: <i>Syntetyczna społeczność mikroorganizmów (SynCom) jako składnik biopreparatu wspomagającego funkcjonowanie holobiontu pszenicy</i>	42
16. MAJ W., PERTILE G., FRĄC M.: <i>Wrażliwość Neosartorya spp. (teleomorf Aspergillus spp.) na związki o funkcjach membranowych dostępnych na mikroplątkach PM21-25 Biolog™</i>	43
17. MAĆIK M., PYLAK M., OSZUST K., FELEDYN-SZEWczyk B., PIETRAMELLARA G., PATHAN S.I., FRĄC M.: <i>Enzymatyczna dynamika i metaboliczne zróżnicowanie mikroorganizmów w uprawach współrzędnych zbóż i roślin bobowatych</i>	44
18. OSZUST K., ZAWADZKA K., PANEK J., GRYTA A., PYLAK M., FRĄC M.: <i>Specyficzność substratowa w profilach metabolicznych zbiorowisk mikroorganizmów zasiedlających glebę pod jabłonią w zależności od sposobu zagospodarowania gruntu</i>	45
19. PANEK J., BARAŃSKA D., SIEGIEDA D., PERTILE G., SIKORSKI K., TURNAU K., FRĄC M.: <i>Analiza rezystomu endofitycznego grzyba Serendipita indica</i>	46
20. PORĘBA L., SIEBIELEC S., SIEBIELEC G.: <i>Wpływ zielonej infrastruktury na aktywność mikrobiologiczną gleb miejskich</i>	47
21. PYLAK M., SIEGIEDA D., GRYTA A., PANEK J., FELEDYN-SZEWczyk B., PATHAN S.I., PIETRAMELLARA G., FRĄC M.: <i>Wpływ ekologicznej uprawy współrzędnej pszenicy na wskaźniki bioróżnorodności zbiorowisk mikroorganizmów glebowych w warstwach podpowierzchniowych gleby</i>	48
22. RADZISZEWSKA D., MIERZEJEWSKA-SINNER E., ZAGIBAŁO K., TOŁOCZKO W., URBANIAK M.: <i>Jak mikroorganizmy mogą wpływać na bioróżnorodność funkcjonalną gleby zanieczyszczonej herbicydami fenoksykwasowymi?</i>	49
23. SIEBIELEC S., SIEBIELEC G.: <i>Bionawozy w zrównoważonym zarządzaniu glebą</i>	50
24. SIEBIELEC S., SIEBIELEC G.: <i>Regeneracja gleb w obszarach miejskich</i>	51
25. SIEBIELEC S., SIEBIELEC G., GAŁĄZKA A.: <i>Aktywność metaboliczna na zredukowanym składowisku odpadów pokarmowych</i>	52
26. SIEBIELEC S., SIEBIELEC G., WOŹNIAK M., NOWAK A., JAROSZUK-ŚCISEŁ J.: <i>Potencjał biostymulacyjny ryzobakterii wyizolowanych z obszarów silnie zanieczyszczonych metalami ciężkimi</i>	53

27. SIEBIELEC S., SIEBIELEC G.: <i>Tereny zielone, obszary przemysłowe i ogródki działkowe w obszarach miejskich</i>	54
28. TROJAK-GOLUCH A.: <i>Zastosowanie grzybów strzępkowych w ochronie tytoniu przed TMV wsparciem dla hodowli odpornościowej</i>	55
29. WOŹNIAK M., SIEBIELEC S., SIEBIELEC G.: <i>Bioróżnorodność metaboliczna szczepów bakterii ryzosferowych wyizolowanych z upraw ekologicznych</i>	56
30. WOŹNIAK M., GAŁĄZKA A.: <i>Aktywność zewnątrzkomórkowych enzymów hydrolitycznych rodzimych szczepów bakterii endofitycznych</i>	57
31. ZABOROWSKA M., WYSZKOWSKA J., BOROWIK A., KUCHARSKI J.: <i>Struktura mikrobiomu gleby poddanej kontaminacji bisfenolem A i cynkiem</i>	58
32. ZAWADZKA K., OSZUST K., GRYTA A., PANEK J., PYLAK M., FRĄC M.: <i>Sposób zagospodarowania gruntu a właściwości fizykochemiczne gleb spod jabłoni</i>	59



REFERATY PLENARNE

CIECZE JONOWE: CZY STAJĄ SIĘ NOWYM RODZAJEM ZANIECZYSZCZEŃ ŚRODOWISKOWYCH?

ŁUKASZ CHRZANOWSKI

*Zakład Chemii Organicznej, Wydział Technologii Chemicznej, Politechnika Poznańska,
ul. Berdychowo 4, 60-965 Poznań*

e-mail: lukasz.chrzanowski@put.poznan.pl

Ciecze jonowe, z uwagi na swoje unikalne właściwości, wzbudziły duże zainteresowanie w wielu dziedzinach nauki, takich jak chemia, fizyka, inżynieria materiałowa, a nawet biotechnologia. Ich niezwykła wszechstronność i potencjał do zastosowań w różnych procesach technologicznych, od katalizy po separacje i magazynowanie energii, sprawiają, że są one tematem licznych badań. Każdego roku publikowane są tysiące prac naukowych, które dogłębnie analizują ich struktury, właściwości fizykochemiczne oraz możliwe zastosowania.

Jednakże, mimo że praktyczne aspekty wykorzystania cieczy jonowych są stosunkowo dobrze zrozumiane, ich oddziaływanie na środowisko naturalne pozostaje w dużej mierze niepoznane. Pytania dotyczące ich trwałości, mobilności oraz potencjalnego wpływu na ekosystemy wodne i glebowe wciąż pozostają bez jednoznacznych odpowiedzi. Szczególnie niepokojący jest fakt, że w świetle obecnej wiedzy możemy przypuszczać, iż ciecze jonowe mogą stanowić nową kategorię zanieczyszczeń środowiskowych, należących do tzw. „emerging contaminants” – czyli substancji, których wpływ na zdrowie ludzi i środowisko nie jest jeszcze w pełni zrozumiany, ale które budzą uzasadnione obawy.

Kluczowe pytania, na które trzeba znaleźć odpowiedzi, dotyczą tego, czy obecność cieczy jonowych w środowisku, szczególnie w wodzie i glebie, generuje specyficzne wyzwania dla mikroorganizmów, takie jak zakłócenia w procesach biodegradacji czy zmiany bioróżnorodności. Ponadto, ich toksyczność oraz zdolność do akumulacji w organizmach żywych może prowadzić do długoterminowych efektów, które obecnie nie są w pełni przewidywalne.

W ramach tego referatu zaprezentowane zostaną wyniki wielopłaszczyznowych badań nad cieczami jonowymi, które obejmują analizy ich biodegradacji, oceny toksyczności wobec różnych organizmów oraz badania wpływu na bioróżnorodność ekosystemów. Badania te mają na celu dostarczenie odpowiedzi na pytania dotyczące możliwości traktowania cieczy jonowych jako nowego rodzaju zanieczyszczeń oraz określenia, jakie wyzwania niosą one dla środowiska naturalnego.

Badania finansowane w ramach projektu NCN, OPUS 15 2018/29/B/NZ9/01136 „Bioaugmentacja bakteriami degradującymi herbicydy jako potencjalny czynnik sprzyjający rozprzestrzenianiu odporności na herbicydy wśród roślin”

WYSOKOWĘGLOWE POPIOŁY LOTNE JAKO POLEPSZACZE GLEBY

ŁUKASZ DREWNIAK*, MIKOŁAJ IWAN

*Zakład Mikrobiologii i Biotechnologii Środowiskowej, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii,
Uniwersytet Warszawski, ul. Miecznikowa 1, 02-096 Warszawa***e-mail: l.drewniak2@uw.edu.pl*

Popiół lotny z węgla kamiennego (CFA) stanowi około 65–95% całkowitych odpadów powstających podczas energetycznego spalania węgla [1]. Globalna produkcja tych odpadów wynosi około 800 mln ton rocznie [2], z czego 500 mln ton jest produkowane w Chinach, 140 mln ton w Indiach, a 115 mln ton łącznie w Stanach Zjednoczonych i Unii Europejskiej. Około jedna czwarta tej globalnej produkcji znajduje zastosowanie ekonomiczne (w przemyśle metalurgicznym i budowlanym, rolnictwie itp.), ale reszta jest składowana długoterminowo w postaci hałd przemysłowych lub na wysypiskach. Jednym z powodów, dla których popiół lotny trafia na wysypiska zamiast być przetwarzany w przemyśle budowlanym, jest obecność pozostałości (niespalonego) węgla w postaci wielopierścieniowych węglowodorów aromatycznych (WWA), takich jak naftalen, fluoranten, antracen, fenantren itp. [3–5]. Obecność WWA znacząco przyczynia się do toksyczności CFA, ponieważ udowodniono, że mają one działanie rakotwórcze i toksyczne dla organizmów żywych [3, 6, 7]. Oprócz zanieczyszczeń organicznych, składowany popiół lotny zawiera również metale ciężkie (HM) (Pb, As, Hg, Cd, Se, Cu, Cr, Ni) [8, 9] oraz pewne ilości cennych pierwiastków ziem rzadkich (REE), takich jak Nd, Y, La czy Gd [8]. Taka kompozycja popiołów lotnych oraz ich charakter alkaliczny wpływają na wysoki potencjał do zastosowania jako polepszacze gleby w rekultywacji terenów rolniczych i przemysłowych. Mogą one być zastosowane w celu: (i) poprawy struktury gleby, zwiększając jej przepuszczalność oraz napowietrzenie. W przypadku gleb ciężkich, takich jak gliny, popioły mogą pomóc w rozluźnieniu struktury gleby; (ii) wzbogacenia gleby w mikroelementy i pierwiastki, które są niezbędne dla wzrostu roślin, doprowadzając do poprawy plonów; (iii) regulacji pH gleby – popioły lotne, ze względu na swoje właściwości alkaliczne, mogą być stosowane do neutralizacji kwaśnych gleb. W ramach prezentacji zostaną zaprezentowane potencjalne zalety zastosowania oraz ograniczenia i ryzyka związane z obecnością i formami chemicznymi niespalonego węgla, zawartością metali ciężkich oraz innych potencjalnych zanieczyszczeń gleb.

Literatura

1. Xu, G. & Shi, X. *Resour. Conserv. Recycl.* **136**, 95–109 (2018).
2. Belviso, C. *Prog. Energy Combust. Sci.* **65**, 109–135 (2018)
3. Mastral, A at al. *Polycycl. Aromat. Compd.* **22**, 571–578 (2002).
4. Apostolova, D., at al. *Int. J. Coal Geol.* **243**, 103782 (2021).
5. Liu, K., at al. *Environ. Sci. Technol.* **34**, 2273–2279 (2000).
6. Fallahtafti, S., at al. *Aquat. Toxicol.* **106**, 56–64 (2012).
7. Lee, J. H. at al. *Environ. Sci. Technol.* **36**, 3124–3130 (2002).
8. Franus, W. at al. *Environ. Sci. Pollut. Res.* **22**, 9464–9474 (2015).
9. Yuan, Q. at al. *Waste Manag.* **135**, 428–436 (2021).

Niniejsze badania zostały sfinansowane w całości przez Narodowe Centrum Nauki w ramach grantu OPUS nr 2022/45/B/NZ9/02018 pt. Zagospodarowanie popiołów lotnych – mikrobiologiczna degradacja niespalonego węgla.

INNOWACJE W ROLNICTWIE A ŚRODOWISKO

STANISŁAW KRASOWICZ*, ANDRZEJ MADEJ

*Zakład Systemów i Ekonomiki Produkcji Roślinnej,
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy,
ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy*

**e-mail: sk@iung.pulawy.pl*

Kształtowanie środowiska rolniczego jest ważnym nurtem badań Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowego Instytutu Badawczego w Puławach. Oferowane doradztwo i praktyce rolniczej innowacje mogą przyczyniać się do poprawy konkurencyjności polskiego rolnictwa, ale również do ograniczania niekorzystnego wpływu działalności rolniczej na środowisko. Jest to jedno z wyzwań stojących współcześnie przed IUNG-PIB. W ramach kształtowania środowiska rolniczego ważnym problemem jest bioróżnorodność środowiska glebowego. Celem opracowania jest przedstawienie aspektów środowiskowych w badaniach i w działalności innowacyjno-wdrożeniowej IUNG-PIB, realizowanej we współpracy z doradztwem i praktyką rolniczą.

Podstawowe źródła informacji stanowiły sprawozdania i raporty IUNG-PIB oraz publikacje różnych autorów. Opracowanie ma charakter przeglądu. Jego myślą przewodnią jest wskazanie, że procesy kształtowania środowiska glebowego, w tym również działania w zakresie bioróżnorodności środowiska glebowego, wymagają wsparcia ze strony różnych dyscyplin i specjalności naukowych. Dotyczy to, między innymi, badań z zakresu gleboznawstwa, mikrobiologii, ale także ekonomiki i organizacji produkcji. Innowacje proponowane przez IUNG-PIB obejmują:

- nowe techniki i systemy agrotechniki (uprawy);
- nowe, przyjazne dla środowiska i efektywne ekonomicznie technologie i techniki;
- systemy organizacji produkcji roślinnej oraz różne systemy gospodarowania i organizacji produkcji zwierzęcej;
- nowe odmiany chmielu i tytoniu, nowe rozwiązania technologiczno-organizacyjne;
- elektroniczne systemy doradztwa (nawozowego i technologicznego);
- stosowanie nowych nawozów i substancji użyźniających;
- produkcja szczepionek bakteryjnych;
- wykorzystanie substancji specyficznych roślin w rolnictwie i przemyśle.

Innowacje powinny być oceniane pod względem efektywności produkcyjnej, ekonomicznej oraz wpływu na środowisko przyrodnicze. Proponowane przez IUNG-PIB rozwiązania innowacyjne można określić jako ekoinnowacje. Ich celem jest bowiem zmniejszenie negatywnego wpływu rolnictwa na środowisko i wsparcie procesów racjonalnego wykorzystania zasobów naturalnych. Z uwagi na regionalne zróżnicowanie rolnictwa i obszarów wiejskich w Polsce proponowane działania muszą być dostosowane do specyfiki regionów, a także grup gospodarstw, ich intensywności i specjalizacji.

Reasumując, można stwierdzić, że innowacje oferowane przez IUNG-PIB doradztwu i praktyce odzwierciedlają główne kierunki badań w zakresie produkcji roślinnej i kształtowania środowiska rolniczego. Są one nakierowane na poprawę efektywności produkcji, kształtowanie poziomu i jakości plonów, zmniejszenie zagrożeń dla środowiska przyrodniczego oraz wspierania racjonalnego wykorzystania potencjału rolnictwa.

SAMOWYSTARCZALNY, INTELIGENTNY MODUŁ ZIELONEJ INFRASTRUKTURY MIEJSKIEJ W ADAPTACJI DO ZMIAN KLIMATU – PROJEKT MOD4GRIN W TEORII I PRAKTYCE

MARTA POGRZEBA^{1*}, JACEK KRZYŻAK¹, ALICJA SZADA-BORZYSZKOWSKA¹, SZYMON RUSINOWSKI²

¹*Instytut Ekologii Terenów Uprzemysłowionych, Kossutha 6, Katowice, Polska*

²*CommLED Solution sp z o o, ul. Tarnogórska 149, 44-100 Gliwice*

**e-mail: m.pogrzeba@ietu.pl*

Nasze miasta nie są dostatecznie zielone, a ich mieszkańcy coraz bardziej odczuwają ten brak, zwłaszcza w okresie wysokich temperatur letnich. Zielone dachy i ściany to elementy zielonej infrastruktury, w których można wykorzystać rodzime gatunki roślin odporne na niekorzystne warunki klimatyczne – wahania temperatury, suszę. Wyposażenie zielonej infrastruktury w sieć czujników, inteligentny system nawadniania i zasilanie poprzez fotowoltaikę pozwala również na zmniejszenie kosztów utrzymania tej infrastruktury. Ich zastosowanie może w stosunkowo krótkim czasie doprowadzić do optymalizacji kosztów, nie tylko finansowych, ale także materiałowych i środowiskowych. Rozwiązania takie zwiększają retencję wód opadowych, izolację termiczną budynków, poprawiają mikroklimat i estetykę danego miejsca, poprawiając tym samym dobrostan człowieka i ogólną jakość życia w mieście.

Lepsze zrozumienie interakcji i sprzężeń zwrotnych między urbanizacją, procesami ekologicznymi i zmianami klimatu ma kluczowe znaczenie dla opracowania odpowiednich strategii zorientowanych na rozwiązania w zakresie opłacalnych, samowystarczalnych i promujących bioróżnorodność rozwiązań. Celem projektu Mod4GrIn było opracowanie samowystarczального systemu inteligentnych modułów dla zielonej infrastruktury miejskiej. Moduł w założeniach i ostatecznej demonstracji, która powstała w Polsce i Norwegii w 2023 roku, składa się z zielonego dachu, zielonej ściany oraz roślinności na poziomie gruntu, zaprojektowanych dla budynków w przestrzeni miejskiej. W module wykorzystano rodzime gatunki roślin pochodzące z muraw kserotermicznych, odporne na stres środowiskowy. Moduł wyposażono w system obiegu wody oraz aparaturę monitorującą, skonfigurowaną w oparciu o Internet Rzeczy (IoT), a zasilanie modułu oparte jest na wykorzystaniu energii słonecznej (panele fotowoltaiczne). Szczegółowymi celami projektu były: (i) selekcja gatunków roślin z lokalnej flory, rosnących w warunkach siedliskowych podobnych do występujących na budynkach i w ich pobliżu (nasłonecznienie, temperatura, wilgotność podłoża i powietrza), (ii) zbadanie ich odporności na typowe miejskie stresory: suszę, wysoką temperaturę, niedobór składników pokarmowych, (iii) opracowanie i zbadanie podłoża glebowego, o parametrach zbliżonych do naturalnych gleb wapiennych, (iv) opracowanie systemu na bazie IoT do sterowania zielonym modułem i gromadzenia danych z obszaru modułu, (v) dostarczenie zasilania elektronicznie sterującej i pomiarowej z wykorzystaniem paneli fotowoltaicznych.

Realizacja proponowanej koncepcji pozwoli na złagodzenie zmian klimatycznych, przywrócenie funkcji ekosystemów zniszczonych w procesie urbanizacji poprzez złagodzenie efektu miejskiej wyspy ciepła (UHI) (obniżenie lokalnej temperatury i wilgotności), poprawę retencji wody przy jednoczesnym zapobieganiu nadmiernemu wpływowi powierzchniowemu, poprawę jakości powietrza oraz wspieranie różnorodności biologicznej i kapitału naturalnego w miastach.

Projekt „Samowystarczalny, inteligentny moduł zielonej infrastruktury miejskiej w adaptacji do zmian klimatycznych – Mod4GrIn” został dofinansowany w ramach Funduszu Norweskiego na lata 2014–2021 za pośrednictwem Narodowego Centrum Badań i Rozwoju (numer umowy o dofinansowanie NOR/POLNOR/Mod4GrIn/0013/ 2019-00).



REFERATY

**WPŁYW DODATKU WYBRANYCH EGZOGENNYCH OSMOPROTEKTANTÓW
NA AKTYWNOŚĆ MIKROBIOLOGICZNĄ GLEBY W RÓŻNYCH WARUNKACH
WILGOTNOŚCI**KAROLINA FURTAK^{1*}, KAROLINA GAWRYJOLEK¹, MARTA WYZIŃSKA²¹*Zakład Mikrobiologii*²*Zakład Uprawy Roślin i Jakości Plonu**Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy,
ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy***e-mail: kfurtak@iung.pulawy.pl*

Osmoprotektanty to cząsteczki, które wyrównują różnicę osmotyczną między organizmem zewnątrz- i wewnątrzkomórkowym, nie zakłócając przy tym funkcji enzymatycznych białek ani innych biomolekuł. Mogą one ograniczać efekty stresu osmotycznego i ułatwiać przetrwanie mikroorganizmom glebowym oraz roślinom. Celem badań było porównanie aktywności enzymatycznej oraz potencjału metabolicznego mikroorganizmów glebowych po zastosowaniu wybranych osmoprotektantów w warunkach zróżnicowanej wilgotności gleby.

Modelowe doświadczenie pilotażowe przeprowadzono w częściowo kontrolowanych warunkach na hali wegetacyjnej IUNG-PIB z dodatkiem trzech egzogennych osmoprotektantów, tj. ektoiny, betainy oraz inozytolu. Warunki obejmowały różne poziomy uwilgotnienia gleby: 20, 40, 60, 80, 100 i powyżej 100% polowej pojemności wodnej. Analizie poddano świeże gleby oraz próbki glebowe pobrane po 7, 21, 35 i 63 dniach od wprowadzenia stresu hydrologicznego.

