



KONFERENCJA NAUKOWA
Zdrowie roślin w dobie aktualnych wyzwań

STRESZCZENIA
ABSTRACTS

Warszawa 24 – 26 września 2024



Komitet
Nauk
Agronomicznych



SZKOŁA GŁÓWNA
GOSPODARSTWA
WIEJSKIEGO
w WARSZAWIE



InHort
INSTYTUT OGRODNICTWA



SPONSORZY

The Miele logo consists of the word "Miele" in a white, bold, sans-serif font, centered within a dark red rectangular background.

Najwyższa jakość jest priorytetem Miele – a postępowanie w myśl filozofii „Immer besser“ (zawsze lepiej) naszym wspólnym celem. Miele Professional zapewnia innowacyjne rozwiązania dla efektywnego i bezpiecznego maszynowego reprocesowania narzędzi, czyszczenia szkła i sprzętu laboratoryjnego. Nasze urządzenia myjąco-dezynfekujące i małe sterylizatory imponują wydajnością, efektywnością i bezpieczeństwem podczas czyszczenia, dezynfekcji i sterylizacji narzędzi i innych przedmiotów z wielu obszarów zastosowań (<https://www.miele.pl>).



Firma z branży rolniczej, której głównym celem działalności jest hodowla twórcza i zachowawcza różnych gatunków traw, bobowatych drobnonasiennych, roślin energetycznych oraz produkcja i obrót materiałem siewnym. HR Grunwald jest właścicielem 30 odmian gatunków roślin uprawnych zarejestrowanych w kraju oraz zagranicą, a także prowadzi badania nad wytwarzaniem innowacyjnych genotypów tych roślin np. pierwszymi polskimi introgressywnymi odmianami xFestulolium (<https://hrgrunwald.pl>).



Cintamani Poland specjalizuje się w produkcji ekologicznych ekstraktów roślinnych. Nasze produkty, wytworzone z surowców uprawianych przy pełnym poszanowaniu dla naturalnego środowiska, znajdują zastosowanie w rozległym spektrum sektorów – począwszy od kosmetycznego, przez spożywczy, aż do środków ochrony roślin. Kładziemy duży nacisk na innowacje i zrównoważony rozwój. Efektem naszej intensywnej działalności badawczej są unikatowe, opatentowane ekstrakty, w tym z grejfruta i sumaka (<https://cintamani.pl>).



Genomed oferuje wszelkie typy analizy sekwencji DNA, w tym analizę polimorfizmu (“Gene Scan”), sekwencjonowanie materiału genetycznego w technologii Sangera i NGS (ang. Next-Generation Sequencing), syntezę oligonuklotydów standardowych (wysalanych i oczyszczanych HPLC), oligonukleotdów modyfikowanych oraz znakowanych podwójnie sond (<https://www.genomed.pl>).



INTERMAG to polska firma z ponad 35 letnim doświadczeniem, która specjalizuje się w produkcji innowacyjnych nawozów, biopreparatów i prozdrowotnych dodatków dla zwierząt. INTERMAG jest jednym z europejskich liderów, przyczyniających się do wytwarzania żywności wysokiej jakości przez rolników na całym świecie. Dzięki dynamicznemu rozwojowi i obecności w ponad 50 krajach, INTERMAG tworzy przyszłość zrównoważonego i ekologicznego rolnictwa (<https://intermag.pl/>).

KOMITET NAUKOWO - ORGANIZACYJNY

Komitet Naukowo - Organizacyjny

Przewodnicząca

Barbara Wiewióra

Członkowie

Małgorzata Jędryczka

Elżbieta Paduch – Cichal

Ewa Mirzwa – Mróz

Joanna Puławska

Wojciech Wakuliński

Marek Szyndel

Andrzej Szczepkowski

Piotr Sobiczewski

Tomasz Oszako

Sekretariat

Przewodnicząca

Mirosława Cieślińska

Członkowie

Monika Kałużna

Jolanta Gryboś

Marcin Wit

Opracowanie redakcyjne:

Mirosława Cieślińska

Monika Kałużna

Barbara Wiewióra

Małgorzata Jędryczka

Marcin Wit

Opracowanie graficzne:

Małgorzata Wiewióra

Spis treści

SESJA PLENARNA

- Natura varium et mutabile semper* - dynamika lasu versus statyka pojęć..... 16**
Natura varium et mutabile semper - Forest dynamics versus static concepts
Z. Sierota, M. Wrzosek
- Nowe wyzwania i stare problemy hodowli odpornościowej zbóż na rdze.....18**
New challenges and old problems in the resistance breeding of cereals against rust diseases
P. Czembor, P. Słowacki, M. Radecka-Janusik
- Zdrowie roślin - trendy i wyzwania.....20**
Plant health - trends and challenges
J. Puławska
- Kiła kapusty - duży problem, który można rozwiązać z pomocą małych roślin.....22**
Clubroot disease – large problem that can be solved with help of a small plant
R. Malinowski
- Use of doubled haploid production combined with genome editing technology for disease resistance improvement in wheat.....24**
S. Zhong, Y. Leng, M. Janga, H. Yan, A. Poursafar, S. Safar, O. Amusan, A. Riasat, G. Shi, W. Dai, Z. Liu
- Unveiling the Nexus of Pathogens and Plants: Insights from the President of ISPP.....25**
Y. H. Lee
- Status of plant pathology in Europe and the latest news from EFSA.....26**
J. Yuen
- Liposomalne bionanokompozyty (BNC) jako potencjalne środki do regulacji relacji wirus-roślina....27**
Liposomal bionanocomposites (BNC) as potential agents for the regulation of virus-plant relationships
A. Kyrychenko, O. Kovalenko, H. Snihur, T. Shevchenko, T. Nyzhnyk

SESJA WIRUSOLOGICZNA

- Wpływ sposobu suplementacji selenem na skład bulw oraz na odporności na wirus Y ziemniaka (PVY) w formach dihaploidalnych ziemniaka..... 30**
Effect of selenium supplementation on tuber composition and resistance to *Potato virus Y* (PVY) in dihaploid potato forms
K. Szajko
- Zmienność regionu 3'UTR w procesie infekcji wirusa nekrozy pomidora (ToTV) a efektywność przenoszenia.....32**
Variability of the 3'UTR region in the infection process of Tomato torrado virus (ToTV) and transmission efficiency
M. Budziszewska, B. Wrzesińska-Krupa, P. Frąckowiak, A. Przybylska, P. Wieczorek, A. Obrepalska-Stęplowska
- Transkryptomika odpowiedzi nekrotycznej gospodarza podczas infekcji wirusa na przykładzie oddziaływań torradowirus – pomidor.....34**
Transcriptomics of the host necrotic response during viral infection: the example of torradovirus-tomato interactions
P. Wieczorek, P. Frąckowiak, B. Wrzesińska-Krupa, A. Obrepalska-Stęplowska

SESJA BAKTERIOLOGICZNA

- Badania nad bakteryjnymi patogenami roślin z rodziny Pectobacteriaceae w Międzyuczelnianym Wydziale Biotechnologii UG i GUMed.....37**
Research on bacterial plant pathogens from the Pectobacteriaceae family at the Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG & MUG
E. Łojkowska