Oznaczono aktywność dehydrogenaz oraz fosfatazy kwaśnej i zasadowej. Aktywność dehydrogenaz oznaczono metodą opisaną przez Casida i in. (1964). Aktywność fosfatazy kwaśnej i zasadowej określono przy udziale metody opisanej przez Tabatabai i in. (1982). Potencjał metaboliczny mikroorganizmów glebowych określono z wykorzystaniem metody EcoPlate™ Biolog®.

Statystycznie istotnie wyższą aktywność dehydrogenaz oraz fosfatazy kwaśnej w porównaniu z próbką kontrolną stwierdzono w próbkach gleby po zastosowaniu dodatku inozytolu. Natomiast dodatek betainy skutkował istotnie statystyczną wyższą aktywnością fosfatazy zasadowej w glebach. Co istotne, w przypadku wszystkich badanych enzymów najniższą aktywność odnotowywano w próbkach z wariantu kontrolnego – bez żadnego dodatku. Potencjał metaboliczny mikroorganizmów glebowych po 7 dniach od wprowadzenia stresu również był znacznie wyższy w glebach z dodatkiem inozytolu. Indeks różnorodności obliczony na podstawie wyników z EcoPlate™ w przypadku gleb z 40% PPW i 80% był najwyższy po dodaniu inozytolu, a w glebach z 60%, 100% i powyżej 100% PPW – po dodaniu betainy w porównaniu z próbką kontrolną.

Uzyskane wyniki pozwalają stwierdzić, że dodatek inozytolu oraz betainy wpływa na aktywność enzymatyczną środowiska glebowego, działając stymulująco na mikrobiom glebowy.

Badania przeprowadzone zostały w ramach tematu statutowego 1.14 „Ocena wpływu wybranych osmoprotektantów na środowisko glebowe i wzrost pszenicy jarej” (2023–2025).

BIORÓŻNORODNOŚĆ GLEB DŁUGOTRWALE ZANIECZYSZCZONYCH ROPĄ NAFTOWĄ – BADANIA WSTĘPNE

ANNA GAŁĄZKA^{1*}, AGATA JANCZAREK¹, JAROSŁAW CIEPIEL¹, KAROLINA GAWRYJOŁEK¹,
ALEKSANDRA UKALSKA-JARUGA², ANNA MARZEC-GRZĄDZIEL¹

¹*Zakład Mikrobiologii*

²*Zakład Gleboznawstwa i Analiz Środowiskowych*

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

**e-mail: agalazka@iung.pulawy.pl*

Podstawowym warunkiem skutecznej bioremediacji skażonych gleb jest obecność mikroorganizmów zdolnych nie tylko do katabolicznej degradacji zanieczyszczeń, ale także posiadających szereg innych właściwości potwierdzających ich potencjał biotechnologiczny i adaptacyjny. Zdolność naturalnego środowiska skażonego szkodliwymi substancjami do samoistnego oczyszczenia wciąż stanowi zagadkę dla świata nauki. W trakcie długoletniego skażenia i postępującej samoczynnie naturalnej bioremediacji gleba zostaje bogato zasiedlona przez spontaniczną roślinność ruderalną. Zarówno mikroorganizmy, jak i rośliny adaptujące się do wzrostu w warunkach skażenia mogą wytworzyć szereg mechanizmów obronnych. Roślinność reliktowa charakteryzuje się także dużą różnorodnością genetyczną, fizjologiczną i metabolomiczną. Rośliny przystosowane do wzrostu w zanieczyszczonym miejscu mogą posiadać (lub wytworzyć) unikalne cechy. Głównym celem badań jest wyjaśnienie roli roślinności ruderalnej, jej ryzosfery, autochtonicznych mikroorganizmów w procesach naturalnej, spontanicznej bioremediacji gleb długoletnio zanieczyszczonych. Cele szczegółowe projektu obejmują: wyjaśnienie, w jaki sposób rośliny reliktowe uruchamiają i rozwijają swoje mechanizmy adaptacyjne i obronne; zdefiniowanie roli i wyjaśnienie mechanizmów adaptacyjnych mikroorganizmów w procesach długotrwałej naturalnej bioremediacji. Zarówno gleby, jak i rośliny zostaną pobrane spod wyciągów ropy naftowej na terenie historycznej Kopalni Ropy Naftowej w Węglówce. Tereny te zostały silnie zanieczyszczone i zdegradowane (ponad 100 lat zanieczyszczenia). Niemniej jednak od zamknięcia kopalni do chwili obecnej ropa naftowa ciągle wypływa spontanicznie z odwiertów naftowych. Stały przepływ ropy naftowej powoduje trwałe zanieczyszczenie obszaru przy jednocześnie postępującej samoistnej, naturalnej remediacji. Obszar ten jest także bogato porośnięty roślinnością reliktową. Próbkę gleb zostały pobrane z wybranych 9 najstarszych odwiertów naftowych. Do badań wybrano gatunków roślin ruderalnych. DNA wyizolowano bezpośrednio z gleby oraz ryzosfery. Wykonana została izolacja i charakterystyka szczepów bakteryjnych i grzybowych wyizolowanych z ryzosfery roślin ruderalnych. Szczepy zostały ocenione na podstawie testów morfologicznych, biochemicznych i genetycznych. Wykonane zostały oznaczenia: różnorodności funkcjonalnej z wykorzystaniem systemu Biolog, sekwencjonowania następnej generacji (NGS) regionów zmiennych (16S rRNA dla bakterii i ITS dla grzybów). Ponadto zostaną określone parametry chemiczne próbek roślinnych i glebowych (Corg, Nmin, Σ16 WWA i pierwiastki śladowe). W materiale roślinnym oceniono: aktywność biologiczną wybranych metabolitów wtórnych i zawartość związków fenolowych.

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

CO WIEMY O RÓŻNORODNOŚCI SKĄPOSZCZETÓW W GLEBACH PRZEKSZTAŁCONYCH PRZEZ CZŁOWIEKA?

AGNIESZKA JÓZEFOWSKA

*¹Katedra Gleboznawstwa i Agrofizyki, Wydział Rolniczo-Ekonomiczny,
Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kollątaja w Krakowie,
al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków
e-mail: agnieszka.jozefowska@urk.edu.pl*

Organizmy glebowe są niezwykle ważnym elementem środowiska – biorą udział w obiegu materii organicznej oraz dostarczają łatwo dostępnych składników pokarmowych dla roślin. Coraz częściej w doniesieniach naukowych podkreślane są usługi ekosystemowe dostarczane przez biotę glebową. Usługi te łącznie przyczyniają się do funkcjonowania i produktywności ekosystemów oraz mają znaczące implikacje dla dobrostanu człowieka. Pomimo coraz większej świadomości roli tych organizmów, nadal wiemy niewiele o ich różnorodności. Szacuje się, że obecnie znamy zaledwie 25% występujących na Ziemi dżdżownic. Dla porównania, znajomość roślin naczyniowych wynosi około 75%, a ssaków jest bliska 100%.

W dzisiejszych czasach, jak podaje Globalny Raport o Różnorodności Biologicznej z 2019 roku, 75% terenów lądowych zostało przekształconych przez działalność człowieka. Celem prezentacji jest wskazanie, jak kształtuje się różnorodność dżdżownic i wazonkowców na terenach w różnym stopniu przekształconych przez człowieka. Do analizy zostały wybrane dżdżownice jako przedstawiciele makrofauny glebowej oraz wazonkowce, które podobnie jak dżdżownice należą do skąposzczetów, jednak ze względu na swoją wielkość są klasyfikowane jako mezofauna glebowa. Zostaną omówione zarówno tereny rolnicze, jak i te objęte rekultywacją po działalności górniczej. Dodatkowo zostanie przedyskutowany temat używania skąposzczetów glebowych, takich jak dżdżownice i wazonkowce, do oceny jakości gleb rolniczych oraz sukcesu przebiegu procesu rekultywacji.

Skąposzczety glebowe są liczniejsze w glebach użytków zielonych w porównaniu z gruntami ornymi, a sposób użytkowania terenów zielonych reguluje obecność skąposzczetów w glebie. Skąposzczety są obecne w glebach objętych rekultywacją, jednak wazonkowce kolonizują takie miejsca szybciej niż dżdżownice. Istnieje potrzeba uwzględnienia organizmów glebowych w ocenie jakości gleby oraz ocenie przebiegu procesu rekultywacji i regeneracji gleb.

This research was funded through the 2022–2023 Biodiversa+ COFUND call, under the European Biodiversity Partnership programme, and with the funding organisations: National Science Centre 2023/05/Y/ST10/00098.

BIORÓŻNORODNOŚĆ I ANALIZA FUNKCJONALNA MIKROBIOMU SPOD UPRAW RZEPAKU I PSZENICY

KATARZYNA KAGAN^{1*}, AGNIESZKA KUŹNIAR¹, ANNA KRUCZYŃSKA¹, SARA JURCZYK²,
ANDRZEJ SŁOMCZEWSKI³, JACEK PODLEWSKI³, AGNIESZKA WOLIŃSKA¹

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

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

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

*e-mail: katarzyna.kagan@kul.pl

W ramach realizowanego projektu badawczego prowadzone są szczegółowe analizy mające na celu usystematyzowanie wiedzy na temat bioróżnorodności mikroorganizmów w glebie spod uprawy rzepaku i pszenicy. Badania te są istotne w kontekście zrównoważonego rolnictwa i ochrony środowiska – szczególną uwagę poświęcono zalecanej przez Komisję Europejską redukcji nawożenia azotowego o 20%.

Doświadczenia polowe prowadzono na polach uprawianych metodą strip-till w sezonie wegetacyjnym 2022/2023. Próbkę gleby pobierano dwukrotnie: przed siewem i po zbiorze roślin, co pozwala na ocenę zmian w mikrobiocie glebowej w trakcie cyklu uprawy. Zastosowano cztery poziomy nawożenia azotowego: pełne nawożenie (100%) oraz zredukowane o 20% i 40%. Za próbę kontrolną przyjęto materiał glebowy pobrany z pola nienawożonego (0%). Takie podejście umożliwia dokładną ocenę wpływu różnych poziomów nawożenia na mikrobiotę gleby.

Mikrobiotę glebową, obejmującą bakterie i grzyby, identyfikowano przy użyciu zaawansowanych technik sekwencjonowania następnej generacji (NGS, Illumina MiSeq). Wyniki z sekwencjonowania NGS zostały następnie poddane analizie bioinformatycznej z wykorzystaniem oprogramowania MiSeq Reporter (MSR) v2.6.

W rezultacie przeprowadzonych analiz wykazano, iż mikrobiom i mykobiom w sezonie wegetacyjnym 2022/2023 uległ zmianie, co zostało potwierdzone poprzez użycie wskaźników bioróżnorodności (*Simpson*, *Shannon*, *Chao1*, SOBS). Analiza bioinformatyczna i wartości wskaźników dowiodły, iż bioróżnorodność gleb spod obu upraw na wszystkich poziomach nawożenia zmalała, co jest szczególnie widoczne w przypadku mikrobioty grzybowej w glebach po zbiorze rzepaku.

Dzięki analizom NGS, umożliwiającym identyfikację mikroorganizmów bez konieczności ich hodowania, możemy wyodrębnić i zidentyfikować przedstawicieli o różnorodnych zdolnościach, co otwiera nowe perspektywy dla rozwoju m.in. agrobiotechnologii oraz bioremediacji.

Prezentowane wyniki stanowią jedynie część projektu, ponieważ prace badawcze są w toku i będą kontynuowane w kolejnym sezonie wegetacyjnym, aby uzyskać pełniejszy obraz wpływu różnych praktyk rolniczych na mikrobiotę glebową.

*Projekt finansowany w ramach Europejskiego Funduszu Rolnego na rzecz Rozwoju Obszarów Wiejskich
PROW 2014-2020 Działanie 16 „Współpraca” (nr 00019.DDD.6512.00016.2022.02
z dnia 20.03.2023).*

WPLYW ŚCIOŁEK ORGANICZNYCH NA PLONOWANIE CUKINII, OGÓRKA I DYNI OLBRZYMIEJ ORAZ NA MIKROBIOLOGICZNE WŁAŚCIWOŚCI GLEBY W UPRAWIE EKOLOGICZNEJ

BEATA KOWALSKA^{1*}, MAGDALENA SZCZECZ¹, TERESA SABAT², JADWIGA TREDER²

¹Zakład Mikrobiologii i Ryzosfery

²Zakład Uprawy i Nawożenia Roślin Ogrodniczych
Instytut Ogrodnictwa Państwowy Instytut Badawczy,
ul. Konstytucji 3 Maja 1/3, 96-100 Skierniewice

*e-mail: beata.kowalska@inhort.pl

Ekologiczny sposób uprawy warzyw obwarowany jest szeregiem zakazów i nakazów dotyczących stosowania nawozów, środków ochrony oraz materiału siewnego i nasadzeniowego. Poszukuje się nowych metod ochrony, które będą zgodne z obowiązującymi przepisami prawnymi. Jedną z takich metod jest zabieg ściółkowania z wykorzystaniem materiałów organicznych, który pozytywnie wpływa na środowisko glebowe, a w konsekwencji na wzrost i plonowanie uprawianych roślin.

Celem proponowanych badań było określenie wpływu różnych ściółek organicznych (koniczyny, lucerny, folii biodegradowalnej) na wzrost i plonowanie cukinii, ogórka i dyni olbrzymiej oraz na poprawę aktywności mikrobiologicznej gleby w uprawie ekologicznej.

Doświadczenia uprawowe przeprowadzono na Certyfikowanym Ekologicznym Polu Doświadczalnym IO-PIB w Skierniewicach. Do doświadczeń użyto nasion polskich odmian: cukinii ‘Astra Polka’, ogórka gruntowego ‘Magnetar F1’ oraz dyni olbrzymiej ‘Justynka F1’. Doświadczenia założono w czterech powtórzeniach w systemie pasowo-rzędowym na poletkach o powierzchni 10 m². Materiał roślinny użyty do ściółkowania był świeżo skoszony i drobno rozdrobniony. Przygotowano następujące kombinacje: kontrola bez ściółkowania; koniczyna 4 kg/m²; koniczyna 4 kg/m² stosowana dwukrotnie; lucerna 4 kg/m²; lucerna 4 kg/m² stosowana dwukrotnie; koniczyna 2 kg/m² + lucerna 2 kg/m²; folia biodegradowalna; agrowłóknina p-50 g/m². Podczas wegetacji roślin oceniano dynamikę wybranych mikroorganizmów w glebie (grzybów strzępkowych, bakterii ogółem, bakterii *Pseudomonas* i *Azotobacter* oraz organizmów grzybopodobnych *Pythium*). Oznaczono także aktywność enzymu dehydrogenazy w glebie. Wpływ zastosowanych ściółek na plonowanie badanych gatunków warzyw oceniono na podstawie wielkości i jakości plonów. W czasie uprawy monitorowano również wilgotność, temperaturę i zasolenie podłoża za pomocą sond bezprzewodowych Agreus. Zbiory ogórków prowadzono od 4 VII do 14 IX, cukinii od 29 VI do 20 IX, a dynię zebrano jednorazowo 27 IX.

Zastosowane ściółki organiczne, przede wszystkim lucerna, wykazały pozytywny wpływ na rozwój pożytecznych mikroorganizmów glebowych, głównie *Pseudomonas* spp. i *Azotobacter* spp. W uprawie ogórka w kombinacji z lucerną zaobserwowano spadek liczebności *Pythium*. W glebie pobranej we wrześniu spod uprawy ogórka we wszystkich kombinacjach ze ściółkami zaobserwowano wzrost aktywności dehydrogenazy. Ściółkowanie miało istotny wpływ na ilość i jakość plonu badanych gatunków warzyw. Dla cukinii i dyni w niemal wszystkich kombinacjach uzyskano średni i handlowy plon istotnie wyższy niż w kontroli. Najwyższy istotny statystycznie plon ogórka stwierdzono w kombinacjach z folią biodegradowalną i agrowłókniną. W kombinacjach z koniczyną i lucerną plon był również wyższy niż w kontroli, ale nie stwierdzono istotności. Zastosowanie ściółek pozwoliło utrzymać wyższą wilgotność gleby oraz temperaturę, co pozytywnie wpłynęło na wzrost i plonowanie badanych roślin dyniowatych. Podsumowując, ściółkowanie masą organiczną w uprawie warzyw dyniowatych wpływa korzystnie na wysokość i jakość plonu oraz poprawia aktywność mikrobiologiczną gleby.

Badania na rzecz rolnictwa ekologicznego: „Wpływ różnych ściółek organicznych na wzrost i plonowanie cukinii, ogórka i dyni olbrzymiej oraz na poprawę żyzności i właściwości fizycznych gleby w uprawie ekologicznej” (2022), finansowane przez MRiRW.

REGENERACJA GLEBY I PROMOCJA WZROSTU ROŚLIN ZA POMOCĄ BAKTERYJNYCH SYDEROFORÓW

MARCIN MUSIAŁOWSKI¹, Łucja Kowalewska², JOANNA WÓJTOWICZ²,
MICHAŁ BYKOWSKI², JOANNA KOZIOŁ-LIPIŃSKA²,
KLAUDIA DĘBIEC-ANDRZEJEWSKA^{1*}

¹*Zakład Geomikrobiologii, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii*

²*Zakład Anatomii i Cytologii Roślin, Instytut Biologii Eksperymentalnej i Biotechnologii Roślin, Wydział Biologii,
Uniwersytet Warszawski*

*e-mail: klaudia.debiec@uw.edu.pl

Wykorzystanie syderoforów bakteryjnych stanowi innowacyjną strategię w formułowaniu bionawozów nowej generacji dzięki ich zdolności do chelatowania i mobilizacji żelaza. Biorąc pod uwagę niską biodostępność żelaza w glebach, mechanizm ten znacząco przyczynia się do poprawy odżywienia zarówno mikroorganizmów glebowych jak i roślin. Ponadto, istnieje możliwość pośredniego działania syderoforów poprzez mobilizację innych niezbędnych składników odżywczych, takich jak potas i fosfor, które sprzyjają lepszemu odżywianiu i zwiększonej biomase roślin. Pierwiastki te często występują w glebie jako składniki minerałów zawierających żelazo, stąd ich pośrednia mobilizacja w glebie z udziałem syderoforów.

W naszych badaniach potwierdziliśmy wieloaspektową rolę syderoforów w mobilizacji zasobów odżywczych gleby. Wykazaliśmy, że nawozy na bazie syderoforów sprzyjają poprawie jakości biologicznej gleby poprzez zwiększenie liczebności i stymulacji aktywności autochtonicznych, pożytecznych mikroorganizmów glebowych, np. promieniowców. Dodatkowo wykazaliśmy, że suplementacja gleby syderoforami pochodzenia bakteryjnego przyczyniła się do zwiększenia biodostępności kluczowych składników odżywczych, w tym żelaza, fosforu i potasu co pozytywnie korelowało ze zwiększonym tempem wzrostu i ostatecznie większą biomasa roślin. Wykazaliśmy także, że aplikacja syderoforów do gleby może przyczynić się także do obniżenia wymaganej ilości nawozów niezbędnych do osiągnięcia zadowalającego poziomu plonowania roślin oraz poprawiać ogólną kondycję mikrobiomu glebowego. Na podstawie uzyskanych wyników opracowano formułacje nawozowe oparte na syderoforach bakteryjnych, przeznaczone do uprawy różnych grup roślin takich jak rośliny zielone, kwitnące rośliny ozdobne oraz trawy. Formułacje te wykazują dualistyczne działanie – działają jako polepszacze gleby sprzyjające jej biologizacji oraz jako stymulatory wzrostu roślin.

Uzyskane wyniki pokazują, że wykorzystanie syderoforów w produkcji bionawozów może wspierać zrównoważone rolnictwo oferując efektywne i przyjazne dla środowiska podejście do zarządzania składnikami odżywczymi i biologizacji gleb uprawnych.

*Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu LIDER XI. Nr projektu:
LIDER/13/0051/L-11/19/NCBR/2020*

**BAKTERIE I GRZYBY RYZOSFERY KONICZINY BIAŁEJ (*TRIFOLIUM REPENS* L.)
OKOŁO 130-LETNIEJ HAŁDY ZN-PB-CD BOLESŁAW W POŁUDNIOWEJ POLSCE**

EWA OLEŃSKA^{1*}, WANDA MAŁEK², MARZENA SUJKOWSKA-RYBKOWSKA³, SEBASTIAN SZOPA⁴,
TADEUSZ WŁOSTOWSKI¹, OLGIERD ALEKSANDROWICZ¹, IZABELA SWIECICKA¹, MAŁGORZATA WÓJCİK²,
SOFIE THIJ⁵, JACO VANGRONVELD^{2,5}

¹Zakład Mikrobiologii, Katedra Mikrobiologii i Biotechnologii, Wydział Biologii, Uniwersytet w Białymstoku,
ul. K. Ciołkowskiego 1J, 15-245 Białystok

²Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Skłodowskiej Curie,
ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

³Instytut Biologii, Katedra Botaniki, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,
ul. Nowoursynowska 166, 02-787 Warszawa

⁴SHIM-POL A.M. Borzymowski, ul. Lubomirskiego 5, 05-080 Izabelin

⁵Faculty of Sciences, Centre for Environmental Sciences, Hasselt University,
Agoralaan D, B-3590, Diepenbeek, Belgium

*e-mail: chwelat@uwb.edu.pl

Celem pracy był opis asocjacji *T. repens* – *R. leguminosarum* bv. *trifolii* i grzybów mikoryzowych oraz ocena jej potencjalnej użyteczności w fitostabilizacji terenów zanieczyszczonych metalami. W pracy oceniono aktywność metaboliczną (testy *in vitro* promowania wzrostu roślin) oraz tolerancję na metale ryzobiów wyizolowanych z brodawek korzeniowych koniczyny białej rosnącej na „starej” hałdzie Bolesław i stanowisku referencyjnym Bolestraszyce, zbadano ich aktywność enzymatyczną nitrogenazy oraz oceniono polimorfizm w genie *nodA*; oceniono parametry morfologiczne oraz biochemiczne roślin inokulowanych ryzobiami pochodzącymi ze stanowiska hałdowego i referencyjnego; oznaczono stężenie Zn, Pb i Cd w liściach i korzeniach roślin oraz glebie metodą indukcyjnie sprzężonej plazmy z optycznym wydzielaniem emisji spektrometrii atomowej (ICP-OES), określono anatomię brodawek korzeniowych roślin pochodzących ze stanowiska hałdowego i referencyjnego za pomocą mikroskopu świetlnego oraz transmisyjnego mikroskopu elektronowego (TEM), określono poziom makro/mikroelementów w glebie; a poziom zmienności genetycznej grzybów mikoryzowych oceniono metodą ARISA (ang. *automated ribosomal intergenic spacer analysis*).

Na podstawie uzyskanych wyników ustalono, że industrioziem hałdy Bolesław o wysokiej zawartości metali jest ubogi w składniki odżywcze, w tym biodostępne formy azotu; ryzobia zasiedlające brodawki korzeniowe koniczyny białej rosnącej na hałdzie tolerują wysoki poziom Zn, Pb i Cd, są efektywne w nawiązywaniu symbiozy, bakterie te są równie skuteczne w wiązaniu azotu atmosferycznego i w stymulowaniu wzrostu roślin, co ma kluczowe znaczenie w adaptacji/dostosowaniu rośliny do skażonego metalami i ubogiego w składniki odżywcze podłoża hałdowego; koniczyna biała rosnąca na hałdzie w Bolesławiu wykazuje strategię unikania metali, gromadząc je w przeważającej ilości w korzeniu i może być stosowana w fitostabilizacji; grzyby AMF obecne w glebie, korzeniach i brodawkach roślin rosnących na hałdach mogą potencjalnie ochraniać rośliny przed toksycznym działaniem metali. Mając na uwadze, że rośliny bobowate, które wchodzi w symbiotyczną interakcję z ryzobiami wiążącymi N₂ i są pionierami na glebach ubogich w składniki odżywcze, można sądzić, że *R. leguminosarum* bv. *trifolii*, AMF i *T. repens*, stanowią metaorganizm, który może być efektywny w fitostabilizacji gleb zanieczyszczonych Zn, Pb i Cd.

ZNACZENIE I INTERAKCJE BAKTERII KWASU MLEKOWEGO (LAB) W UKŁADACH GLEBA-ROŚLINA

ANNA PIKULICKA^{1*}, WIESŁAW BARABASZ²

¹*Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Jarosławiu,
ul. Czarnieckiego 16, 37-500 Jarosław*

²*Państwowa Akademia Nauk Stosowanych w Przemyśle,
ul. Ks. Lubomirskich 6, 37-700 Przemyśl*

Mimo upływu wielu lat od czasu kiedy Winogradsky badał drobnoustroje środowiska glebowego w dalszym ciągu nie znamy dokładnych zależności, funkcji i różnych interakcji zachodzących między drobnoustrojami a roślinami w glebie. Wiele procesów biochemicznych zachodzących w glebie jest znanych i powszechnie badanych, ale wciąż pojawiają się nowe informacje, które wskazują, że niewiele jeszcze wiemy o specyficznych zależnościach zachodzących między układem gleba-roślina-drobnoustroje. Jedną z ciekawych grup drobnoustrojów, na które zaczęto zwracać większą uwagę są bakterie kwasu mlekowego, których znaczenie w relacjach z roślinami wyższymi były niedoceniane lub wręcz nieznane. Ostatnio pojawiło się wiele publikacji zarówno krajowych jak i zagranicznych wskazujących, że bakterie te pełnią olbrzymią korzystną rolę związaną zarówno ze wzrostem i rozwojem roślin jak również z wpływem na właściwości gleby w tym jej żyzność. Bakterie kwasu mlekowego dzięki swoim właściwościom, które człowiek wykorzystuje od niepamiętnych czasów w celach spożywczych są wykorzystywane także w wielu innych przemysłach, ale to, że mogą odgrywać pozytywną rolę w układzie roślina-bakterie pojawiło się niedawno i zjawisko to jest teraz intensywnie badane. Bakterie te dzięki wytwarzaniu licznych substancji biologicznie czynnych w sposób ewidentny wpływają na rozwój roślin. Wytwarzane kwasy organiczne, bakteriocyny, siderofory, enzymy (glukanazy, chitynazy, oksydazy-CAT-APX-SOD, itp.), flawonoidy, fitohormony, diacetyl, nadtlenuk wodoru, poprzez działanie bezpośrednie i pośrednie uczestniczą w biologicznym zwalczaniu patogenów, zwiększają pobieranie związków mineralnych, indukują odporność roślin, a więc działają jako biostymulatory, bionawozy i biopestycydy. LAB są obecne w wielu mikrobiomach roślinnych, ale brakuje informacji dotyczących interakcji między nimi a roślinami. Z kolei ryzobakterie związane z korzeniami roślin występują w glebie obficie, natomiast LAB występują w minimalnych ilościach i nie dominują ani w glebie ani w wodzie. Korzystne właściwości LAB sprzyjające wzrostowi roślin nie są dobrze zbadane i istnieją ograniczone dowody w dostępnej literaturze. LAB promują kiełkowanie nasion, zwiększają żyzność gleby, napowietrzanie i rozpuszczalność, łagodzą różne stresy abiotyczne i neutralizuje toksyczne gazy. Szczepy LAB są obiecującym środkiem kontroli biologicznej, działają stymulująco na wzrost roślin i hamują rozwój drobnoustrojów fitopatogennych. Ponadto LAB kontrolują owady i szkodniki oraz biorą udział w bioremediacji. Wykazano, że LAB izolowane z różnych źródeł są skutecznym bionawozem, środkiem biokontroli i biostymulatorem. Jako bionawozy, LAB mogą poprawić dostępność składników odżywczych z kompostów i innych materiałów organicznych. Jako biostymulanty LAB mogą bezpośrednio wspomagać wzrost roślin lub kiełkowanie nasion. W związku z nieustannie pojawiającymi się nowymi odkryciami i osiągnięciami dotyczącymi wpływu bakterii kwasu mlekowego na wzrost i rozwój roślin w tym roślin uprawnych, celowym wydaje się zwrócenie większej uwagi na ich rolę w środowisku glebowym.

JAK ROŚLINY TOWARZYSZĄCE MOGĄ WPŁYWAĆ NA WZROST ROŚLIN I DZIAŁANIE PREPARATÓW BIOLOGICZNYCH

MAGDALENA SZCZECH^{1*}, BEATA KOWALSKA¹, FREDERIK WURM², MAGDALENA PTASZEK³, ANNA JARECKA³

¹Zakład Mikrobiologii i Ryzosfery, Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy,
96-100 Skierniewice, ul. Rybickiego 15/17

²Sustainable Polymer Chemistry (SPC), Department of Molecules and Materials, MESA+ Institute for Nanotechnology
Faculty of Science and Technology, University of Twente P.O. Box 217, Enschede AE 7500, Netherlands

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

*e-mail: magdalena.szczecz@inhort.pl

Nowoczesne rolnictwo ma być zrównoważone i przyjazne dla środowiska, a jednocześnie produkować dobrej jakości plony i utrzymywać dochody na wysokim poziomie. Jedną z promowanych strategii jest zwiększanie bioróżnorodności środowiska uprawowego np. poprzez wprowadzanie roślin towarzyszących lub włączenie pożytecznych mikroorganizmów do praktyk rolniczych. Jednogatunkowe uprawy na dużych powierzchniach są zwykle podatne na różnego typu stresy biotyczne i abiotyczne. Wprowadzanie dodatkowych, ale odpowiednio dobranych gatunków roślin towarzyszących, ma na celu zmniejszenie negatywnych skutków czynników stresowych. Jednocześnie rośliny towarzyszące, np. zioła, mogą stanowić źródło dodatkowego dochodu. Z kolei preparaty mikrobiologiczne, uznawane za nieszkodliwe dla środowiska, mają zastępować wycofywane produkty chemiczne jak nawozy mineralne i środki ochrony roślin, a także wspierać działanie rodzimych mikrobiomów.

W prezentowanych doświadczeniach zastosowano tymianek i bazylię jako rośliny towarzyszące w ekologicznej uprawie pomidora. Dodatkowo stosowano preparaty zawierające grzyby z rodzaju *Trichoderma* tj.: ligno-celulozowe mikrokapsuły z zarodnikami *T. atroviride* TRS14 i komercyjny preparat Trianum G. Oceniano stopień zasiedlania gleby przez aplikowane grzyby *Trichoderma* oraz wpływ tych aplikacji na aktywność mikrobiologiczną gleby (pomiar aktywności dehydrogenazy). Oceniano parametry wzrostu i plonowanie roślin oraz porażenie przez *Phytophthora infestans* – sprawcę zarazy ziemniaczanej na pomidorach. Wyniki wskazują na wyraźny wpływ roślin towarzyszących na cechy morfologiczne roślin pomidorów oraz ich plonowanie, a także na oddziaływanie preparatów z *Trichoderma*. Stwierdzono, że uprawa tymianku w sąsiedztwie pomidorów wpływała korzystnie na rozwój systemu korzeniowego oraz liczbę kwiatów i owoców na roślinach. Natomiast bazylię, pomimo rekomendowania tych roślin jako dobrego sąsiedztwa dla pomidorów, wyraźnie obniżała ich plonowanie i wpływała niekorzystnie na działanie *Trichoderma*.

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

WPLYW SUSZY NA MIKROBIOTĘ I JEJ AKTYWNOŚĆ BIOLOGICZNA W GLEBIE

KALISA BOGATI¹, ALEKSANDRA BURKOWSKA-BUT^{1,2}, PATRYCJA GOLİŃSKA³, 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*

*e-mail: maciej.walczak@bactotech.pl

Zjawisko suszu w Europie była od zawsze, ale w ostatnich latach wyraźnie się nasila z uwagi na zmiany klimatyczne. Obecnie susza pojawia się każdego roku w krajach południa Europy, a także w centralnej Europie, choć tu jeszcze nie obejmuje na ogół całych krajów.

Zmiany poziomu wilgotności wpływają rzecz jasna na aktywność biologiczną gleby. Od zawsze wiadomo, że w glebie przesuszonej dominują grzyby, a w wilgotnej bakterie. Są to jednak informacje bardzo ogólne, stąd też celem niniejszych badań była szczegółowa analiza zmian bioróżnorodności filogenetycznej i fizjologicznej oraz aktywności biologicznej zachodzących w warunkach suszy. Badania prowadzono podczas symulowanej suszy w czterech typach gleby różniących się istotnie ilością materii organicznej i możliwościami wiązania wody. Badania obejmowały m.in. oznaczenie liczebności podstawowych grup mikroorganizmów (bakterii (w tym promieniowców) i grzybów), oznaczenia zmian w bioróżnorodności taksonomicznej, zmian w 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. Zmiany w bioróżnorodności były natomiast zaskakująco niewielkie.

**REDUKCJA NAWOŻENIA AZOTOWEGO ZGODNA ZE STRATEGIĄ UE
„OD POLA DO STOŁU” – WPŁYW NA BIORÓŻNORODNOŚĆ I PLONOWANIE GLEB
SPÓD MONOKULTUROWEJ UPRAWY KUKURYDZY (BADANIA DWULETNIĘ)**

AGNIESZKA WOLIŃSKA^{1*}, ANNA KRUCZYŃSKA¹, SARA JURCZYK², ARTUR BANACH¹, ANDRZEJ SŁOMCZEWSKI³,
JACEK PODLEWSKI³, AGNIESZKA KUŹNIAR¹

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

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

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

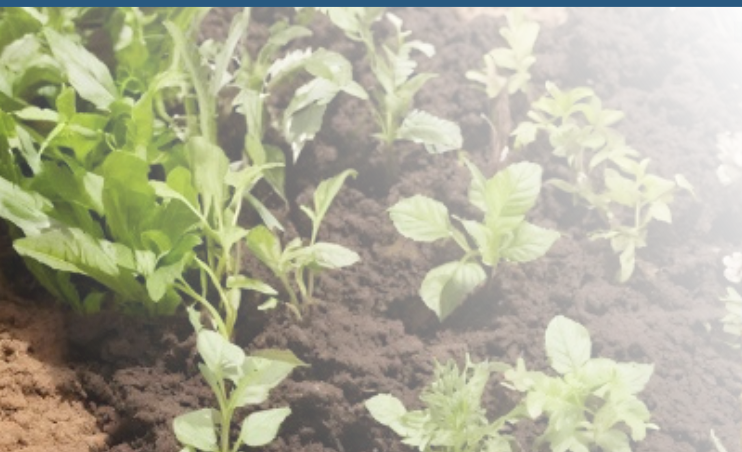
*e-mail: agnieszka.wolinska@kul.pl

Cel pracy dotyczy wyznaczenia (na podstawie 2-letnich badań polowych) optymalnej dawki zredukowanego nawożenia azotowego, gwarantującej z jednej strony dobre plonowanie a z drugiej utrzymującej żyźność i zróżnicowanie mikrobiomu bakterii i grzybów w odniesieniu do kukurydzy uprawianej jako monokultura w systemie uproszczonym (bezorkowym) na tle tradycyjnego systemu orkowego. Aspekt ten pozostaje w zgodzie z dyrektywą Unii Europejskiej „Od pola do stołu”, rekomendującej ograniczenie stosowania nawozów o co najmniej 20% do 2030 r.

Doświadczenie polowe prowadzono w roku 2022 i 2023, w województwie kujawsko-pomorskim, na 10 ha polach rolniczych, należących do średniego przedsiębiorstwa rolniczego CGFP Sp. z o.o., na których uprawiano kukurydzę w monokulturze. W obrębie pola doświadczalnego wyznaczono 2,5 ha „mikropoletka”, dedykowane próbom kontrolnym (K – bez nawożenia) oraz zmiennym dawkom nawozów (D1 – standardowa dawka dedykowana uprawie kukurydzy; D2 – dawka standardowa pomniejszona o 20%; D3 – dawka standardowa pomniejszona o 40%). Zmapowanie pól w technologii GPS, jakie jest realizowane na areale CGFP Sp. z o.o. pozwoliło na precyzyjną lokalizację wszystkich punktów pomiarowych, z których pobierano próby glebowe. Analizy molekularne obejmowały izolację DNA oraz reakcje PCR, stosując startery amplifikujące regiony specyficzne dla genu 16S rRNA bakterii (27f/518r) oraz genu 18S rRNA grzybów (ITS1/ITS4). Analiza metagenomiczna (Genomed S.A., Warszawa) obejmowała sekwencjonowanie następnej generacji (NGS, MiSeq Illumina) w zakresie bakterii i grzybów.

Zaobserwowano, że struktura bioróżnorodności bakterii i grzybów na taksonomicznym poziomie typu pozostawała podobna niezależnie od systemu uprawy. Bacteroidota okazały się być wrażliwe na stosowanie zredukowanych dawek nawozu, o czym świadczy spadek bogactwa większości rodzajów (*Flavobacterium*, *Ferruginibacter*, *Pedobacter*, *Mucilaginibacter*), po dwóch sezonach wegetacyjnych oraz w dwóch systemach uprawy kukurydzy. Rodzajowym dominantem grzybowym była *Mortierella*, która dodatkowo okazała się być potencjalnym indykatorem zredukowanego nawożenia azotowego, reagując wzrostem obfitości na 20% redukcję nawożenia w roku w którym wystąpiła susza, zaś spadkiem w roku kolejnym, bardziej obfitującym w opady i cechującym się wyższym plonowaniem kukurydzy. Wielkość plonu była istotnie wyższa w drugim roku badań ($3127,4 \pm 1775,1$ vs $5571,5 \pm 818,7$ kg/ha, $p < 0,001$), co związane było ze zjawiskiem wystąpienia suszy w roku 2022. W trakcie 2-letnich badań nie wykazano znaczącego wpływu redukcji nawożenia na wielkość uzyskanych plonów ($p = 0,311$).

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



POSTERY

FENOTYPOWA ANALIZA SZCZEPÓW Z RODZAJU *BACILLUS* W CELU SELEKCJI EFEKTYWNYCH IZOLATÓW DO INOKULACJI *MICROGREENS*

DARIA BARAŃSKA*, JACEK PANEK, AGATA GRYTA, GIORGIA PERTILE, MAGDALENA FRĄC

*Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN,
Zakład Badań Systemu Gleba – Roślina, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin*

**e-mail: d.baranska@ipan.lublin.pl*

Microgreens, określane jako młode sadzonki roślin gatunków jadalnych, zbierane po rozwinięciu się pierwszych liści kotyledarnych, oferują liczne korzyści zdrowotne oraz przyciągają zainteresowanie konsumentów ze względu na swój ciekawy wygląd i kuszący smak. Ponadto idelanie wpisują się w założenia rolnictwa miejskiego. Jednak pomimo licznych zalet, są wysoce podatne na stresy abiotyczne, w szczególności stres suszy, który prowadzi do szybkiej utraty świeżości oraz wysokiej podatności na gnienie i więdnienie. Obecne dane literaturowe oferują ograniczoną liczbę rozwiązań tego problemu. Rewolucyjnym podejściem jest wzbogacanie holobiontu *microgreens* o gatunki mikroorganizmów oferujące geny związane z mechanizmami adaptacji roślin do warunków suszy, poprzez inokulacje wybranym szczepem. Bakterie związane z roślinami odpornymi na suszę często obejmują gatunki z rodzaju *Bacillus*. Liczne badania nad gatunkami *Bacillus subtilis* i *Bacillus coagulans* wykazały ich pozytywny wpływ na plony w warunkach stresu suszy, a także poprawę ich jakości i trwałości, co stanowi podstawę do podobnych badań w ujęciu *microgreens*. Prezentowane badania koncentrują się na analizie funkcjonalnej profilu fenotypowego szczepów wyizolowanych z produktów mlecznych i fermentowanych, przy użyciu systemu BIOLOG™ oraz mikropłytek GENIII, w celu selekcji izolatu o najlepszym potencjale kolonizacyjnym względem tkanek roślinnych, oraz z najlepszym profilem fenotypowym, który zagwarantuje poprawę jakości, trwałości oraz oporności względem stresu suszy *microgreens*. System GEN III MicroPlate™ umożliwia zastosowanie standaryzowanej metody spektrofotometrycznej wykorzystującej 71 testów biochemicznych do profilowania fenotypowego szerokiego zakresu mikroorganizmów oraz 23 testy wrażliwości chemicznej. Uzyskane wyniki pozwolą na szczegółową analizę profilu metabolicznego potencjalnych szczepów inokulacyjnych, oraz pozwolą na precyzyjną selekcję najbardziej efektywnego szczepu bakteryjnego.

Praca została zrealizowana przy wsparciu Narodowego Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu OPUS-23, numer umowy 2022/45/B/NZ9/04254.