Poszukiwanie determinant wirulencji u fitopatogennych bakterii gatunku <i>Dickeya solani</i>	39
Searching for virulence determinants in the phytopathogenic bacteria <i>Dickeya solani</i>	
<i>W. Babińska-Wensierska, A. Motyka-Pomagruk, G. DiCenzo, A. Mengoni, E. Łojkowska</i>	
Zastosowanie techniki MALDI-TOF MS ujawniło zmienność wewnątrzgatunkową u wysoce jednorodnego genetycznie fitopatogena z gatunku <i>Dickeya solani</i>	41
Application of MALDI-TOF MS revealed intraspecies variation in highly homogeneous phytopathogen <i>Dickeya solani</i>	
<i>A. Motyka-Pomagruk, W. Babińska-Wensierska, W. Śledź, A.-K. Kaczorowska, E. Łojkowska</i>	
Czynniki warunkujące patogeniczność <i>Clavibacter sepedonicus</i> i <i>Ralstonia solanacearum</i> - kwarantannowych bakterii ziemniaka	43
Factors determining the pathogenicity of <i>Clavibacter sepedonicus</i> and <i>Ralstonia solanacearum</i> - quarantine bacteria of potato	
<i>W. Przewodowski, K. Sadowska, M. Marciniak</i>	
Glikoalkaloidy z <i>Solanum</i> spp. wpływają na czynniki wirulencji u <i>Dickeya solani</i> i <i>Pectobacterium brasiliense</i> sp. nov.	45
Glycoalkaloids from <i>Solanum</i> spp. modify virulence factors in <i>Dickeya solani</i> and <i>Pectobacterium brasiliense</i> sp. nov.	
<i>A. Grupa-Urbańska, D. Soltys-Kalina, R. Lebecka</i>	
Bakteryjne patogeny będące zagrożeniem dla polskich upraw ziemniaka	47
Bacterial pathogens and their potential threat to potato cultivation in Poland	
<i>K. Sadowska, W. Zenelt, A. Hoffmann, K. Krawczyk</i>	
SESJA MYKOLOGICZNA	
Rzodkiew oleista jako źródło odporności na kilę kapusty	50
<i>Raphanus sativus</i> – the source of resistance to clubroot	
<i>M. Jędryczka, N. Ramzi, J. Kaczmarek</i>	
Geny uaktywniane w odpowiedzi na porażenie grochu (<i>Pisum sativum</i> L.) chorobotwórczym grzybem <i>Didymella pinodes</i> wywołującym askochytozę	52
Genes involved in pea (<i>Pisum sativum</i> L.) response to ascochyta blight caused by <i>Didymella pinodes</i>	
<i>M. Gawłowska, P. Kumar, W. K. Święcicki, G. Koczyk, W. Irzykowski, J. Kaczmarek, M. Jędryczka</i>	
Ocena efektywności wchłaniania i procesowania syntetycznych dwuniciowych RNA przez grzyby endofityczne pszenicy	54
Evaluation of the efficiency of uptake and processing of synthetic double-stranded RNA by wheat endophytic fungi	
<i>S. Salamon, E. Baraldi, F. Negrini, M. Karas, L. Błaszczyk, P. Banachewicz, P. Havrysh</i>	
Zróżnicowanie gatunkowe grzybów zasiedlających nasiona soi na południu Polski – wyniki analizy mikologicznej i sekwencjonowania	56
Species diversity of fungi inhabiting on soybean seeds in southern Poland- results of mycological and sequencing analysis	
<i>H. Olszak-Przybyś, G. Korbecka-Glinka</i>	
Assessment of potato varieties and hybrids for resistance to fungal diseases	58
<i>U. Nedilska</i>	
Drzewa iglaste – zagrożenia ze strony patogenów atakujących aparat asymilacyjny	59
Coniferous trees – threats from pathogens attacking the assimilation apparatus	
<i>M. Belka</i>	
Wykrywanie utajonych infekcji jabłek powodowanych przez grzyby z rodzaju <i>Neofabraea</i> i <i>Monilinia</i> z wykorzystaniem techniki LAMP	61
Detection of latent infections of apples caused by <i>Neofabraea</i> spp. and <i>Monilinia</i> spp. fungi using LAMP technique	
<i>M. Michalecka, A. Poniatońska, J. Puławska</i>	

SESJA OCHRONA ROŚLIN/WPŁYW ŚRODOWISKA

Zjawisko spillover i spillback w kontekście inwazji biologicznych – co to znaczy dla polskiej fitopatologii?64	64
Spillover and spillback phenomena in the context of biological invasions – what does it mean for Polish phytopathology?	
<i>K. Patejuk, P. Wasilewska, P. Pacek</i>	
Wpływ ekstraktów roślinnych na zdrowotność i biofortyfikację siewek pszenicy ozimej (<i>Triticum aestivum</i> L.) w warunkach fitotronowych66	66
The effect of plant extracts on the health status and biofortification of winter wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) seedlings in phytotron conditions	
<i>W. Kursa, A. Jamiolkowska, B. Skwaryło-Bednarz, A. Gałazka, G. Kowalska, E. Patkowska</i>	
Mykobiom endosfery pszenicy i jego wpływ na zdrowotność i plonowanie rośliny gospodarza68	68
Mycobiome of the wheat endosphere and its impact on the health and yield of the host plant	
<i>L. Błaszczyk, S. Salamon, P. Havrysh, P. Banachewicz</i>	
Nowe induktory odporności w ochronie roślin uprawnych przed chorobami grzybowymi70	70
New resistance inducers in the protection of crop against fungal diseases	
<i>A. Kiniec, R. Kukawka, M. Szychalski, B. Grzempa, M. Śmiglak</i>	
Wpływ powierzchniowej sterylizacji nasion na kiełkowanie dwóch odmian pszenicy i pojawienie się infekcji grzybowych72	72
Surface seed sterilisation effect on two wheat varieties germination and fungal infection emergence	
<i>P. Havrysh, J. Jankowska, Z. Pustova, L. Błaszczyk</i>	
Poszukiwanie nowych związków chemicznych indukujących odporność jabłoni na choroby74	74
Searching for new chemical compounds that induce disease resistance in apple trees	
<i>A. Mikiciński, J. Puławska, D. Wójcik, A. Marasek-Ciołakowska, R. Kukawka, M. Szychalski, M. Śmiglak</i>	
Biologiczna metoda redukcji zawartości mykotoksyn w ziarnie pszenicy na przykładzie <i>Debaryomyces hansenii</i>76	76
A biological method for reducing the mycotoxin content of wheat grain on the example of <i>Debaryomyces hansenii</i>	
<i>U. Wachowska, M. Wiwart, W. Pluskota, E. Suchowilska</i>	