ZMIANY W SKŁADZIE RYZOBIOMU PSZENICY PODCZAS CYKLU WEGETACYJNEGO

ALEKSANDRA BURKOWSKA-BUT^{1,2*}, MACIEJ WALCZAK^{1,2}, ADRIANA OSIŃSKA²

¹Katedra Mikrobiologii Środowiskowej i Mikrobiologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych,
Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Lwowska 1, 87-100 Toruń

²Bacto-Tech sp. z o.o., Polna 148, 87-100 Toruń

*e-mail: a.burkowska-but@bactotech.pl

Pszenica (*Triticum* L.) jest jedną z najstarszych i najważniejszych roślin uprawnych. Ziarno pszenicy jako surowiec chlebowy i paszowy ma znaczenie strategiczne. Jak podaje FAO światowa produkcja pszenicy w roku 2024 wynosi ponad 790 mln ton. W Unii Europejskiej pszenica jest najczęściej uprawianą rośliną, zboże to odgrywa także kluczową rolę w rolnictwie w Polsce.

Interakcje roślina-mikrobiom są istotnymi czynnikami determinującymi wzrost, kondycję i produktywność roślin. Wiedza na temat różnorodności strukturalnej i funkcjonalnej mikrobiomu roślin może stanowić okazję do opracowania nowych, zrównoważonych praktyk rolniczych. Poprzez odpowiedni dobór szczepów, biopreparaty bazujące na mikroorganizmach stanowiących typowy mikrobiom danej rośliny mogą być stosowane w sposób ciągły lub doraźny jako biostymulator lub biologiczny środek kontroli fitopatogenów.

Celem naszych badań była ocena zmian w składzie ryzobiomu zachodzących podczas cyklu wegetacji pszenicy. Próbkę gleby ryzosferowej pobrano z 4 pól uprawnych pszenicy zlokalizowanych w północnej Polsce. Wszystkie próbki pobrano w trzech okresach cyklu wegetacji: przed kwitnieniem roślin, po kwitnieniu i po zbiorach. Z zabezpieczonego materiału wyizolowano DNA metagenomowe za pomocą zestawu do izolacji DNA Qiamp PowerFecal Pro Kit (Qiagen). Następnie przygotowano biblioteki DNA zgodnie z protokołem 16S Metagenomic Sequencing Library Preparation Nextera XT. Sekwencjonowanie regionów hiperzmienionych V3-V4 16S rRNA wykonano za pomocą zestawu MiSeq Reagent Kit v2 o długości odczytów 2x250 bp. Klasyfikacja taksonomiczna mikroorganizmów została wykonana na podstawie amplikonów 16S rRNA przy pomocy programu Metagenomics (Illumina). Analizę statystyczną oraz wizualizację danych wykonano za pomocą programu R Studio oraz MicrobiomeAnalyst.

Analiza porównawcza składu taksonomicznego wykazała 6 gatunków bakterii wspólnych dla wszystkich próbek gleby pobranych z korzeni pszenicy, przede wszystkim z typów: *Actinomycetota* oraz *Pseudomonadota*. Ponadto stwierdzono obecność 21 gatunków bakterii charakterystycznych dla korzeni pszenicy, które są stale obecne niezależnie od fazy wegetacyjnej rośliny.

OCENA PARAMETRÓW POPRAWIAJĄCYCH ŻYZNOŚĆ GLEBY W WYNIKU APLIKACJI NOWEJ LINII NAWOZÓW OTOCZKOWANYCH MIKROORGANIZMAMI

KRYSZYNA CYBULSKA^{1*}, OLIWIA PASTWA²

¹Katedra Bioinżynierii – Pracownia Mikrobiologii i Biochemii Środowiska

²SKN „Mikrokosmos”

Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

*e-mail: krystyna.cybulska@zut.edu.pl

Bezpieczeństwo żywnościowe jest jedną z głównych trosk wszystkich rozwijających się krajów świata. Ponadto z powodu uprzemysłowienia, degradacji gleb i zmian klimatu ilość zdalnych do uprawy gruntów rolnych została znacznie zredukowana. Zwiększenie plonów rolnych stało się zatem obecnie koniecznością. Jednym ze sposobów poprawy wydajności rolnictwa jest nadal optymalizacja stosowanego nawożenia, co wymaga wytwarzania nawozów nowej generacji. Nawozy o powolnym i kontrolowanym uwalnianiu, bioformulacja to nowe technologie zwiększające efektywność wykorzystania składników odżywczych i dążące zarówno do poprawy plonów i ochrony środowiska. Bioformulacja dotyczy stosowania preparatów zawierających określone mikroorganizmy, które są zdolne do wiązania lub rozpuszczania albo mobilizowania składników odżywczych dla roślin.

Celem badań było potwierdzenie, że powlekany polimerem nawóz mineralny w połączeniu z inokulantem mikrobiologicznym będzie skuteczny w istotnych elementach wpływających na żyzność gleby.

Materiały i metody: Ocena przydatności pojedynczych szczepów bakteryjnych po procesie liofilizacji do wykorzystania poprawy właściwości gleb. Ocena przydatności użytkowej użytych drobnoustrojów (potencjał metaboliczny i diazotroficzny). W pracy wykorzystano 8 szczepów bakterii z rodz. *Rhizobium* i 9 z rodz. *Bacillus*. Kombinacje granul nawozowych (2 rodzaje antyzbrylacza: R. i T.) wraz z poszczególnymi gatunkami bakterii. Określenie dynamiki zmian ilościowych bakterii w glebie po aplikacji otoczkowanych granul nawozowych. Ocena zwiększenia zawartości biomasy żywych mikroorganizmów w glebie. Oznaczenie stężenia związków pokrewnych IAA (IAA-like compounds) oraz zdolność do solubilizacji fosforanów. Określenie profilu metabolicznego wytypowanych szczepów bakterii potencjalnie promujących wzrost roślin wykonano w oparciu o płytki Biolog GEN III MicroPlate (BIOLOG Inc. Hayward, CA, USA). Analizę genetyczną bakterii wykonano w oparciu o izolację DNA, RNA i sekwencjonowanie Sangera z ustaleniem organizmu o największej homologii sekwencji.

Na podstawie przeprowadzonych badań stwierdzono, że granule nawozowe powlekane wybranymi drobnoustrojami mogą istotnie poprawić parametry gleby decydujące o ich żyzności.

Projekt współfinansowany przez Unię Europejską ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego lata 2014–2020, Oś Priorytetowa i Gospodarka, Innowacje, Nowoczesne Technologie, Działanie 1.1 Projekty badawczo-rozwojowe przedsiębiorstw, Typ projektu 2 Projekty badawczo-rozwojowe przedsiębiorstw ukierunkowane na wdrażanie wyników prac B+R w działalności gospodarczej. Projekt realizowany w ramach umowy na pracę badawczą nr 1/2022 z dnia 7.01.2022 r.

ZASTOSOWANIE BIEWĘGLA Z GLONÓW *CHLORELLA* SP. JAKO ŚRODKA POLEPSZAJĄCEGO WŁAŚCIWOŚCI GLEBY W HODOWLI ROŚLIN BOBOWATYCH

KAROLINA DZIOSA^{1*}, MONIKA KOZIEL², ANNA GAŁĄZKA², MONIKA MAKOWSKA¹

¹Sieć Badawcza Łukasiewicz – Instytut Technologii Eksploatacji w Radomiu,
Centrum Biogospodarki i Ekoinnowacji, ul. Pułaskiego 6/10 26-600 Radom

²Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Upraw Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy
ul. Krańcowa 8 24-100 Puławy

*e-mail: karolina.dziosa@itee.lukasiewicz.gov.pl

Z postępującym rozwojem przemysłu w naszym kraju i na świecie do środowiska naturalnego wprowadzane są znaczne ilości zanieczyszczeń i substancji toksycznych. Skutkuje to pogorszeniem jakości wód, gleb oraz powietrza. Szczególnie niebezpieczny ekologicznie jest proces nagromadzania się tych substancji w glebach. Przywrócenie gruncem wartości użytkowej jest procesem trudnym i długotrwałym. Obecnie poszukuje się aktywnych biologicznie czynników, które mogłyby wesprzeć w rozwoju oraz ochronie rośliny i zminimalizować ilość stosowanych środków chemicznych wprowadzanych do środowiska. Cel ten można osiągnąć, stosując jako dodatek do gleby biewęgiel, który przyczynia się do poprawy jakości plonów, żyzności gleb uprawnych i zdegradowanych, stymuluje rozwój symbiotycznych mikroorganizmów obecnych w glebie oraz zwiększa obecność węgla organicznego. Doskonałym surowcem do przeprowadzenia termicznej konwersji w celu uzyskania biewęgla ze względu na skład chemiczny oraz szybkie tempo wzrostu jest biomasa glonów, w szczególności gatunek *Chlorella* sp.

Celem badań była ocena wpływu biewęgla wytworzonego z biomasy mikroglonów *Chlorella* sp. na aktywność enzymatyczną i funkcjonalną bioróżnorodność mikroorganizmów w badanych próbkach glebowych.

W pierwszym etapie badań został wytworzony biewęgiel z biomasy mikroglonów *Chlorella* sp. (biomasa mikroglonów pochodziła z własnych hodowli). Biewęgiel został wytworzony w wyniku procesu niskotemperaturowej pirolizy (400°C), w atmosferze ditlenku węgla. Na podstawie przeprowadzonych badań własnych założono, że zastosowanie takich warunków procesu pirolizy biomasy mikroglonów korzystnie wpłynie na: porowatość biewęgla (porowaty materiał stanowi miejsce do bytowania mikroorganizmów symbiotycznych), obecność grup funkcyjnych na powierzchni biewęgla (są one odpowiedzialne za zdolności adsorpcyjne oraz retencję składników pokarmowych) oraz zwiększenie w nim zawartości węgla organicznego, co wskazuje na możliwość zastosowania go jako materiału poprawiającego jakość gleby. W drugim etapie badań oceniono aktywność enzymatyczną (dehydrogenaza i fosfataza zasadowa i kwaśna) i funkcjonalną bioróżnorodność mikroorganizmów z gleb spod uprawy bobiku z dodatkiem różnych zawartości (1%, 2,5%, 5%) biewęgla. Oceniono również wpływ odpowiedniego dodatku biewęgla na świeżą i suchą masę części nadziemnych i korzeni bobiku. Doświadczenie prowadzono przez okres 60 dni w szklarni IUNG-PIB w Puławach, monitorując temperaturę i nawadnianie.

Najkorzystniejsze rezultaty przeprowadzonych badań uzyskano w przypadku zastosowania dodatku biewęgla w ilości 1% oraz 2,5%. Dodatek większych ilości nie powodował wzrostu badanych parametrów glebowych i nie wpływał korzystnie na wzrost części nadziemnych i korzeni badanych roślin.

HOLOBIONT ROŚLINNY I MIKROBIOM GLEBOWY SZANSĄ DLA ZRÓWNOWAŻONEJ PRODUKCJI I ZDROWIA AGROEKOSYSTEMÓW

MAGDALENA FRĄC*, AGATA GRYTA, JACEK PANEK, KAROLINA OSZUST, DOMINIKA SIEGIEDA,
MICHAŁ PYLAK, MATEUSZ MĄCIK

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

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

Ważnym wyzwaniem dla globalnego sektora żywnościowego oraz rolnictwa i ogrodnictwa jest wyjaśnienie funkcjonalnych aspektów bioróżnorodności gleby oraz roślin i wykorzystanie tej wiedzy do poprawy zrównoważonej produkcji rolniczej. Zarówno gleby jak i rośliny postrzegane są jako metaorganizmy zwane holobiontami, których składniki i występujące zależności pomiędzy organizmami (biontami) wchodzącymi w skład danego systemu są kluczowe dla produktywności rolnej, jakości płodów rolnych oraz ich wpływu na zdrowie ludzi i zwierząt. Holobiont to określenie organizmu eukariotycznego, współistniejącego z wieloma innymi organizmami prokariotycznymi (bakteriami) oraz eukariotycznymi (grzybami), żyjącymi w symbiozie.

Poznanie mikrobiomów występujących w ekosystemach rolniczych, charakterystycznych dla danych upraw i regionu, ich funkcji oraz interakcji, a także relacji z roślinami należy więc do ważniejszych wyzwań i kierunków badawczych związanych z jakością środowiska oraz opracowaniem i testowaniem zrównoważonych strategii hodowlanych i produkcyjnych dla rolnictwa. Ponadto pogłębiona analiza holobiontu jest szansą na poprawę zrównoważonego wykorzystania środowiska rolniczego, zdrowsze gleby, rośliny i żywność oraz dalszy rozwój innowacyjnych usług i bioproduktów poprawiając w ten sposób jakość życia społeczeństwa i rozwój gospodarczy.

Ta problematyka badawcza jest kluczowa dla rozwoju społeczno-gospodarczego, należąc do nowych i ważnych wyzwań naukowych, które dzięki szybkiemu postępowi w genomice, technikach wysokoprzepustowego sekwencjonowania i narzędziach bioinformatycznych stają się możliwe do osiągnięcia. Wiadomo, że mikrobiom ma zasadniczy wpływ na zdrowie ludzi, produkowaną żywność, na rośliny i zwierzęta oraz na ekosystemy. Należy podkreślić, że coraz częściej stawiane są hipotezy, że rozwikłanie złożoności mikrobiomów, a także zależności między mikrobiomami różnych ekosystemów oraz poznanie i zrozumienie ich interakcji, w tym gleba-roślina-mikrobiom, oferuje ogromny potencjał w zakresie innowacji i będzie główną zmianą w sposobie zarządzania zasobami naszej planety w celu rozwoju zrównoważonej produkcji, pozyskiwania żywności oraz poprawy życia i zdrowia społeczeństwa.

W związku z tym tematyka przedstawionego projektu badawczego wychodzi naprzeciw tym wyzwaniom, a zwieńczeniem prowadzonych prac badawczych będą nie tylko wyniki badań zaprezentowane na konferencjach naukowych i branżowych oraz publikacje naukowe i popularnonaukowe, ale także mobilna aplikacja na telefon (HoloBIOME), która będzie obejmowała wyniki analiz mikrobiomu bakteryjnego i grzybowego ryzofery oraz materiału roślinnego co najmniej 70 gatunków roślin. Opracowana aplikacja będzie doskonałym narzędziem edukacyjnym i posłuży do upowszechniania wiedzy o holobioncie roślinnym oraz mikrobiomach gleb i roślin, przyczyniając się do podniesienia świadomości ludzi, uczniów, studentów, rolników i innych grup społecznych o otaczającym nas świecie mikrobiomów i ich bioróżnorodności oraz znaczeniu w rozwoju innowacyjnych rozwiązań, zrównoważonej produkcji czy zdrowia agroekosystemów.

„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”

ZMIANY AKTYWNOŚCI BIOLOGICZNEJ GLEBY NA TERENACH LEŚNYCH ZDEWASTOWANYCH PRZEZ HURAGANOWY WIATR W NADLEŚNICTWIE RYTEL (BORY TUCHOLSKIE)

ANNA FRYMARK-SZYMKOWIAK^{1*}, MIKOŁAJ MATELA²

¹*Katedra Biologii Środowiska, Wydział Nauk Biologicznych*

²*Katedra Hydrobiologii, Wydział Nauk Biologicznych*

Uniwersytet Kazimierza Wielkiego, ul. Chodkiewicza 30, 85-064 Bydgoszcz

**e-mail: afrymark@ukw.edu.pl*

Procesy zachodzące w środowisku glebowym uwarunkowane są zróżnicowaniem oraz aktywnością występujących tam mikroorganizmów. Postępującym zmianom klimatu coraz częściej towarzyszą ekstremalne zjawiska pogodowe, które są przyczyną znacznych zaburzeń środowiskowych oddziałujących na wszystkie poziomy ekosystemu. W sierpniu 2017 roku, huraganowe wiatry wiejące z prędkością ponad 150 km/h, uszkodziły w Polsce około 80 tysięcy hektarów lasu, a obszarem o największych zniszczeniach było Nadleśnictwo Rytel, gdzie uszkodzeniu uległo 64% powierzchni drzewostanów. Celem badań było określenie intensywności metabolizmu mikroorganizmów glebowych w monokulturze sosny zwyczajnej poddanej odmiennym sposobom zagospodarowania po zniszczeniu przez wiatr huraganowy. Wskaźnikami aktywności mikrobiologicznej gleby były enzymy glebowe: niespecyficzna dehydrogenaza oraz kwaśna fosfataza. Badania- mi objęto następujące obszary: las niezniszczony (wiek: 65 lat), który stanowił kontrolę (K), las uszkodzony w 56% z wiatrolomami (wiek: 43 lata), pozostawiony do sukcesji regeneracyjnej (bez prowadzenia gospodarki leśnej) (PMB) oraz dwa stanowiska zlokalizowane na powierzchniach zniszczonych przez wiatr, gdzie maszynowo usunięto wszystkie drzewa, a następnie posadzono sadzonki w rzędach: U1 – uprawa od 2021 roku, U2 – uprawa od 2022 roku. Z każdej powierzchni pobierano 4 próby glebowe z warstwy 0–10 cm (w przypadku uprawy – próby były mieszane z rzędów i międzyrzędzi) w roku 2019, 2022 i 2023. Na powierzchniach zniszczonych huraganowym wiatrem (PMB, U1, U2), aktywność dehydrogenazy glebowej była niższa w porównaniu z kontrolą (K), jednak istotnie niższe wartości w stosunku do kontroli (K) zarejestrowano na stanowiskach U1 i U2. Aktywność dehydrogenazy była istotnie skorelowana z warunkami fizyko-chemicznymi gleby, szczególnie z wilgotnością oraz zawartością materii organicznej. Powierzchnie z nowymi nasadzeniami (U1 i U2) charakteryzowały się również najniższymi wartościami aktywności kwaśnej fosfatazy, a najwyższą aktywność spośród badanych miejsc, obserwowano na powierzchni monitoringowo-badawczej (PMB). Mechaniczne zabiegi agrotechniczne prowadzą do niszczenia struktury gleby, obniżenia zawartości materii organicznej i redukcji aktywności biologicznej gleby. Powierzchnie pozostawione do samoistnej sukcesji wtórnej, mogą stanowić naturalny rezerwuuar mikroorganizmów glebowych wspomagających odnawianie środowiska glebowego. Ocena aktywności biologicznej gleby pozwala określić szybkość oraz kierunki procesów regeneracyjnych zaburzonego ekosystemu.

WPLYW STRESU SOLNEGO NA KIELKOWANIE ORAZ WZROST PSZENICY I RZEPAKU

KAROLINA FURTAK*, KAROLINA GAWRYJOŁEK

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

**e-mail: kfurtak@iung.pulawy.pl*

Zasolenie gleby, które dotyka prawie 6% powierzchni łądów na świecie, jest jednym z głównych czynników środowiskowych, które negatywnie wpływają na rozmieszczenie roślin i wydajność upraw. Celem badań było określenie wpływu różnych stężeń zasolenia podłoża na kiełkowanie i wzrost pszenicy ozimej i rzepaku.

Badanie modelowe przeprowadzono w kontrolowanych warunkach fitotronowych. Rośliny hodowano na podłożu Hoaglanda z dodatkiem 0%, 0,5%, 1% oraz 7% chlorku sodu (NaCl). Po 7 dniach określono liczbę wykiełkowanych nasion, a po 17 zmierzono długość korzeni oraz określono świeżą i suchą masę roślin. Kontrolę stanowiło podłoże bez dodatku soli.

Wyniki wykazały, że stężenie na poziomie 7% NaCl jest całkowicie szkodliwe dla roślin – nie zaobserwowano kiełkowania pszenicy i rzepaku. W przypadku pszenicy przy dodatku 0,5% zaobserwowano taką samą liczbę kielków, co w próbce kontrolnej. Nawet dodatek 0,5% NaCl powodował skrócenie korzeni pszenicy o 50,5% w porównaniu z warunkami optymalnymi. Przy stężeniu 1,5% wartość ta wynosiła aż 91,7%. Świeża masa roślin pszenicy była o 71,5% niższa przy dodatku 0,5% NaCl i aż o 93,2% niższa przy 1,5% w porównaniu z obiektem kontrolnym.

Interesującą obserwacją jest pełne kiełkowanie roślin rzepaku w obecności 1,5% NaCl oraz niewiele niższa liczba kielków przy pozostałych stężeniach – o 6,7% w stosunku do próbki kontrolnej. Długość korzeni rzepaku była również redukowana w obecności NaCl: o 10,9% przy 0,5%, 50,1% przy 1% oraz aż o 91,9% przy 1,5%. Świeża masa roślin rzepaku była o 47,5% niższa przy dodatku 0,5% NaCl i aż o 97,7% niższa przy 1,5% w porównaniu z obiektem kontrolnym.

Badania wskazują, że obie rośliny uprawne są podatne na stres solny, choć można przypuszczać, że rzepak łagodniej reaguje na dodatek NaCl w podłożu w porównaniu z pszenicą.

Projekt OSMO-PROTECT ma na celu opracowanie biopreparatu ukierunkowanego na wspomaganie roślin uprawnych w warunkach stresu osmotycznego, który jest konsekwencją zasolenia gleb. Obserwacja reakcji roślin na niekorzystne warunki środowiska glebowego stanowi podstawę prac zaplanowanych w ramach zadania 2 projektu.

Opracowanie powstało w ramach realizacji projektu OSMO-PROTECT pt. Opracowanie innowacyjnego preparatu mikrobiologicznego o charakterze osmoprotekcyjnym do wspomagania oraz ochrony roślin uprawnych w warunkach stresu osmotycznego wywołanego zmienną wilgotnością gleby i zasoleniem, nr LIDER14/0250/2023 finansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju (NCBR).

WSKAŹNIKI BIOCHEMICZNE W OCENIE BIORÓŻNORODNOŚCI ŚRODOWISKA GLEBOWEGO WYBRANYCH OBSZARÓW NATURA 2000

BARBARA FUTA*, JOANNA GMITROWICZ-IWAN, MAGDALENA MYSZURA-DYMEK

*Instytut Gleboznawstwa, Inżynierii i Kształtowania Środowiska,
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Leszczyńskiego 7, 20-069 Lublin*

**e-mail: barbara.futa@up.lublin.pl*

Istotną rolę w zachowaniu bioróżnorodności siedlisk pełni gleba. Kształtuje ona charakter siedlisk oraz porastających je zespołów roślinnych. Jakość gleby jest kształtowana przede wszystkim poprzez transformację materii organicznej. Przemiany substancji biogennych zachodzące w glebie stymulowane są przez enzymy. Testy enzymatyczne uważane są za jeden z bardziej czułych wskaźników funkcjonowania ekosystemu.

Celem pracy była ocena różnorodności biologicznej środowiska glebowego obszarów Natura 2000 na podstawie wskaźników opartych na testach enzymatycznych. Przedmiotem badań były gleby trzech muraw położonych na terenie wschodniej Lubelszczyzny, w obrębie sieci ekologicznej Natura 2000: Ostoja Nadbużańska PLH140011 (siedlisko 6120 – murawy napiaskowe), Stawska Góra PLH060018 (siedlisko 6210-3 – kwietne murawy kserotermiczne) oraz Zachodniowołyńska Dolina Bugu PLH060035 (siedlisko 6210 – murawy kserotermiczne). Obszary te są zróżnicowane pod względem szaty roślinnej, rzeźby terenu a także właściwości fizykochemicznych, typologii i uziarnienia gleb. Prace badawcze prowadzono przez 3 kolejne lata, a materiał glebowy do analiz laboratoryjnych pobierano z warstwy 0–20 cm, w 2 terminach każdego roku: wiosną i jesienią. W próbkach glebowych oznaczono aktywność następujących enzymów glebowych: ureazy (Ure), fosfatazy kwaśnej (Fkw), fosfatazy zasadowej (Fza) oraz dehydrogenaz (Deh), a także zawartość węgla organicznego ogółem (C_{org}). Do oceny bioróżnorodności środowiska glebowego wykorzystano następujące wskaźniki biochemiczne:

- (1) $BA = \%C_{org} (Ure + Fkw + Fza + Deh)$ oraz
- (2) $GMea = (Ure + Fkw + Fza + Deh)^{1/4}$.

Wskaźniki biochemiczne BA i GMea opierają się na aktywności kilku enzymów glebowych, dlatego są bardzo wrażliwe na wszelkie zmiany w środowisku glebowym. Ponadto ich wartości są powiązane z właściwościami fizycznymi i chemicznymi gleby.

Na podstawie wyników trzyletnich badań stwierdzono, że gleba siedliska muraw kserotermicznych (Zachodniowołyńska Dolina Bugu PLH060035) wykazała istotnie wyższe wartości wskaźników biochemicznych BA i GMea w porównaniu z pozostałymi stanowiskami, co wskazuje na większą różnorodność biologiczną środowiska glebowego.

PORÓWNANIE ZAWARTOŚCI BIAŁEK GLEBOWYCH SPOKREWNIONYCH Z GLOMALINAMI W GLEBIE LEŚNEJ ORAZ ROLNICZEJ

KAROLINA GAWRYJOŁEK*, ANNA GAŁĄZKA

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

**e-mail: kgaw@iung.pulawy.pl*

Ekosystemy leśne wyraźnie różnią się od rolniczych, w których kluczową rolę odgrywa gospodarka rolna prowadzona przez człowieka. Ekosystemy leśne to kompleksy roślinności charakteryzujące się dużym udziałem drzew rosnących w zwarcu. Białka glebowe spokrewnione z glomalinami to stabilne, nierozpuszczalne w wodzie i odporne na degradację glikoproteiny. Stwierdzono ich obecność zarówno w glebach uprawianych rolniczo, na glebach leśnych, łąkowych oraz na nieużytkach rolnych. Częsteczki te, produkowane przez grzyby mikoryzy arbuskularnej, stabilizują agregaty glebowe, chroniąc je przed rozbiciem. Stabilność struktury gleby istotnie wpływa na charakter i zawartość materii organicznej w glebie.

Celem badań było określenie zawartości ogólnych (T-GRSP) oraz łatwo ekstrahowalnych (EE-GRSP) białek glebowych spokrewnionych z glomalinami w glebach użytkowanych rolniczo oraz glebach leśnych. Materiał do analiz stanowiły próbki glebowe pobrane z pola uprawnego na terenie RZD IUNG-PIB w Osinach oraz z lasu liściastego położonego w jego bezpośrednim sąsiedztwie. Do analizy pobrano również próbki pochodzące z granicy pola i lasu.

Najwyższą zawartość białek glebowych spokrewnionych z glomalinami stwierdzono w próbkach pobranych z lasu, w odległości 30 m od granicy z polem.

Badania wykonano w ramach tematu statutowego 1.27 IUNG-PIB „Charakterystyka strukturalna i funkcjonalna bioróżnorodności mikroorganizmów glebowych w ekosystemie leśnym i rolniczym”.

BIOCHEMICZNA CHARAKTERYSTYKA MIKROBIOMU GLEBOWEGO W MONOKULTUROWEJ UPRAWIE ŻYTA I KUKURYDZY

AGATA GRYTA¹, KAROLINA OSZUST¹, VACLOVAS BOGUZAS², ZITA KRIAUCIŪNIENĖ², JERZY WEBER³,
MAGDALENA FRĄC^{1*}

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

²*Vytautas Magnus University, Agriculture Academy, Kaunas, Lithuania*

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

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

Celem projektu SOMPACS było określenie wpływu długoterminowego użytkowania i różnych sposobów uprawy gleby na bioróżnorodność mikroorganizmów środowiska glebowego. Analiza bioróżnorodności środowiska glebowego umożliwiła ocenę zmian zachodzących w zbiorowiskach mikroorganizmów w poszczególnych obiektach doświadczalnych, dając odpowiedź o efektywności działania zastosowanych sposobów uprawy na aktywność metaboliczną mikroorganizmów glebowych. Mikrobiom gleby to zbiorowiska mikroorganizmów: bakterii, grzybów, archeonów pełniących kluczowe funkcje w procesach biochemicznych, umożliwiających m.in. obieg pierwiastków oraz wspierających wzrost i rozwój roślin. Prawidłowe funkcjonowanie ekosystemu glebowego jest powiązane z aktywnością metaboliczną, biochemiczną bakterii, grzybów i archeonów. Wiedza na temat aktywności biochemicznej oraz potencjału enzymatycznego mikrobiomu gleby jest istotna w ocenie stanu środowiska, jak również w działaniach mających na celu poprawę jej jakości. Wykorzystanie biologicznych i biochemicznych parametrów do oceny stanu ekologicznego środowiska dostarcza precyzyjnych informacji o procesach, w których uczestniczą mikroorganizmy. Mikroorganizmy bardzo szybko reagują na zmiany w środowisku, dzięki czemu pełnią rolę bioindykatorów jakości danego siedliska. Zastosowanie systemu Biolog EcoPlate® w badaniach nad jakością gleb jest uzasadnione dużą wrażliwością mikroorganizmów na warunki środowiskowe oraz stosowane zabiegi agrotechniczne czy rodzaj nawożenia. Celem szczegółowym przeprowadzonych badań była charakterystyka zdolności metabolicznych i charakterystyka profilu fizjologicznego zbiorowisk mikroorganizmów glebowych w monokulturowej uprawie żyta i kukurydzy. Analizy dokonano na podstawie 54-letniego doświadczenia zlokalizowanego na Litwie uwzględniającego następujące sposoby uprawy: 1) ugor-kontrola, 2) uprawa bez nawożenia N,P,K, 3) uprawa z nawożeniem NPK, 4) uprawa z nawożeniem NPK, obornikiem i rośliną bobowatą. Właściwości metaboliczne mikrobiomu glebowego oceniono na podstawie zdolności do metabolizowania 31 różnych substratów węglowych umieszczonych na płytkach Biolog EcoPlate®. Na podstawie dokonanych pomiarów wyznaczono wskaźniki bioróżnorodności tj. AWCD, Shannon oraz R (liczbę wykorzystywanych substratów). Najwyższą aktywność oraz bioróżnorodność funkcjonalną odnotowano w obiektach uprawnych z zastosowaniem nawożenia NPK, obornika i współrzędnej uprawy rośliny bobowatej. Przeprowadzona analiza skupień wykazała, że substraty najintensywniej metabolizowane należały do grupy aminokwasów i kwasów karboksylowych.

Badania finansowane przez NCBR w ramach Programu EJP SOIL, Projekt SOMPACS,
numer umowy: EJPSOIL/I/78/SOMPACS/2022

WPLYW SYSTEMÓW GOSPODAROWANIA ORAZ NAWADNIANIA NA WYBRANE WSKAŹNIKI BIORÓŻNORODNOŚCI GLEBY POD ZASIEWAMI MARCHWI

ELŻBIETA HARASIM, CEZARY A. KWIATKOWSKI*

*Katedra Herbologii i Technik Uprawy Roślin, Wydział Agrobiotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie,
ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin*

**e-mail: cezary.kwiatkowski@up.lublin.pl*

Doświadczenie polowe z uprawą marchwi (*Daucus carota* L. – odmiana „Kinga”) prowadzono w latach 2020-2022 w Gospodarstwie Doświadczalnym Czesławice (51°30' N; 22° 26' E; województwo lubelskie, Polska), na glebie płowej wytworzonej z lessu należącej do II klasy bonitacyjnej. Czynniki eksperymentu były: I. Systemy gospodarowania (ekologiczny – bez stosowania chemicznych środków ochrony roślin i nawozów mineralnych NPK; konwencjonalny – stosowanie środków ochrony roślin i nawożenia NPK w zakresie i dawkach zalecanych dla marchwi; zrównoważony – stosowanie środków ochrony roślin i nawożenia NPK w sposób „ekonomiczny” – dawki obniżone o 50%). II. Nawadnianie upraw marchwi: 1) bez nawadniania – kontrola; 2) nawadnianie dwukrotne (na początku wegetacji roślin oraz w fazie krytycznego zapotrzebowania marchwi na wodę); 3) nawadnianie wielokrotne wynikające z monitorowania suszy na polu uprawnym).

Wykazano, że konwencjonalny system gospodarowania z zastosowaniem wielokrotnego nawadniania wpływał na największą zawartość grzybów pożytecznych (ok. 222 tys. w 1 g gleby). Najmniej grzybów pożytecznych stwierdzono w systemie ekologicznym bez nawadniania (162 tys. w 1 g gleby). W przypadku grzybów patogenicznych wpływ czynników doświadczenia był odwrotny, mianowicie największą ich ilość oznaczono w systemie ekologicznym z 2-krotnym nawadnianiem roślin – 134 tys. w 1 g gleby. Natomiast najmniejszą ich liczbę stwierdzono w warunkach systemu zrównoważonego z wielokrotnym nawadnianiem – ok. 99 tys. w 1 g gleby. Ilość promieniowców w 1 g gleby była istotnie największa w konwencjonalnym systemie gospodarowania z zastosowaniem wielokrotnego nawadniania – ok. 51 tys. szt. Najmniej promieniowców odnotowano natomiast w systemie ekologicznym bez nawadniania – ok. 32 tys. szt.

Aktywność enzymatyczna gleby istotnie zależała od sposobu gospodarowania. System ekologiczny sprzyjał największej zawartości dehydrogenazy i fosfatazy kwaśnej. W systemie zrównoważonym stwierdzono największą aktywność fosfatazy alkalicznej i proteazy, natomiast aktywność enzymu ureaza była największa w konwencjonalnym systemie gospodarowania. Nawadnianie zasiewów marchwi miało zróżnicowany i niejednoznaczny wpływ na aktywność enzymatyczną gleby. Zawartość C-organicznego w glebie była istotnie większa w ekologicznym systemie gospodarowania niż w systemie konwencjonalnym. Wielokrotne nawadnianie zasiewów marchwi, niezależnie od systemu uprawy, powodowało również istotnie największą zawartość tego składnika w glebie (1,22–1,55%).

Informacja o finansowaniu: projekt NCBiR (ZKB/U-389/ZiR/RiO/2021) na lata 2021–2023 „Innowacyjne rozwiązanie informatyczne oparte o sztuczną inteligencję i hybrydowe systemy ekspertowe wspierające podejmowanie celnych decyzji biznesowych w rolnictwie w hodowli roślin i zwierząt.

CHARAKTERYSTYKA GRZYBÓW ZASIEDLAJĄCYCH RYZOSFERĘ ROŚLIN RUDERALNYCH POBRANYCH Z TERENÓW ZDEGRADOWANYCH I ZANIECZYSZCZONYCH ROPĄ NAFTOWĄ

AGATA JANCZAREK^{1*}, JAROSŁAW CIEPIEL¹, KAROLINA GAWRYJOLEK¹, ALEKSANDRA UKALSKA-JARUGA²,
BARBARA ABRAMCZYK¹, ANNA MARZEC-GRZĄDZIEL¹, ANNA GAŁĄZKA^{1*}

¹*Zakład Mikrobiologii*

²*Zakład Gleboznawstwa i Analiz Środowiskowych,
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy,
ul. Czarotoryskich 8, 24-100 Puławy*

*e-mail: agalazka@iung.pulawy.pl
ajanczarek@iung.pulawy.pl

Pozyskiwanie i przetwarzanie ropy naftowej to złożony proces, na który składają się wydobywanie oraz przerób w rafineriach. Magazynowaniu uzyskiwanych paliw towarzyszą awarie. Przedostająca się w skutek tych procesów ropa naftowa lub jej produkty zanieczyszczają środowisko – glebę, powietrze oraz wodę. Biologiczną metodą oczyszczania środowiska jest bioremediacja, która polega na zastosowaniu żywych organizmów do rozkładania zanieczyszczeń organicznych. Grzyby są zdolne do usuwania zanieczyszczeń takich jak wielopierścieniowe węglowodory aromatyczne oraz do oczyszczania gleb skażonych pierwiastkami śladowymi (fitoremediacja, fitostabilizacja). Monitorowanie i badanie naturalnie zachodzących procesów bioremediacji w miejscu skażenia jest ważne ze względu na możliwość rekrutacji autochtonicznych szczepów grzybów zdolnych do rozkładu substancji niebezpiecznych dla środowiska.

Głównym celem badań była ocena mykobiomu ryzosfery wybranych roślin ruderalnych zebranych z gleb silnie zdegradowanych i długotrwale zanieczyszczonych ropą naftową.

Materiał roślinny pobrano z terenu zabytkowej Kopalni Ropy Naftowej w Węglówce. Mniszek lekarski, skrzyp polny, babkę lancetowatą, żywokost oraz koniczynę czerwoną analizowano pod kątem określenia aktywności biologicznej wybranych metabolitów wtórnych, oznaczenia profilu metabolomicznego oraz zawartości związków fenolowych. Wyizolowano DNA z ryzosfery. Wykonano badania mykobiomu ryzosfery roślin ruderalnych. Przeprowadzono następujące analizy: różnorodność metaboliczną przy użyciu systemu Biolog, sekwencjonowanie nowej generacji (NGS) regionów zmiennych (ITS dla grzybów). Dodatkowo oznaczono parametry chemiczne próbek roślin i gleby (Corg, Nmin, Σ16 WWA i pierwiastki śladowe).

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

ZMIANY W STRUKTURZE POPULACJI DŹDŻOWNIC NA POLU W NASTĘPSTWIE STOSOWANIA ŚRODKÓW OCHRONY ROŚLIN I NAWOZÓW MINERALNYCH

ANGELIKA KLISZCZ*, JOANNA PUŁA

*Katedra Agroekologii i Produkcji Roślinnej, Wydział Rolniczo-Ekonomiczny,
Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, Al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków*

**e-mail: angelika.kluszcz@urk.edu.pl*

Obecność i aktywność dżdżownic rezydujących w ryzosferze roślin uprawnych jest jedną z kluczowych zmiennych w ocenie biologicznych właściwości gleb użytkowanych rolniczo. Występowanie dżdżownic wpływa na poprawę struktury gleby, zmianę struktury mikrobiomu glebowego warstwy ornej czy bardziej efektywną infiltrację w profilu glebowym.

W założonym doświadczeniu polowym badano zmiany w strukturze populacji dżdżownic budujących korytarze w warstwie ryzosferowej pszenżyta jarego odm. Mamut w trzecim i czwartym roku ciągłej uprawy po sobie. Czynnikiem pierwszego rzędu był termin przyorania biomasy międzyplonu z gorczycy białej (jesień, wiosna=mulcz), a czynnikiem drugiego rzędu sposób prowadzenia uprawy pszenżyta jarego: NAT – bez środków ochrony roślin (ŚOR) i nawozów mineralnych, MF – z dodatkiem jedynie nawozów mineralnych, PEST – z dodatkiem nawozów mineralnych i ŚOR.

Wyniki badań wskazują na spadek biomasy dżdżownic odłowionych podczas dwóch kolejnych sezonów wegetacyjnych w obrębie wszystkich obiektów, z wyjątkiem obecności osobników młodocianych dla obiektu MF i międzyplonu pozostawionego w mulcz.

*Badania zostały sfinansowane z subwencji na działalność badawczą Katedry Agroekologii i Produkcji Roślinnej
Uniwersytetu Rolniczego im. Hugona Kołłątaja w Krakowie z środków Ministerstwa Edukacji i Nauki.*

ODDZIAŁYWANIE RÓŻNYCH SZCZEPÓW BAKTERII Z RODZAJU *PSEUDOMONAS* WYKAZUJĄCYCH ZDOLNOŚĆ DO SOLUBILIZACJI FOSFORANÓW NA WZROST PSZENICY OZIMEJ

MONIKA KOZIEL*, ANNA GAŁĄZKA

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

**e-mail: mkoziel@iung.pulawy.pl*

Wiele gatunków bakterii z rodzaju *Pseudomonas* jest zaliczanych do grupy PGPR (ang. *Plant Growth Promoting Rhizobacteria*) – niepatogennych bakterii ryzosferowych, które wywierają pozytywny wpływ na wzrost i rozwój roślin. Występujące powszechnie w glebie bakterie z rodzaju *Pseudomonas* są zdolne do stymulacji wzrostu wielu roślin uprawnych. Mechanizm korzystnego oddziaływania tych bakterii na rośliny jest złożony, jednym z jego elementów jest zdolność do solubilizacji fosforanów.

Celem badań było sprawdzenie efektywności inokulacji pszenicy ozimej (odmiana Memory) szczepami bakterii z rodzaju *Pseudomonas*. Doświadczenie prowadzono w wazonach o pojemności 500 cm³ na piasku wzbogaconym pożywką mineralną zawierającą nierozpuszczalny Ca₃(PO₄)₂ w pokoju fitotronowym w kontrolowanych warunkach.

Materiałem biologicznym użytym do badań były szczepy bakterii z rodzaju *Pseudomonas* wyizolowane z gleb ornych Polski. Szczepy charakteryzowały się zdolnością do solubilizacji fosforanów, a selekcji szczepów dokonano na podstawie wielkości strefy solubilizacji (przezroczysta strefa halo) tworzonej wokół kolonii bakteryjnych.