SESJA POSTEROWA

Wirusy

Charakterystyka izolatów wirusów powodujących mozaikę maliny79	79
Characterization of virus isolates causing raspberry mosaic disease	
<i>M. Cieślińska, J. Wójcik-Seliga, D. Starzec</i>	
Występowanie i struktura populacji wirusów porażających uprawy cukinii w różnych regionach Polski81	81
Occurrence and population structure of viruses infecting zucchini crops in various regions of Poland	
<i>M. Szkatulska, D. Budzyńska, J. Minicka, A. Zarzyńska-Nowak, B. Hasiów-Jaroszewska</i>	
Zaangażowanie komórkowego i apoplastowego glutationu w infekcji <i>Turnip mosaic virus</i> mutantów <i>Arabidopsis thaliana</i> o różnym stopniu odporności83	83
Cellular and apoplastic glutathione involvement in different interactions between Turnip mosaic virus and <i>Arabidopsis thaliana</i> mutants	
<i>P. Rusin, K. Otulak-Kozieł, E. Kozieł, K. Treder, L. Király</i>	

Bakterie

- Występowanie i charakterystyka szczepów *Pectobacterium parmentieri* powodujących czarną nóżkę i mokrą zgniliznę ziemniaka w Polsce**.....85
Occurrence and characterization of *Pectobacterium parmentieri* strains causing blackleg and soft rot of potato in Poland
N. Kaczyńska, A. Motyka-Pomagruk, W. Babińska-Wensierska, W. Śledź, E. Łojkowska
- Alcorniella cacticida* comb. nov. – nowe oblicze starego wroga kaktusów.**
Wgląd w patogenność i specyficzność dla gospodarza.....87
Alcorniella cacticida comb. nov. – a new face of the old adversary of cacti. Insights into pathogenicity and host specificity
J. Jońca, M. Pirhonen, M. M. Waleron, J. Gawor, A. Mroziak, M. Smoktunowicz, K. Waleron, M. Waleron
- W cieniu ziemniaka - jak burak cukrowy i słonecznik sprawiły, że *Pectobacterium betavasculatorum* umknęło uwadze fitopatologów**.....89
In the shadow of the potato - how sugar beet and sunflower made that *P. betavasculatorum* evaded the attention of phytopathologists
M. Waleron, J. Jońca, R. Wawrzyniak, M. Borowska-Beszta, M. Smoktunowicz, L. Zacharek, D. Horoszkiewicz, M. Waleron, J. Gawor, A. Mika, T. Śledziński, K. Waleron
- Acute Oak Decline - nowy czynnik związany z zamieraniem dębów w Polsce**.....91
Acute Oak Decline - a new agent associated with the dieback of oak in Poland
M. Tkaczyk, K. Sikora
- Badanie trójstronnej interakcji pomiędzy *Pectobacterium zantedeschiae*, rośliną i ryzobiomem**.....93
Studying the tripartite interaction between *Pectobacterium zantedeschiae*, plants and rhizobiome
D. Horoszkiewicz, M. M. Waleron, J. Gawor, Ł. Rąbalski, K. Waleron, M. Waleron
- Kosakonia cowanii* jako nowy patogen bakteryjny infekujący soję (*Glycine max* Willd.)**.....95
Kosakonia cowanii as a new bacterial pathogen infecting soybean (*Glycine max* Willd.)
K. Krawczyk, W. Zenelt, A. Hoffmann, K. Sadowska
- Wymagania fitosanitarne dla eksportu owoców na dalekie rynki**.....97
Phytosanitary requirements for fruit export to distant markets
M. Kałużna
- Nowe systemy wykrywania bakterii *Xanthomonas arboricola* pv. *corylina* sprawcy bakteryjnej zgorzeli leszczyny**.....99
New detection systems of *Xanthomonas arboricola* pv. *corylina* the causal agent of bacterial blight of hazelnut
M. Kałużna, A. Prokić, A. Obradović, W. A. Weldon, V. Stockwell, J. F. Pothier
- Zastosowanie nanocząstek srebra otrzymanych na drodze zielonej syntezy przeciwko kwarantannowym i regulowanym w Unii Europejskiej niekwarantannowym patogenom bakteryjnym**.....101
Determining the usefulness of silver nanoparticles obtained *via* green synthesis against quarantine and regulated in European Union non-quarantine bacterial pathogens
M. Prusiński, J. Orłowski, A. Motyka-Pomagruk, W. Babińska-Wensierska, A. Dzimitrowicz, P. Jamróż, P. Pohl, E. Łojkowska, W. Śledź
- Zastosowanie aktywowanego zimną plazmą atmosferyczną roztworu płynu Lugola względem bakterii przynależących do różnych patowarów *Pseudomonas syringae***.....103
Application of cold plasma-activated Lugol's solution for eradication of various representatives of *Pseudomonas syringae* pathogens
J. Orłowski, A. Motyka-Pomagruk, W. Babińska-Wensierska, A. Dzimitrowicz, D. Terefinko, P. Jamróż, P. Pohl, E. Łojkowska, W. Śledź