W przeprowadzonym doświadczeniu wazonowym analizowano wpływ badanych szczepów na świeżą i suchą masę części nadziemnych i korzeni pszenicy ozimej. Badane szczepy zidentyfikowano do gatunku na podstawie analizy porównawczej sekwencji genu 16S rRNA. Wśród izolatów znalazły się gatunki: *P. arsenicoxydans*, *P. azotoformans*, *P. frederiksbergensis*, *P. fluorescens*, *P. helmanticensis* i *P. syringae*. W wyniku przeprowadzonego doświadczenia wazonowego stwierdzono, iż trzy szczepy – *Pseudomonas azotoformans*, *Pseudomonas silesiensis* i *Pseudomonas helmanticensis* – spowodowały istotne zwiększenie masy części nadziemnych pszenicy ozimej w porównaniu z masą części nadziemnych tych roślin w obiektach kontrolnych. Wpływ inokulacji nasion pszenicy ozimej szczepami bakterii z rodzaju *Pseudomonas* na suchą masę części nadziemnych oraz świeżą i suchą masę korzeni okazał się nie być istotny statystycznie.

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

SYNTETYCZNA SPOŁECZNOŚĆ MIKROORGANIZMÓW (SYNCOM) JAKO SKŁADNIK BIOPREPARATU WSPOMAGAJĄCEGO FUNKCJONOWANIE HOLOBIONTU PSZENICY

AGNIESZKA KUŹNIAR^{1*}, ANNA KRUCZYŃSKA¹, SOFIE THIJ², JACO VANGRONSVELD², JAROSŁAW GRZĄDZIEL³,
ANNA GAŁĄZKA³, AGNIESZKA WOLIŃSKA¹

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

²*Hasselt University, Centre for Environmental Sciences, Research group Environmental Biology Agoralaan,
building D, B-3590 Diepenbeek, Belgium*

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

*e-mail: agnieszka.kuzniar@kul.pl

Istnieją kopalne zapisy endofitów sięgające ponad 400 milionów lat temu, wskazujące, że mikroorganizmy te są zaangażowane w adaptację roślin żywicielskich do zmian siedliskowych. Dzięki innowacyjnym narzędziom molekularnym, które zapewniają nowy wgląd w interakcje drobnoustrojów, uzyskano informacje, że mikrobiom roślinny wspiera gospodarza w warunkach stresów środowiskowych. Jednocześnie umożliwiając mu dostosowanie się do tych warunków równoważąc w ten sposób funkcjonowanie holobiontu roślinnego.

Głównym celem badań było przedstawienie analizy genetycznej na podstawie genu 16S RNA wybranych szczepów jako SynCom do bezpośredniego wykorzystania jako składnik biopreparatu wspierającego wzrost i rozwój holobiontu pszenicy zwyczajnej.

Izolaty szczepów bakteryjnych tworzących SynCom hodowano w bioreaktorze o pojemności 4 L w ściśle określonych dla nich warunkach. Następnie wykonano izolację materiału genetycznego z użyciem zestawu Genomic Mini AX Bacteria+. Sekwencjonowanie następnej generacji genu 16S rRNA wykonano z zastosowaniem systemu MiSeq (Illumina). Analiza bioinformatyczna otrzymanych odczytów opierała się na klastrowaniu do ASV (ASV, ang. *Amplicon Sequencing Variants*) oraz do OTU (OTU, ang. *Operational Taxonomic Units*).

Uzyskane odczyty pogrupowano w OTU na podstawie klastrowania sekwencji na poziomie 3% dywergencji. W ten sposób określono klastry, które oznaczono jako CL. W hodowli bioreaktorowej wyodrębniono sześć klastrow (CL1-6), z których jeden obejmował rodzaj *Pseudoclavibacter*, podczas gdy pięć różnych klastrow sklasyfikowano jako *Bacillus* sp.

Natomiast analiza metabarcodingu ASV pozwoliła na klasyfikację dziewięciu heterogenicznych ASV należących do różnych gatunków *Bacillus* w materiale genetycznym wyizolowanym z hodowli bioreaktorowych. Ponadto zidentyfikowano również ASV specyficzny dla gatunków z rodzaju *Serratia*. Należy podkreślić, że w metabarkodingu OTU tych gatunków nie zidentyfikowano.

Metoda ASV pozwoliła na określenie sekwencji genu 16S rRNA charakterystycznych dla większej liczby gatunków w hodowlach bioreaktorowych. Prawdopodobnie klastrowanie ASV może być bardziej praktyczne niż OTU do analizy genetycznej szczepów wykorzystywanych w mikrobiologii środowiskowej.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu LIDER IX (0024/L-9/2017) oraz grantu wewnętrznego z komponentem międzynarodowym (0827).

WRAŻLIWOŚĆ *NEOSARTORYA* SPP. (TELEOMORF *ASPERGILLUS* SPP.) NA ZWIĄZKI O FUNKCJACH MEMBRANOWYCH DOSTĘPNYCH NA MIKROPLYTKACH PM21-25 BIOLOG™

WIKTORIA MAJ*, GIORGIA PERTILE, MAGDALENA FRĄC*

*Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk w Lublinie
ul. Doświadczalna 4, 20-209, Lublin*

**adres korespondencyjny: m.frac@ipan.lublin.pl
e-mail autora prezentującego: w.maj@ipan.lublin.pl*

Grzyby z rodzaju *Neosartorya*, będące stadium teleomorficznym *Aspergillus* spp., stanowią istotne zagrożenie w rolnictwie i ogrodnictwie ze względu na swoją zdolność do psucia produktów rolnych (Klich, 2009; Samson et al., 2014). Grzyby te bytują w glebie i są odpowiedzialne za znaczne straty plonów i pogorszenie jakości przechowywanych produktów, co ma bezpośredni wpływ na ekonomię sektora rolniczego (Pitt & Hocking, 2009). Współczesne podejście do zwalczania groźnych dla rolnictwa mikroorganizmów wymaga zrozumienia mechanizmów oporności oraz wrażliwości na różnorodne związki chemiczne (Varga et al., 2010). W ramach prezentowanych badań skoncentrowaliśmy się na ocenie wrażliwości *Neosartorya* spp. na związki o funkcjach membranowych dostępnych na mikroplytkach PM21-25 systemu Biolog™.

Testy wrażliwości umożliwiły ocenę wpływu 12 związków działających na funkcjonowanie membran komórkowych (Bochner et al., 2001). Ewaluacji poddano 10 izolatów, które po 10-dniowej hodowli w temperaturze 30°C, zostały wykorzystane do stworzenia inokulum w celu zaszczerpienia mikroplytek Biolog® PM21-25. Plytki inkubowano przez 192 godziny w temperaturze 30°C, a odczytów dokonywano w odstępach 24-godzinnych za pomocą Biolog® MicroStation przy długości fali 490 nm (intensywność oddychowa grzybów) i 750 nm (intensywność wzrostu grzybów). Po 144 godzinach inkubacji, większość substancji miała działanie stymulujące wzrost grzybów, ze szczególnie wysoką gęstością mycelium obserwowalną przy inkubacji z siarczanem protaminy. Niaproof® oraz propikonazol powodowały inhibicję rozwoju izolatów. Jedyną substancją nie mającą istotnego wpływu na rozwój mycelium izolatów był wodorochlorek amitryptyliny. Wyniki badań ujawniły także zróżnicowane reakcje izolatów *Neosartorya* spp. na testowane substancje, co sugeruje istnienie specyficznych mechanizmów oporności. Wyniki podkreślają konieczność indywidualnego podejścia do zwalczania kontaminacji wywołanych przez *Neosartorya* spp. w rolnictwie i ogrodnictwie.

Bibliografia: Klich, M.A. (2009). Health effects of *Aspergillus* in food and air. *Toxicology and Industrial Health*, 25(9-10), 657-667. <https://doi.org/10.1177/0748233709348271> Samson, R.A., Visagie, C.M., Houbbraken, J., Hong, S.B., Hubka, V., Klaassen, C.H.W., Perrone, G., Seifert, K.A., Susca, A., Tanney, J.B., Varga, J., Kocsubé, S., Szigeti, G., Yaguchi, T., Frisvad, J.C. (2014). Phylogeny, identification and nomenclature of the genus *Aspergillus*. *Studies in Mycology*, 78, 141-173. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2014.07.004> Pitt, J.I., & Hocking, A. D. (2009). *Fungi and Food Spoilage*. Springer, New York. <https://doi.org/10.1007/978-0-387-92207-2> Varga, J., Kocsubé, S., Péteri, Z., Vágvölgyi, C., & Tóth, B. (2010). Chemical, physical and biological approaches to prevent ochratoxin induced toxicoses in humans and animals. *Toxins*, 2(7), 1718-1750. <https://doi.org/10.3390/toxins2071718> Bochner, B.R., Gadzinski, P., Panomitros, E. (2001). Phenotype microarrays for high-throughput phenotypic testing and assay of gene function. *Genome Research*, 11(7), 1246-1255. <https://doi.org/10.1101/gr.186501>.

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

ENZYMATYCZNA DYNAMIKA I METABOLICZNE ZRÓŻNICOWANIE MIKROORGANIZMÓW W UPRAWACH WSPÓŁRZĘDNYCH ZBÓŻ I ROŚLIN BOBOWATYCH

MATEUSZ MĄCIK¹, MICHAŁ PYLAK¹, KAROLINA OSZUST¹, BEATA FELEDYN-SZEWCZYK²,
GIACOMO PIETRAMELLARA³, SHAMINA IMRAN PATHAN³, MAGDALENA FRĄC^{1*}

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*

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

Uprawy współrzędne zbóż i roślin bobowatych stanowią integralny element zrównoważonego rolnictwa, niosąc za sobą korzyści takie jak: zmniejszenie zapotrzebowania na nawozy mineralne, efektywniejsze wykorzystanie zasobów glebowych oraz zapewnienie bezpieczeństwa żywnościowego. Przyczyniają się także do zwiększenia bioróżnorodności na danym obszarze, co jest nierozzerwalnie związane z poprawą jakości gleb uprawnych. Do prawidłowego prowadzenia upraw współrzędnych kluczowy jest właściwy wybór gatunków roślin, co pozwala na osiągnięcie optymalnych wyników i korzyści płynących z takiej formy uprawy.

Celem badań była analiza aktywności enzymatycznej gleby oraz różnorodności metabolicznej zbiorowisk mikroorganizmów w warstwach podpowierzchniowych gleby w różnych systemach uprawy pszenicy i roślin bobowatych w doświadczeniu polowym zlokalizowanym w Stacji Doświadczalnej Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa w Osinach. W doświadczeniu uwzględniono następujące systemy uprawy: monokulturę w systemie konwencjonalnym (CM), organicznym (OM) i integrowanym (IM) oraz uprawę współrzędną w systemie organicznym (OI) i integrowanym (II). Próbkę gleby pobierano z trzech głębokości: 15–30 cm, 30–60 cm oraz 60–90 cm. Zbadano aktywność proteazy, ureazy, dehydrogenazy, β -glukozydazy oraz fosfatazy kwaśnej i alkalicznej. Do oceny różnorodności metabolicznej mikroorganizmów wykorzystano system BIOLOGTM oraz płytki ECO opłaszczane substratami węgla.

Uzyskane wyniki wskazują, że aktywność enzymatyczna różniła się w zależności od systemu uprawy i głębokości profilu glebowego oraz wykazywała tendencję spadkową w próbkach pobranych z niższych warstw. Aktywności proteazy, ureazy i dehydrogenazy wzrosły w odpowiadających sobie warstwach 15–30 cm pomiędzy CM a pozostałymi systemami, z wyjątkiem ureazy w II. Podobny trend zanotowano dla warstwy 30–60 cm w przypadku proteazy w OM i II, ureazy w OM i OI i dla pozostałych enzymów (z wyjątkiem fosfatazy alkalicznej) w II. Analiza aktywności enzymatycznej dla poszczególnych systemów uprawy, bez podziału na głębokości, wykazała najwyższe wartości fosfatazy kwaśnej i dehydrogenazy w II, ze wzrostem między pozostałymi systemami wynoszącymi odpowiednio 18,63%–316,88% oraz 137,68%–511,77%. Najwyższą ogólną aktywność mikroorganizmów (ang. AWCD) zanotowano w warstwie 15–30 cm, z tendencją spadkową w głębszych warstwach. Natomiast w uprawach OI oraz II zanotowano wzrost liczby metabolizowanych substratów (ang. *richness*) w warstwach 30–60 cm oraz 60–90 cm w porównaniu z próbkami pobranymi z głębokości 15–30 cm. Do najefektywniej metabolizowanych substratów należały związki z grup aminokwasów oraz polimerów.

Badania finansowane w ramach Programu Horyzont Europa, numer umowy: Project101082289 — LEGUMINOSE

SPECYFICZNOŚĆ SUBSTRATOWA W PROFILACH METABOLICZNYCH ZBIOROWISK MIKROORGANIZMÓW ZASIEDLAJĄCYCH GLEBĘ POD JABŁONIAMI W ZALEŻNOŚCI OD SPOSOBU ZAGOSPODAROWANIA GRUNTU

KAROLINA OSZUST, KLAUDIA ZAWADZKA, JACEK PANEK, AGATA GRYTA, MICHAŁ PYLAK, MAGDALENA FRĄC

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

Prezentowane badania dotyczyły porównania profili metabolicznych zbiorowisk mikroorganizmów zasiedlających glebę pod jabłoniemi w zależności od sposobu zagospodarowania gruntów. Oceniono wpływ sześciu różnych sposobów zagospodarowania gruntu: pasów zieleni (B), lasów (F), ogrodów z drzewami i roślinami ozdobnymi (G), ogrodów ze zwierzętami gospodarskimi (GA) oraz nieuprawianych (OU) i uprawianych sadów (OC). W badaniach wykorzystano metodę płytek ECO firmy BiologTM, a interpretację oparto na wystąpieniu stresu substratowego (wskaźnik SST). Wykazano, że sposób zagospodarowania gruntu ma wyraźny wpływ na reakcję stresową zbiorowisk mikroorganizmów na różne substraty. W glebach leśnych (F) zbiorowiska mikroorganizmów doświadczały znacznego stresu, w obecności β -metyl-D-glukozydu, co wskazuje na trudności w jego rozkładzie. W pasach zieleni (B) zbiorowiska mikroorganizmów wykazywały największy stres substratowy w obecności kwasu 2-hydroksy-benzoesowego, co wskazuje na potencjalne trudności zbiorowisk w rozkładzie złożonych kwasów aromatycznych. Te substraty były najbardziej charakterystyczne w różnicowaniu reakcji stresowych związanych ze sposobem zagospodarowania gruntu. Gleby uprawianego sadu (OC) wykazywały unikalny wzorec, z reakcjami stresowymi na D-kwas glukozaminowy i cyklodekstrynę, ale nie na tween 80. Wskazuje to na możliwe trudności tych zbiorowisk w wykorzystaniu aminocukrów i cyklicznych oligosacharydów, ale nie surfaktantów. Stres obserwowany w glebach uprawianego sadu (OC) sugeruje, że zbiorowiska mikroorganizmów mogą napotykać trudności w degradacji chityny, co potencjalnie wpływa na ich zdolność do zwalczania patogenów glebowych. Mikroorganizmy antagonistyczne produkujące enzymy chitynolityczne odgrywają kluczową rolę w rozkładzie chityny, co jest istotne dla biologicznej kontroli patogenów roślinnych. Pojawienie się warunków stresu metabolicznego można uznać za wczesny biomarker zakłóconego metabolizmu chityny w zbiorowiskach mikroorganizmów.

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

ANALIZA REZYSTOMU ENDOFITYCZNEGO GRZYBA *SERENDIPITA INDICA*

JACEK PANEK^{1*}, 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*

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

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

Serendipita indica jest jednym z grzybów określanych jako grzyby endofityczne – takie, które potrafią zasiedlać korzenie roślin. Tego typu kolonizacja korzeni roślin może charakteryzować się pozytywnym i stymulującym wpływem na wzrost i rozwój skolonizowanej rośliny. Co istotne, grzyby endofityczne, w tym *S. indica* mogą charakteryzować się opornością na czynniki biobójcze, potencjalnie wpływając na odporność zarówno kolonizowanej rośliny jak i jej mikrobiomu.

Celem badań była charakterystyka rezystomu mikrobiomu endofitycznego grzyba *S. indica* w oparciu o hybrydowe sekwencjonowanie metagenomowe oraz techniki bioinformatyczne.

Z wykorzystaniem technik Illumina Miseq z odczytnikami v3 2×300 pz wraz z Oxford Nanopore Technologies MinION w oparciu o zestaw odczytników Rapid Barcoding v14 i flowcell R 10.4.1 przeprowadzono hybrydowe sekwencjonowanie drugiej i trzeciej generacji metagenomu *S. indica*.

Uzyskane sekwencje sprawdzono pod względem jakości z wykorzystaniem narzędzi FastQC i multiQC, a następnie odfiltrowano zanieczyszczenia z wykorzystaniem HoCoRT. Do złożenia sekwencji w contigi wykorzystano assembler SPAdes oraz jego wersję metagenomową – metaSPAdes. Uzyskane sekwencje zidentyfikowano w oparciu o bazy RefSeq: prokariotyczną oraz eukariotyczną. Przeprowadzono anotację sekwencji z wykorzystaniem narzędzi prokka oraz funannotate, a następnie przeprowadzono szereg analiz funkcjonalnych. Charakterystykę rezystomu *S. indica* przeprowadzono z wykorzystaniem narzędzi BacMet, RGI i Ariba – przeszukując bazy takie jak argannot, CARD, NCBI, Megares oraz resfinder.

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

WPLYW ZIELONEJ INFRASTRUKTURY NA AKTYWNOŚĆ MIKROBIOLOGICZNĄ GLEB MIEJSKICH

LUDWIKA PORĘBA^{1*}, SYLWIA SIEBIELEC², GRZEGORZ SIEBIELEC¹

¹*Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów*

²*Zakład Mikrobiologii Rolniczej*

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

**e-mail: lporeba@iung.pulawy.pl*

Gleby miejskie są znaczącym elementem ekosystemu miasta, dlatego bardzo ważne jest ich odpowiednie zarządzanie, czyli zapewnienie jakości gleby odpowiedniej do utrzymania produktywności roślin, utrzymania lub poprawienia jakości wody i powietrza oraz wspierania zdrowia człowieka. Ponadto gleby te pełnią szeregi funkcji ekosystemowych istotnych dla miasta – łagodzą skutki powodzi, mitygują efekt miejskiej wyspy ciepła, wychwytyują zanieczyszczenia oraz odpowiadają za obieg składników pokarmowych i magazynowanie węgla.

Niezasklepione gleby w mieście są siedliskiem wielu organizmów glebowych. Mikroorganizmy są odpowiedzialne za prawidłowe funkcjonowanie ekosystemu glebowego. Za ich przyczyną dochodzi do rozkładu substancji organicznych i tworzenia próchnicy glebowej. Ponadto umożliwiają roślinom pobieranie dostępnych w glebie składników mineralnych oraz biorą udział w procesach neutralizacji zanieczyszczeń. Aktywność mikrobiologiczna jest wskaźnikiem urodzajności i żyzności gleby oraz dostarcza informacji o zmianach zachodzących w środowisku glebowym. Rozwój urbanizacji prowadzi do spadku różnorodności mikrobiologicznej. Zabudowane powierzchnie przedzielają korytarze ekologiczne i siedliska, zakłócając migrację roślin, zwierząt i organizmów glebowych.

Ciągły rozwój urbanizacji często prowadzi do niezrównoważonego krajobrazu miejskiego. Zrównoważony krajobraz miejski można osiągnąć poprzez zastosowanie rozwiązań opartych na naturze, które wspierają naturalne funkcje ekologiczne poprzez ochronę ekosystemów i odzyskiwanie zdolności ekologicznej tam, gdzie została ona utracona. Przykładem rozwiązania opartego na naturze, szczególnie istotnego w mieście, jest zielona infrastruktura. Zielona infrastruktura to zaplanowana sieć naturalnych i półnaturalnych obszarów zaprojektowanych i zarządzanych w celu świadczenia usług ekosystemowych. Przykłady zielonej infrastruktury obejmują parki, ogrody, zielone dachy, drzewa przyuliczne, korytarze ekologiczne lub drogi wodne. Może również powstać w wyniku zalesiania opuszczonych terenów przemysłowych.

W 2022 r. w Puławach i Lublinie przeprowadzono badania wpływu urbanizacji na środowisko glebowe. W miejscach o różnej intensywności zabudowy i różnym stopniu vegetacji pobrano próbki glebowe, następnie poddano je analizie aktywności metabolicznej przy użyciu systemu Biolog®EcoPlates (Biolog, Hayward, CA, USA). Bezpośrednia inkubacja próbek została przeprowadzona na płytkach Biolog®EcoPlates (96-dółkowych mikropłytkach zawierających 31 różnych substratów węglowych), w których jako wskaźnik zmiany barwy zastosowano fiolet tetrazoliowy ulegający redukcji podczas utleniania substratów węglowych. Przeprowadzone badania wykazały, że zielona infrastruktura wpływa pozytywnie na aktywność mikrobiologiczną gleb miejskich.

Finansowanie: Projekt Horyzont Europa „Nature Based Solutions for Soil Management” – NBSOIL

WPLYW EKOLOGICZNEJ UPRAWY WSPÓLRZĘDNEJ PSZENICY NA WSKAŹNIKI BIORÓŻNORODNOŚCI ZBIOROWISK MIKROORGANIZMÓW GLEBOWYCH W WARSTWACH PODPOWIERZCHNIOWYCH GLEBY

MICHAŁ PYLAK¹, DOMINIKA SIEGIEDA¹, AGATA GRYTA¹, JACEK PANEK¹, BEATA FELEDYN-SZEWczyk²,
SHAMINA IMRAN PATHAN³, GIACOMO PIERTAMELLARA³, MAGDALENA FRĄC¹

¹*Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN, Doświadczalna 4, 20-290 Lublin, Polska*

²*Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa PIB, Czartoryskich 8, 24-100 Puławy, Polska*

³*Uniwersytet Florencki, Piazza San Marco 4, Florencja 50121, Włochy*

Uprawa współrzędna, znana również jako uprawa międzyplonowa, to praktyka rolnicza polegająca na jednoczesnym uprawianiu dwóch lub więcej gatunków roślin na tym samym polu, w celu optymalizacji wykorzystania zasobów środowiskowych oraz poprawy zdrowia i produktywności gleby. W odróżnieniu od monokultury, gdzie jeden gatunek dominuje na całej powierzchni, uprawa współrzędna wykorzystuje komplementarność różnych roślin, co może prowadzić do lepszego zagospodarowania składników odżywczych, wody i światła. Dodatkowo, taka metoda uprawy może wspierać naturalne mechanizmy kontroli chwastów, szkodników i chorób, ograniczając tym samym potrzebę stosowania chemicznych środków ochrony roślin.

Coraz więcej badań wskazuje, że uprawa współrzędna ma pozytywny wpływ na strukturę gleby i jej mikrobiom. Praktyka ta może sprzyjać wzrostowi różnorodności mikroorganizmów glebowych, które odgrywają kluczową rolę w cyklach biogeochemicznych, rozkładzie materii organicznej oraz wzroście roślin. Bioróżnorodność mikrobiologiczna często jest traktowana jako wskaźnik zdrowia gleby, ponieważ różnorodne zbiorowiska mikroorganizmów mogą pełnić bardziej zróżnicowane i stabilne funkcje w ekosystemach upraw rolniczych. W kontekście rolnictwa ekologicznego, które stawia na zrównoważone i naturalne metody upraw, uprawa współrzędna wydaje się być szczególnie wartościowa.

W niniejszym badaniu skupiono się na ocenie wpływu ekologicznej uprawy współrzędnej pszenicy na wskaźniki bioróżnorodności mikroorganizmów glebowych, ze szczególnym uwzględnieniem warstw podpowierzchniowych gleby. Wykorzystano zaawansowane techniki sekwencjonowania nowej generacji (NGS) do analizy składu i relacji zbiorowisk mikroorganizmów glebowych, co pozwoliło na dokładne określenie wpływu tego typu upraw na alfa różnorodność zbiorowisk mikroorganizmów.

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

JAK MIKROORGANIZMY MOGĄ WPLYWAĆ NA BIORÓŻNORODNOŚĆ FUNKCJONALNĄ GLEBY ZANIECZYSZCZONEJ HERBICYDAMI FENOKSYKWASOWYMI?

DAGMARA RADZISZEWSKA^{1*}, ELŻBIETA MIERZEJEWSKA-SINNER¹, KATARZYNA ZAGIBAJŁO²,
ARTUR MISZCZAK², WOJCIECH TOŁOČKO³, MAGDALENA URBANIAK¹

¹Katedra UNESCO Ekohydrologii i Ekologii Stosowanej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, ul. Stefana Banacha 12/16, 90-237 Łódź

²Zakład Badania Bezpieczeństwa Żywności, Instytut Ogrodnictwa, Skierniewice,
ul. Pomologiczna 13b, 96-100 Skierniewice

³Katedra Geografii Fizycznej, Wydział Nauk Geograficznych, Uniwersytet Łódzki,
ul. Narutowicza 88, 90-139 Łódź

*e-mail: dgamara.radziszewska@edu.uni.lodz.pl

Herbicydy fenoksykwasowe są szeroko stosowane w rolnictwie do zwalczania chwastów dwuliściennych, dzięki ich skuteczności i niskim kosztom. Do tej grupy należy m.in. MCPA (kwas 2-chloro-4-metylofenoksyoctowy), jedna z najczęściej używanych substancji aktywnych w herbicydach fenoksykwasowych. MCPA charakteryzuje się efektywnością w zwalczaniu chwastów, jednak jego nadmierne stosowanie oraz niewłaściwe praktyki rolnicze prowadzą do poważnego zanieczyszczenia gleby i wód. Tego typu zanieczyszczenia stanowią poważne zagrożenie dla ekosystemów, wpływając negatywnie na bioróżnorodność i jakość środowiska naturalnego.

Fitoremediacja wspomagana przez bakterie (ryzosferowe i endofityczne) promujące wzrost roślin aktualnie staje się obiecującą metodą usuwania pozostałości zanieczyszczeń organicznych z ekosystemów. Metoda ta polega na synergicznym działaniu roślin i mikroorganizmów, które razem mogą przyspieszyć procesy oczyszczania gleby. Bakterie endofityczne mogą promować wzrost roślin, zwiększając ich zakres tolerancji, zdolność do absorpcji i metabolizowania zanieczyszczeń organicznych. Działając wspólnie z roślinami, bakterie te mogą skutecznie zmniejszać toksyczność substancji zanieczyszczających i poprawiać jakość gleby.

Celem eksperymentu było zbadanie wpływu bakterii *Pseudomonas monteilii* na poprawę jakości gleby zanieczyszczonej MCPA. Oceniano bioróżnorodność funkcjonalną gleby (aktywność mikrobiomu glebowego) za pomocą systemu Biolog® Ecoplates oraz oceniono aktywność dehydrogenaz w zanieczyszczonej glebie. Dodatkowo zbadano pozostałości MCPA w glebie za pomocą chromatografii cieczowej oraz ocenione zostały fizykochemiczne parametry glebowe.

Wyniki eksperymentu mają na celu przyczynienie się do rozwoju metod bio- i fitoremediacji, które mogą być zastosowane w rolnictwie, zapobiegając tym samym rozprzestrzenianiu się zanieczyszczeń rolniczych do ekosystemów naturalnych. Badania te mogą dostarczyć cennych informacji na temat procesów rozkładu herbicydu MCPA w glebie oraz roli bakterii w zwiększaniu efektywności biodegradacji zanieczyszczeń. Opracowanie efektywnych metod fitoremediacji wspomaganej przez bakterie endofityczne może zwiększyć efektywności produkcji rolniczej przy jednoczesnej ochronie środowiska.

Źródło finansowania: ww. badania są finansowane przez program Studencki Grant Badawczy Uniwersytetu Łódzkiego.

BIONAWOZY W ZRÓWNOWAŻONYM ZARZĄDZANIU GLEBĄ

SYLWIA SIEBIELEC^{1*}, GRZEGORZ SIEBIELEC²

¹*Zakład Mikrobiologii Rolniczej,*

²*Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów,*

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy,

ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

**e-mail: ssiebielec@iung.pulawy.pl*

W ostatnich dziesięcioleciach, w wyniku wzrostu intensywności praktyk rolniczych, gleba uległa powszechnej degradacji, co spowodowało niższą wydajność płodów rolnych w wyniku utraty różnorodności biologicznej, niewłaściwej ochrony zasobów wodnych w glebie, strat węgla czy pojawiających się zaburzeń w cyklach biogeochemicznych. Na zdrowie gleby i produktywność roślin duży wpływ mają liczne interakcje między roślinami, glebą i mikroorganizmami. Mikroorganizmy glebowe współpracują ze sobą, a także z korzeniami roślin na wiele sposobów, zapewniając szeroką gamę niezbędnych procesów, które są cenne dla utrzymania zdrowia gleby. Nowoczesne rolnictwo powinno sprzyjać zachowaniu bioróżnorodności glebowej, ochronie gleby przed degradacją, oraz poprawie lub zachowaniu jej kondycji.

Celem głównym projektu INNO-MIK LIDER XII jest opracowanie technologii wytwarzania bionawozów na bazie odpadów organicznych i bakterii wspomagających rozwój roślin uprawnych w warunkach suszy jako wsparcie dla rozwoju gospodarki odpadami w cyklu zamkniętym oraz strategii adaptacji i mitygacji zmian klimatu w rolnictwie. Cel główny projektu zostanie zrealizowany poprzez osiągnięcie następujących celów szczegółowych: ocena efektywności wstępnie wyselekcjonowanych bakterii, stworzenie technologii produkcji bionawozów, określenie efektywności innowacyjnych bionawozów w doświadczeniach szklarniowych, poletkowych i polowych pod kątem opracowania technologicznych zaleceń dla ich produkcji i stosowania w uprawie roślin.

Niezwykle istotne jest ograniczenie strat glebowej materii organicznej oraz poprawa struktury gleby. Ze względu na realizujący się scenariusz klimatyczny kluczowe jest ograniczanie strat wody w glebie oraz poprawa jej zdolności infiltracyjnej i retencyjnej. Utrzymanie materii organicznej gleby na odpowiednim poziomie, regulacja odczynu gleby, poprawa stosunków wodnych oraz ograniczenie stosowania chemikaliów z całą pewnością sprzyjają ochronie aktywności biologicznej gleby. Wśród alternatywnych praktyk zrównoważonego zarządzania glebą prowadzących do poprawy stanu gleby możemy wymienić stosowanie bionawozów. Ich aplikacja nie tylko poprawia parametry zdrowotne roślin, ale także wpływa na produktywność upraw, zdrowotność gleby i ochronę przed stresem środowiskowym. Ponadto zastosowanie bionawozów zwiększa aktywność rodzimych mikroorganizmów glebowych i przyspiesza procesy mikrobiologiczne zachodzące w glebie. Podsumowując, bionawozy stanowią niedrogie, ekonomicznie opłacalne rozwiązania przyjazne dla środowiska, powinny zatem zyskiwać na znaczeniu w produkcji roślinnej.

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

REGENERACJA GLEB W OBSZARACH MIEJSKICH

SYLWIA SIEBIELEC^{1*}, GRZEGORZ SIEBIELEC²

¹Zakład Mikrobiologii Rolniczej,

²Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów,

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

*e-mail: ssiebielec@iung.pulawy.pl

Ekspansja obszarów miejskich na całym świecie zwiększa antropogeniczny wpływ na glebę, a jednocześnie zwraca większą uwagę na rolę gleb tych obszarów we wspieraniu zrównoważonego rozwoju przestrzennego. Co więcej, wpływy antropogeniczne wynikające z intensywnej działalności przemysłowej odcisnęły głębokie piętno na jakości gleb miejskich na wielu obszarach, co było związane z dyspersją zanieczyszczeń do środowiska.

W związku z powyższym gleby miejskie stają się ważnym punktem dyskusji z uwagi na świadczenie szerokiego zakresu usług ekosystemowych, w tym magazynowania dwutlenku węgla i regulacji klimatu, dostarczania biomasy na potrzeby regulacji przepływu żywności i wody, bioróżnorodności, korzyści rekreacyjnych oraz ograniczenia migracji zanieczyszczeń w środowisku miejskim. Badania nad usługami ekosystemowymi w obszarach gleb miejskich dotyczą głównie zachodzących procesów i właściwości gleby. Konieczne jest skupienie się na działaniach prowadzących do wspierania regeneracji i odbudowy gleb, wpływających na właściwości fizykochemiczne i mikrobiologiczne gleb, w szczególności na działaniach opartych na naturalnych procesach (ang. *NBS – Nature Based Solutions*).

Jak donoszą dane literaturowe oraz badania własne, jakość gleby i zdolność do pełnienia funkcji ekosystemowych w miastach różni się nawet na małych dystansach, co utrudnia sformułowanie ogólnych zaleceń dotyczących miejsc, w których można bezpiecznie uprawiać żywność w terenach miejskich. Naukowcy jednoznacznie informują, iż dążenie do zrównoważonego gospodarowania glebami i gruntami wymaga zmian systemowych. Obszary miejskie w imponującym tempie rozrastają się, często kosztem żyznych gruntów rolnych. Stosowanie powierzchni betonowych i asfaltowych przyczynia się do zasklepienia (uszczelnienia) gleby, utrudniając jej tym samym realizację funkcji ekosystemowych (infiltracja i magazynowanie wody, produkowanie żywności i biomasy czy regulacja klimatu). Nowe strategie Komisji Europejskiej są ściśle ukierunkowane na rozwiązywanie problemu zajmowania gruntów na potrzeby urbanizacji i innej infrastruktury miejskiej, ograniczenie rozprzestrzeniającej się fragmentacji krajobrazu, ograniczenie emisji zanieczyszczeń i emisji gazów cieplarnianych oraz na ochronę właściwości gleb i zachowania jej różnorodności biologicznej, również w obszarach miejskich. Celem projektów naukowych jest opracowanie sposobów powszechnego wykorzystania zielonej infrastruktury w terenach miejskich dla zachowania funkcji gleb, oraz oceny roli aktywności i różnorodności biologicznej gleb w pełnieniu przez gleby miejskie tych funkcji.

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

AKTYWNOŚĆ METABOLICZNA NA ZREKULTYWOWANYM SKŁADOWISKU ODPADÓW POHUTNICZYCH

SYLWIA SIEBIELEC^{1*}, GRZEGORZ SIEBIELEC², ANNA GAŁĄZKA¹

¹*Zakład Mikrobiologii Rolniczej*

²*Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów*

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

**e-mail: ssiebielec@iung.pulawy.pl*

Obiekt doświadczalny stanowiło składowisko odpadów na terenie zlikwidowanej huty cynku i ołowiu w Piekarach Śląskich. Obszar ten został poddany rekultywacji w 1996 roku. W skład złoża odpadów wchodziły głównie żużle z procesu hutniczego „Waeltza”, zachodzącego w piecach służących do wzbogacania rud o niskiej zawartości Zn i Pb. Wymiary stanowiska doświadczalnego objętego rekultywacją wynosiły 40 m×100 m. W doświadczeniu poletkowym zastosowano sześć różnych wariantów rekultywacyjnych (6 pasów z różnymi dawkami komunalnego osadu ściekowego i wapna odpadowego), co miało na celu określenie najbardziej efektywnych i zrównoważonych sposobów zagospodarowywania silnie zanieczyszczonych składowisk odpadów. W roku 2017, tj. 20 lat po zastosowanej rekultywacji, pobrano próbki glebowe dla scharakteryzowania wierzchniej warstwy zrekultywowanego składowiska pod względem aktywności procesów mikrobiologicznych oraz bioróżnorodności gleby.

Celem badań było sprawdzenie, czy zastosowane zabiegi remediacyjne, oprócz ustabilizowania wierzchniej warstwy hałdy, oddziaływały korzystnie na procesy biologiczne oraz czy aktywność i różnorodność mikroorganizmów przyczyniała się do stabilizacji i odporności całego ekosystemu zrekultywowanego składowiska. W okresie letnim 2017 r. z każdego poletka obiektu pobrano zbiorcze próbki glebowe z głębokości 0–20 cm będące połączeniem 20 próbek indywidualnych zapewniających reprezentatywność materiału badawczego dla każdego poletka. Jako kontrolę przyjęto próbki pozyskane z obszaru niezrekultywowanego. Materiał w ilości około 4 kg został dokładnie wymieszany, a następnie został przetransportowany do laboratorium. Próbki glebowe przeznaczone do analiz mikrobiologicznych przesiano przez sito o średnicy oczek 2 mm i przechowywano w zamkniętych woreczkach foliowych w temperaturze 4±1°C, natomiast próbki glebowe przeznaczone do analiz fizykochemicznych wysuszone i przechowywano w woreczkach papierowych w temperaturze 20±1°C.

Przeprowadzone badania pozwoliły stwierdzić, iż zastosowana fitoremediacja istotnie wpłynęła na społeczność drobnoustrojów oraz wykorzystanie związków trudno metabolizowanych. Analiza AWCD (po 144 h inkubacji) potwierdziła, że najwyższą aktywność metaboliczną zaobserwowano w kombinacji, gdzie zastosowano najwyższą dawkę wapna odpadowego oraz niższą dawkę osadu ściekowego. Analizując profil metaboliczny uzyskany na podstawie stopnia wykorzystania substratów węglowych z poszczególnych grup związków w badanej glebie w różnych kombinacjach, zaobserwowano, że poziom wykorzystania źródeł węgla jest zróżnicowany w zależności od dawki osadu ściekowego i wapna odpadowego. W przeprowadzonych badaniach węglowodany i kwasy karboksylowe były najaktywniej wykorzystywane spośród pięciu grup związków badanych na płytkach Biolog®EcoPlates.

Praca finansowana w ramach projektu Preludium 9, UMO-2015/17/N/ST10/03182

POTENCJAŁ BIOSTYMULACYJNY RYZOBAKTERII WYIZOLOWANYCH Z OBSZARÓW SILNIE ZANIECZYSZCZONYCH METALAMI CIĘŻKIMI

SYLWIA SIEBIELEC^{1*}, GRZEGORZ SIEBIELEC², MAŁGORZATA WOŹNIAK¹, ARTUR NOWAK³,
JOLANTA JAROSZUK-Ścisiel³

¹Zakład Mikrobiologii Rolniczej

²Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów

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

³Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej,

Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin

*e-mail: ssiebielec@iung.pulawy.pl

Chociaż rola drobnoustrojów w utrzymaniu zdrowia gleby i przyczynianiu się do wydajności upraw jest szeroko opisywana w dokonaniach naukowych, to procesy biologiczne gleby są niezwykle trudne do zaobserwowania, zarządzania i wyceny bioróżnorodności środowiska glebowego. Funkcje pełnione przez mikroorganizmy są dynamiczne, złożone i trudne do definiowania i interpretacji w praktyce, szczególnie w interakcji z oddziaływaniem roślin. Środowiskowe wykorzystanie mikroorganizmów zyskuje coraz więcej uwagi, ponieważ rolnicy są zachęcani do stosowania bardziej zrównoważonej produkcji oraz ograniczania chemizacji rolnictwa. Szczepy bakteryjne narażone na ekstremalny stres środowiskowy mogły rozwinąć silną odporność na stres i zdolność do wspomagania wzrostu roślin w niesprzyjających warunkach.

Celem niniejszych badań była kompleksowa charakterystyka szczepów bakteryjnych wyizolowanych z ryzofery roślin rosnących na zrehabilitowanych, silnie zanieczyszczonych nieużytkach pohutniczych. Szczepy testowano pod kątem szeregu mechanizmów potencjalnie promujących wzrost roślin. Bakterie wyizolowano z odpadów hutniczych o wyjątkowo dużej zawartości cynku, ołowiu, kadmu i arsenu, 25 lat po rekultywacji terenu przy użyciu osadów ściekowych i wapna będącego produktem ubocznym oczyszczania wód przemysłowych. Osad ściekowy pochodził z oczyszczalni ścieków w Katowicach, a wapno odpadowe z położonej obok składowiska stacji uzdatniania wód kopalnianych. Bakterie przeznaczone do badań wyizolowano z ryzofery gatunków traw pokrywających zrehabilitowany obszar. Były to m.in.: kostrzewa czerwona (*Festuca rubra* L.), wiechlina łąkowa (*Poa pratensis* L.), kostrzewa trzcinowa (*Festuca arundinacea* L.), kostrzewa owcza (*Festuca ovina* L.), mietlica olbrzymia (*Agrostis alba* L.), życica trwała (*Lolium perenne* L.), mietlica psia (*Agrostis canina* L.) itp.

Potencjał biostymulujący wzrost i rozwój roślin oceniono m.in. na podstawie: zdolności do syntezy fitohormonów; zdolności do produkcji sideroforów oraz zdolności do solubilizacji fosforanów. Scharakteryzowane szczepy bakterii wykazują *in vitro* wysoki potencjał w zakresie promowania wzrostu i rozwoju roślin uprawnych narażonych na stresy środowiskowe. Dodatkowo wykonano badania aktywności metabolicznej poszczególnych szczepów z wykorzystaniem testu GEN III MicroPlate. Z przeprowadzonych badań wynika, że składowiska odpadów pohutniczych poddane rekultywacji mogą być źródłem szczepów należących do bakterii określanych mianem PGPR (ang. *plant growth promoting rhizobacteria*), które mogą być potencjalnie przydatne w opracowywaniu biopreparatów zwiększających wzrost roślin i odporność na stresy środowiskowe lub klimatyczne w rolnictwie i rekultywacji.