Fenotypowa i genotypowa charakterystyka szczepów bakterii pektynolitycznych z rodziny <i>Pectobacteriaceae</i> wyizolowanych ze środowiska wodnego.....	105
Phenotypic and genotypic characterization of pectinolytic bacterial strains from the family <i>Pectobacteriaceae</i> isolated from aquatic environments	
<i>W. Babińska-Wensierska, A. Motyka-Pomagruk, K. Smorawiński, W. Śledź, E. Łojkowska</i>	
Analiza pęcherzyków zewnątrzkomórkowych pośredniczących w interakcji pomiędzy <i>Pectobacterium</i> i <i>Arabidopsis</i>.....	107
The analysis of extracellular vesicles mediating the interaction between <i>Pectobacterium</i> and <i>Arabidopsis</i>	
<i>M. Waleron, M. Borowska-Beszta, J. Jońca, P. Czaplewska, K. Waleron</i>	
<i>Rouxiella badensis</i> jako nowy patogen cebuli w Polsce	109
<i>Rouxiella badensis</i> as a new onion pathogen in Poland	
<i>A. Mikiciński, J. Puławska</i>	
Wysokoprzepustowa analiza fenotypowa szczepów typowych dla bakterii z rodziny <i>Pectobacteriaceae</i>.....	111
High-throughput phenotype analysis of type strains bacteria belonging to the <i>Pectobacteriaceae</i> family	
<i>K. Dąbrowski, M. Pitek, A. Skrobińska, J. Kretowicz, A. Soltysiak, K. Kochanowicz, M. Musiejuk, A. Motyka-Pomagruk, W. Babińska-Wensierska, N. Kaczyńska, E. Łojkowska, W. Śledź</i>	
Grzyby	
Badania nad chorobami podsuszkowymi jęczmienia jarego (<i>Hordeum vulgare</i> L.).....	113
Investigation on root and stem rot diseases of spring barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.)	
<i>E. Mielniczuk, E. Patkowska, K. Job</i>	
Rozprzestrzenianie grzybów przez zwierzęta w ekosystemach leśnych.....	115
Fungal dispersal by animals in forest ecosystems	
<i>M. Belka, K. Blumenstein</i>	
Interakcje pomiędzy <i>Bipolaris sorokiniana</i> Sacc., a innymi grzybami zasiedlającymi nasiona zbóż.....	117
Interactions between <i>Bipolaris sorokiniana</i> Sacc. and other fungi colonizing cereal seeds	
<i>B. Wiewióra, G. Żurek, K. Gleń-Karolczyk</i>	
Zastosowanie bio-AgNPs w ochronie siewek grochu (<i>Pisum sativum</i> L.) przed <i>Didymella pinodes</i> i <i>Fusarium avenaceum</i>.....	119
Application of bio-AgNPs in pea (<i>Pisum sativum</i> L.) seedlings protection against <i>Didymella pinodes</i> and <i>Fusarium avenaceum</i>	
<i>K. Stałanowska, L. B. Lahuta, A. Okorski</i>	
Kwantyfikacja qPCR <i>Fusarium graminearum</i> i <i>Fusarium culmorum</i> oraz DON w ziarnie pszenicy ozimej w różnych regionach klimatycznych Polski.....	121
Quantifying <i>Fusarium graminearum</i> and <i>F. culmorum</i> and DON in winter wheat grain from different regions of Poland using qPCR	
<i>A. Okorski, A. Milewska, A. Pszczółkowska</i>	
Rośliny obce inwazyjne jako źródło nowych fitopatogenów.....	123
Novel fungal species residing in invasive alien plants in Europe	
<i>K. Patejuk, M. Piątek, P. Czachura, W. Pusz</i>	
Różnorodność zbiorowisk grzybów a miejsce odnowienia dębów.....	125
Diversity of fungal communities and the regeneration site of oaks	
<i>J. Behnke-Borowczyk, W. Szewczyk, P. Wolański, D. Kaniuczak, N. Kartawik, R. Podlaski, A. Bobiec</i>	
Ocena występowania rdzy jałowca na terenie kampusu Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu.....	127
Assessment of Juniper Rust Occurrence on the Campus of the University of Life Sciences in Poznań	
<i>M. Stawarska, D. Hennik, D. Fiedorowicz, G. Musiał, A. Jahimczyk, S. Duczmal, J. Behnke-Borowczyk</i>	