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

TERENY ZIELONE, OBSZARY POPRZEMYSŁOWE I OGRÓDKI DZIAŁKOWE W OBSZARACH MIEJSKICH

SYLWIA SIEBIELEC^{1*}, GRZEGORZ SIEBIELEC²

¹*Zakład Mikrobiologii Rolniczej*

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

**e-mail: ssiebielec@iung.pulawy.pl*

Jak donoszą dane literaturowe oraz badania własne, jakość gleby i zdolność do pełnienia funkcji ekosystemowych w miastach może być bardzo zróżnicowana. Dlatego też podjęcie rozmów w ramach wspólnych wydarzeń popularyzujących naukę staje się zasadne, ponieważ zdrowe gleby w miastach to istotny element ochrony środowiska.

Miejscy ogrodnicy (działkowcy) stanowią kluczową rolę w wykorzystaniu terenów zielonych w miastach. Badania naukowe informują, iż w 2021 r., częściowo z powodu pandemii COVID-19, przybyło aż 18,3 mln nowych, samodzielnie zidentyfikowanych działkowców (National Gardening Association, 2021). Strategie ochrony gleb w miastach mogą również uwzględniać rozwój rolnictwa miejskiego, które może stanowić istotnych element produkcji żywności o krótkich łańcuchach dostaw. W rolnictwie miejskim zdrowa gleba oznacza nie tylko niwelowanie wpływów środowiskowych rozwoju urbanizacji, ale także wiąże się z zaangażowaniem się w praktyki zachowujące funkcje ekosystemowe gleb. Obecnie coraz więcej konsumentów poszukuje produktów, które wyróżniają się wysoką wartością odżywczą.

Tereny zielone w miastach przyczyniają się do poprawy jakości życia i zachowania bioróżnorodności, gdyż są siedliskami wielu gatunków roślin i zwierząt tam żyjących oraz biorą udział w inaktywacji zanieczyszczeń obecnych w powietrzu miejskim. Gleba na miejskich terenach spełnia również funkcje związane z magazynowaniem węgla w glebie. Tak więc, zwiększając ilość terenów zielonych, a tym samym zwiększając ilość węgla w glebie, miasta mogą pomóc w zmniejszeniu ilości dwutlenku węgla w atmosferze i spowolnieniu zachodzących skutków zmian klimatycznych. Funkcjonalne znaczenie różnorodności biologicznej gleby dla wspierania zdrowia ludzi w kontekście miejskim jest w dużej mierze niedocenione, pomimo wiedzy na temat ogólnego znaczenia różnorodności biologicznej gleby w stymulowaniu wielu funkcji ekosystemu w siedliskach pozamiejskich. Pilna potrzeba wynikająca z lepszego zrozumienia powyższych zagadnień może zapewnić nowe spojrzenie na rozwiązania oparte na przyrodzie, które pomogą sprostać rosnącym wyzwaniom związanym z utratą różnorodności biologicznej. Usługi świadczone przez glebę w miastach wykraczają poza podstawowe funkcje związane z tworzeniem zielonej infrastruktury, takie jak parki czy ogrody działkowe. Gleba pomaga przetrwać roślinom, zwierzętom i mikroorganizmom, łagodzi skutki zmian klimatycznych, pozwala obniżyć temperaturę w mieście podczas upałów, podnosząc jednocześnie wilgotność powietrza. Dlatego opracowanie zestawu zabiegów sprzyjających regeneracji gleb w miastach, w tym ich aktywności i bioróżnorodności, nabiera szczególnego znaczenia w kontekście oczekiwanych funkcji wypełnianych przez te gleby.

Praca finansowana przez projekt NBSOIL, nr projektu 101091246, w ramach programu Horyzont Europa

ZASTOSOWANIE GRZYBÓW STRZĘPKOWYCH W OCHRONIE TYTONIU PRZED TMV WSPARCIEM DLA HODOWLI ODPORNOŚCIOWEJ

ANNA TROJAK-GOLUCH

*Zakład Hodowli i Biotechnologii Roślin
Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, ul. Krańcowa 8, 24-100 Puławy
e-mail: anngol@iung.pulawy.pl*

Tobacco mosaic virus (TMV) jest jednym z najbardziej trwałych i zakaźnych wirusów roślinnych. Powoduje on znaczne straty ekonomiczne w produkcji tytoniu (*Nicotiana tabacum* L.), a także wielu warzyw (zwłaszcza z rodziny Solanaceae). Dotychczas najskuteczniejszą formą ochrony tytoniu przed TMV była hodowla odpornościowa wykorzystująca geny gatunków z rodzaju *Nicotiana*, np.: *N. glutinosa* bądź *N. rustica* (Berbec 2022). Przy jej zastosowaniu uzyskano odmiany wykazujące odporność typu nadwrażliwości, między innymi: Samsun H, TN 90, VRG 11, VRG 12 (Holmes 1938, Berbec 2022).

Mechanizm odporności typu nadwrażliwości ma jednak tę właściwość, że jest skuteczny w temperaturze do 28°C. W wyższej temperaturze na roślinach pojawiają się symptomy chorobowe. W sezonie z wysokimi temperaturami wsparciem dla producentów tytoniu mogą być środki biologiczne uzyskane na bazie grzybów strzępkowych naturalnie występujących w środowisku. Wysoką aktywnością anti-TMV cechują się między innymi grzyby *Fusarium* spp. Pozyskane z grzybni *F. oxysporum* glukozylceramidy (GlCer) skutecznie ograniczają zmiany mozaikowe i nekrozy na liściach *N. tabacum*, wzbudzają produkcję reaktywnych form tlenu, a ponadto zwiększają ekspresję genów uznawanych za główne markery nabytej odporności systemicznej (SAR), w tym genów kodujących białka związane z patogenezą (PR1), białka o aktywności B-glukanazy (PR2) i chitynazy (PR3) (Bernardino i in. 2020). Niektóre szczepy *Trichoderma* spp. wytwarzają antybiotyki peptydowe, które stymulują mechanizmy obronne *N. tabacum* przeciw TMV. Ich aplikacja na liście tytoniu skutecznie ogranicza zmiany chorobowe, a przy tym indukuje wzrost aktywności enzymów PAL i POD zaangażowanych w indukcję mechanizmów obronnych oraz zwiększa ekspresję genów zaangażowanych w produkcję enzymów antyoksydacyjnych (Luo i in. 2010). Ponadto wytwarzany przez *Phomopsis* sp. polisacharyd (ang. *cytosporone U*) przejawia aktywność anti-TMV. Również ekstrakty metanolowe pozyskane z *Penicillium oxalicum* skutecznie hamują rozwój mozaiki tytoniu w serii eksperymentów szklarniowych. Efekt hamujący wymienionych ekstraktów wynosił ponad 64% i był zdecydowanie większy niż notowany na roślinach kontrolnych (45,19%), traktowanych rybawiryną, komercyjnym lekiem przeciwwirusowym (Shen i in. 2013).

Literatura:

- Holmes F.O. Inheritance of resistance to tobacco-mosaic disease in tobacco. *Phytopathology*, 1938, 28: 553-561.
- Berbec A.: Hodowla odpornościowa na mozaikę tytoniu: zarys historii badań na świecie i aktualny stan hodowli w Polsce. *Studia i Raporty IUNG-PIB* 68(22): 9-31.
- Bernardino, M.C.; Couto, M.L.C.O.; Vaslin, M.F.S.; Barreto-Bergter, E. Antiviral activity of glucosylceramides isolated from *Fusarium oxysporum* against Tobacco mosaic virus infection. *PLoS One* 2020, 15, e0242887.
- Luo, Y.; Zhang, D.D.; Dong, X.W.; Zhao, P.B.; Chen, L.L.; Song, X.Y.; Wang, X.J.; Chen, X.L.; Shi, M.; Zhang YZ. Antimicrobial peptaibols induce defense responses and systemic resistance in tobacco against tobacco mosaic virus. *FEMS Microbiol Lett.* 2010, 313, 120–126.
- Shen, S.; Li, W.; Wang, J. A novel and other bioactive secondary metabolites from a marine fungus *Penicillium oxalicum* 0312F1. *Nat. Prod Res.* 2013, 27, 2286–2291.

BIORÓŻNORODNOŚĆ METABOLICZNA SZCZEPÓW BAKTERII RYZOSFEROWYCH WYIZOLOWANYCH Z UPRAW EKOLOGICZNYCH

MAŁGORZATA WOŹNIAK^{1*}, SYLWIA SIEBIELEC¹, GRZEGORZ SIEBIELEC²

¹*Zakład Mikrobiologii*

²*Zakład Gleboznawstwa i Analiz Środowiskowych*

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

**e-mail: m.wozniak@iung.pulawy.pl;*

Współczesny system rolniczy stoi przed wieloma wyzwaniami, a mianowicie potrzebą zwiększania produkcji żywności w celu wyżywienia rosnącej populacji świata oraz koniecznością ograniczenia negatywnego wpływu na środowisko. Bezpieczeństwo żywnościowe to problem o wysokim priorytecie ze względu na zmiany klimatu, utratę jakości gleb i wzrost populacji. Nawozy mineralne stanowią podstawę współczesnego rolnictwa i służą do zaspokojenia zapotrzebowania roślin na składniki pokarmowe. Niemniej jednak ich nadmierne stosowanie może prowadzić do utraty różnorodności biologicznej, degradacji jakości gleby i zanieczyszczenia środowiska. Dlatego też istnieje potrzeba zastosowania przyjaznego dla środowiska i opartego na biologii podejścia, które poprawi wzrost i plony roślin. Wykorzystanie bionawozów bazujących na bakteriach zasiedlających ryzosferę jest obiecującym sposobem poprawy jakości gleb i zwiększania produktywności roślin. Celem niniejszego badania była ocena różnorodności metabolicznej szczepów bakterii wyizolowanych z ryzosfery roślin pochodzących z upraw ekologicznych przy wykorzystaniu Systemu Biolog GEN III MicroPlate (BIOLOG Inc. Hayward, CA, USA). Analiza Biolog GEN III MicroPlate, opierając się na testach fenotypowych pozwoliła na ocenę profili fenotypowych i porównanie różnorodności metabolicznej wyselekcjonowanych szczepów. Różnorodność aktywności metabolicznej szczepów wyrażono jako wskaźniki różnorodności funkcjonalnej, wskaźnik różnorodności Shannona (H'), wskaźnik Shannon evenness (E) oraz AWCD (Average Well-Colour Development). Badane szczepy wskazywały wysokie zróżnicowanie w stosunku do wskaźnika AWCD. Najwyższy wskaźnik H' odnotowano dla szczepów skalsyfikowanych do rodzaju *Bacillus* i *Pseudomonas*. Analiza aktywności i różnorodności metabolicznej dostarcza ważnych informacji o poszczególnych izolatach środowiskowych, które są kluczowe w zrozumieniu ich funkcjonowania w przyszłych niszach środowiskowych, w nośnikach i biopreparatach.

*Badania finansowane w ramach projektu Lider XII Narodowego Centrum Badań i Rozwoju;
Nr LIDER/36/0184/L-12/20/NCBR/2021*

AKTYWNOŚĆ ZEWNĄTRZKOMÓRKOWYCH ENZYMÓW HYDROLITYCZNYCH RODZIMYCH SZCZEPÓW BAKTERII ENDOFITYCZNYCH

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;*

Bakterie endofityczne zasiedlające wnętrza tkanek roślin są dobrze znane ze swoich korzystnych funkcji: promowanie wzrostu i rozwoju roślin, hamowanie aktywności i/lub wzrostu fitopatogenów oraz poprawa zdrowia gleb. Bakterie produkujące zewnątrzkomórkowe enzymy hydrolityczne mają ogromne znaczenie, biorąc pod uwagę ich wkład w metabolizm rośliny-gospodarza, jak również ich różne zastosowania w bioprocessach. W obliczu pogłębiających się kryzysów: ekologicznego i klimatycznego, wzrastającego zapotrzebowania na żywność, oczekuje się, że rolnictwo i sektor rolno-spożywczy powinny przejść transformację w kierunku zrównoważenia i ochrony bazy zasobów naturalnych dla przyszłych pokoleń. Dlatego też celem tego badania był określenie potencjału rodzimych szczepów bakterii endofitycznych produkujących enzymy hydrolityczne jako jednego ze składników mikrobiologicznych biopreparatów. Bakterie wyizolowano przy użyciu techniki posiewu na podłożu selektywnym. Uzyskane izolaty przebadano pod kątem ich zdolności do produkcji proteazy, celulazy, lipazy i estereazy. Miarą aktywności enzymatycznej we wszystkich przeprowadzonych testach było określenie indeksu enzymatycznego EI (Enzyme Index). Badaniu zostały poddane 23 szczepy bakterii endofitycznych wyizolowane z tkanek roślin uprawnych i chwastów. Klasyfikacja taksonomiczna wyizolowanych szczepów oparta była na analizie porównawczej sekwencji genu 16S rRNA. Wstępne testy na podłożach wzbogaconych substratem dla każdego enzymu wykazały, że 21 (~91,3%) izolatów wykazywało aktywność co najmniej jednego z czterech enzymów, podczas gdy 2 (~8,7%) szczepy nie wykazywały żadnej z wybranych aktywności enzymów hydrolitycznych. Spośród 23 izolatów bakterii endofitycznych 65,22%, 52,16%, 86,96 i 82,60% szczepów posiadało odpowiednio aktywność proteazy, celulazy, lipazy i esterazy. Ponadto, nasze badanie pokazuje, że wszystkie wartości EI ocenianych szczepów bakteryjnych dla analizowanych enzymów były powyżej 1, co dowodzi ich wysokim potencjału do zastosowań biotechnologicznych.

*Badania sfinansowano z tematu badawczego 1.21 realizowanego w ramach działalności
Statutowej IUNG-PIB (2017–2019)*

STRUKTURA MIKROBIOMU GLEBY PODDANEJ KONTAMINACJI BISFENOLEM A I CYNKIEM

MAGDALENA ZABOROWSKA, JADWIGA WYSZKOWSKA, AGATA BOROWIK, JAN KUCHARSKI

*Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa,
Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, ul. Plac Łódzki 3, 10-727 Olsztyn*

*e-mail: m.zaborowska@uwm.edu.pl; jadviga.wyszkowska@uwm.edu.pl; agata.borowik@uwm.edu.pl;
jan.kucharski@uwm.edu.pl*

Zachowanie różnorodności biologicznej, a tym samym zapobieganie degradacji gleb jest jednym z priorytetowych trendów wytyczonych w zarządzaniu środowiskiem glebowym. Zdefiniowanie go jest wynikiem rosnącego zainteresowania bisfenolem A (BPA), jednym z najmniejbezpiecznych komponentów plastifikatorów, którego światowa produkcja spektakularnie poszerza swój zasięg. W roku 2023 oscylowała ona na poziomie $7,3 \times 10^9$ kg, prowadząc do wysokiej częstotliwości występowania tego związku fenolowego w glebach, również w kompilacji z innymi zanieczyszczeniami, w tym cynkiem (Zn^{2+}). Skala zanieczyszczenia gleb rolniczych metalami ciężkimi przekłada się bowiem na 20 milionów hektarów gruntów. Konsekwencje rozproszenia tych ksenobiotyków w środowisku odnoszą się niezaprzeczalnie do ingerencji w mikrobiom gleb. Dlatego też celem badań było określenie odpowiedzi mikrobiomu glebowego, w tym jego bioróżnorodności, aktywności siedmiu enzymów glebowych i liczebności sześciu grup drobnoustrojów zarówno na indywidualną jak i połączoną toksyczność BPA oraz cynku, co pozwoliło na zweryfikowanie skali zaburzeń gleby poddanej kontaminacji tymi ksenobiotykami. Zastosowanie kwasów humusowych jako działania prewencyjnego, niwelującego ich potencjalny inhibicyjny wpływ oraz ocena wrażliwości sorgo (*Sorghum Moench*) i proso różgowate (*Panicum virgatum*) nadały badaniom holistycznego charakteru.

Połączona toksyczność miała większą negatywną siłę oddziaływania na aktywność mikrobiologiczną oraz biochemiczną gleby niż pojedynczo aplikowany do gleby BPA i cynk. Dehydrogenazy oraz ureaza okazały się najwrażliwsze na presję zanieczyszczeń, niezależnie od rodzaju aplikowanego ksenobiotyku. BPA jako jedyny stymulował namnażanie się mikroorganizmów, z kolei cynk w mniejszym stopniu obniżał różnorodność bakterii i grzybów. Mimo że, we wszystkich obiektach stwierdzono dominację przedstawicieli bakterii przypisanych do phylum *Actinobacteriota* i *Proteobacteria* oraz grzybów pleśniowych do phylum *Ascomycota* i *Basidiomycota*, analiza NGS pozwoliła na wyodrębnienie unikalnych rodzajów bakterii dla poszczególnych zanieczyszczeń. W glebie zanieczyszczonej BPA były to: *Novosphingobium*, *Sphingobium*, *Luteibacter*, *Mucilaginibacter* i *Chitinophaga*, cynkiem: *Knoellia*, *Lapilicoccus* i *Kribella*, a w obiektach wyeksponowanych na toksyczność połączoną BPA i cynku: *Serratia*, *Enterobacter*, *Rahnella* i *Bordetella*. Spośród grzybów pleśniowych wyłoniono trzy dominujące rodzaje: *Penicillium*, *Fusarium* i *Vishniacozyma* reprezentatywne dla wszystkich obiektów. Kwas humusowy wzmacniał aktywność ureazy oraz namnażanie się bakterii organotroficznych i *Pseudomonas* sp. Sorgo (*Sorghum Moench*) okazało się rośliną dużo bardziej wrażliwą na zanieczyszczenie gleby ksenobiotykami niż proso różgowate (*Panicum virgatum*).

SPOSÓB ZAGOSPODAROWANIA GRUNTU A WŁAŚCIWOŚCI FIZYKOCHEMICZNE GLEB SPOD JABŁONI

KLAUDIA ZAWADZKA, KAROLINA OSZUST*, AGATA GRYTA, JACEK PANEK, MICHAŁ PYŁAK, MAGDALENA FRĄC

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

**e-mail: k.oszust@ipan.lublin.pl*

Badanie właściwości fizykochemicznych gleb jest kluczowe dla zrozumienia, jak różne praktyki zagospodarowania gruntu wpływają na ich jakość i produktywność oraz zdrowie ekosystemów.

Celem przeprowadzonej analizy było zbadanie właściwości fizykochemicznych gleb spod jabłoni w zależności od sposobu zagospodarowania gruntu. Próbkę gleby pobrano z 26 lokalizacji w południowo-wschodniej Polsce, w tym spod 37 jabłoni, sklasyfikowanych według sposobów zagospodarowania gruntu w następujący sposób: jabłonie rosnące w lasach (F), w sadach uprawianych w systemie integrowanym (OC), w sadach, w których zaprzestano stosowania zabiegów agrochemicznych (OU), w ogrodach z roślinami ozdobnymi (G), w podwórzach/ogrodach, w których bytują zwierzęta gospodarskie (GA), a także w pasach zieleni (miedzach) oddzielających pola uprawne (B). Glebę przylegającą do korzeni jabłoni pobrano w trzech powtórzeniach z głębokości 20-40 cm, po usunięciu otaczającej roślinności.

Analizy fizykochemiczne obejmowały pomiar pH, ocenę zawartości makroelementów (P_2O_5 , K_2O , Mg), mikroelementów (B, Cu, Zn, Mn, Fe), materii organicznej, węgla organicznego (C_{org}) oraz zawartości mineralnych form azotu ($N-NO_3$, $N-NH_4$).

Wyniki wykazały, że gleba spod jabłoni rosnących w ogrodach (G) i ogrodach ze zwierzętami (GA) charakteryzowała się najwyższymi wartościami większości badanych parametrów. Gleby w lasach (F) wykazywały najniższe wartości testowanych właściwości, co odzwierciedlało minimalną interwencję rolniczą oraz naturalne procesy obiegu składników odżywczych typowe dla ekosystemów leśnych.

Właściwości takie jak pH, zawartość makro- i mikroelementów, materia organiczna czy poziom azotu mineralnego odgrywają istotną rolę w determinowaniu zdolności gleby do wspierania wzrostu roślin czy zachowania bioróżnorodności. Intensywna uprawa przy użyciu środków chemicznych może prowadzić do wyczerpywania składników odżywczych i degradacji gleby, podczas gdy redukcja zużycia pestycydów lub zachowanie terenów leśnych mogą sprzyjać długoterminowej stabilności gleby.

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