Agresywność izolatów <i>Phytophthora infestans</i> należących do czterech linii klonalnych ważnych w Europie	129
Aggressiveness of <i>Phytophthora infestans</i> isolates belonging to four clonal lineages important in Europe S. Sobkowiak, M. Ludwiczewska, P. Paluchowska, M. Janiszewska, E. Lysøe, S. L. Rossmann, Z. Yin, M. B. Brurberg, J. Śliwka	
Zmienność <i>Puccinia komarovii</i> var. <i>komarovii</i> na <i>Impatiens parviflora</i> w Drawieńskim i Wigierskim Parku Narodowym	131
Variability of <i>Puccinia komarovii</i> var. <i>komarovii</i> isolates from <i>Impatiens parviflora</i> in the Drawa and Wigry National Parks A. Baturo-Cieśniewska, K. Patejuk, A. Kaczmarek-Pieńczewska, M. Jurga-Zotow	
<i>Phomopsis lokoyae</i> i <i>Cytospora kunzei</i> jako sprawcy zamierania nowych nasadzeń dąglezji zielonej	133
<i>Phomopsis lokoyae</i> and <i>Cytospora kunzei</i> as the causes of dieback in new Douglas fir plantings K. Patejuk, A. Kaczmarek-Pieńczewska	
Etiologia zamierania pędów maliny – obserwacje prowadzone na plantacjach w obecnym sezonie	135
Etiology of raspberry shoot dieback – observations conducted on plantations in the current season A. Poniatowska, M. Michalecka, H. Głos	
Wpływ wody ozonowanej na rozwój grzybów strzępkowych	137
The impact of ozonated water on the growth of filamentous fungi M. Jurga-Zotow, K. Matkowski, E. Płaskowska, A. Kaczmarek-Pieńczewska	
Wpływ wybranych olejków eterycznych na kiełkowanie, wigor i zdrowotność nasion cebuli (<i>Allium cepa</i> L.)	139
The effect of selected essential oils on germination, vigour and health of onion (<i>Allium cepa</i> L.) seeds D. Szopińska, H. Dorna, P. Drobnikowska	
Struktura zbiorowisk grzybów drewna sosnowego w drzewostanie pohuraganowym	141
The structure of fungal communities in a pine wood stand after a hurricane N. Kartawik, R. Witkowski, B. Zawieja, K. Ziemblińska, P. Łakomy, M. Woźniak, I. Ratajczak, J. Behnke-Borowczyk	
Grzyby chorobotwórcze występujące w ekologicznych uprawach grochu siewnego (<i>Pisum sativum</i> L.)	143
The presence of pathogenic fungi in organic pea (<i>Pisum sativum</i> L.) crops D. Czarnecka, A. Czubacka, M. Moldoch-Agacka, J. Księżak	
Monitoring występowania grzybów chorobotwórczych w ekologicznej uprawie lubinu żółtego (<i>Lupinus luteus</i> L.)	145
Fungal pathogen monitoring in the organic cultivation of yellow lupin (<i>Lupinus luteus</i> L.) D. Czarnecka, A. Czubacka, J. Księżak	
Grzyby wyizolowane z chorych i zdrowych pędów <i>Pinus mugo</i> subsp. <i>mugo</i> w Tatrzańskim Parku Narodowym	147
Fungi isolated from diseased and healthy-looking shoots of <i>Pinus mugo</i> subsp. <i>mugo</i> in the Tatra National Park R. Jankowiak, C. Bartnik	
Występowanie grzybów rodzaju <i>Fusarium</i> na samosiewie bukowym (<i>Fagus sylvatica</i>) porażonym przez <i>Phytophthora</i> spp	149
<i>Fusarium</i> species associated with naturally regenerated European beech (<i>Fagus sylvatica</i>) seedlings affected by <i>Phytophthora</i> R. Jankowiak, H. Stępniewska	

Wpływ wybranych substancji organicznych i preparatu Biosept 33 SL na jakość nasion marchwi (<i>Daucus carota</i> L.)	151
The influence of selected organic substances and the Biosept 33 SL preparation on the quality of carrot seeds (<i>Daucus carota</i> L.)	
<i>M. Jarosz</i>	
Udział sacharydów i jasmonianów w odpowiedzi obronnej kielkujących nasion łubinu (<i>Lupinus luteus</i> L.) na <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lupini</i>	153
Participation of saccharides and jasmonates in defense response of germinating yellow lupine (<i>Lupinus luteus</i> L.) seeds to <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lupini</i>	
<i>T. P. Williams, A. Woźniak, J. Kęsy, K. Sadowska, Z. Karolewski, S. Świerczyński, J. Bocianowski, A. Batista, I. Morkunas</i>	
<i>Berkeleyomyces</i> sp. – patogen wywołujący czarną zgniliznę korzeni tytoniu	155
<i>Berkeleyomyces</i> sp. – pathogen causing black root rot of tobacco	
<i>G. Korbecka-Glinka, D. Czarnecka, A. Trojak-Goluch</i>	
Toksyny fuzaryjne oraz związki bioaktywne w ziarnie zbóż jarych w uprawie konwencjonalnej i ekologicznej	157
<i>Fusarium</i> toxins and bioactive compounds in the grain of spring cereals in conventional and organic cultivation	
<i>T. Góral, K. Stuper-Szablewska, M. Buśko</i>	
Wpływ wybranych hydrolatów na występowanie <i>Alternaria alternata</i> i <i>Botrytis</i> spp. na nasionach cebuli	159
Effects of selected hydrolates on the incidence of <i>Alternaria alternata</i> and <i>Botrytis</i> spp. on onion seeds	
<i>A. Rosińska, J. Claude Rukundo, M. Kaiyatesi</i>	
Ocena porażenia klonów <i>Acer platanoides</i> L. i <i>A. saccharinum</i> L. przez mączniaka prawdziwego rosnących na wybranych skwerach w Warszawie	161
Degree of infection of powdery mildew of <i>Acer platanoides</i> L. and <i>A. saccharinum</i> L. growing in selected squares in Warsaw	
<i>Z. Antosiewicz, D. Bocheńska, E. Czumaj, W. Kęпка, K. Kostrzewa, M. Kwerko, M. Pałubiński, J. Płudowska, J. Przybylska, W. Rajm, R. Reinke, A. Zielnik, E. Mirzwa-Mróż, K. Kimic, E. Paduch-Cichal, M. Wit, W. Wakuliński</i>	
Choroby róż rosnących na terenie Ogrodu Botanicznego PAN w Powsinie powodowane przez wybrane lęgniowce i grzyby	163
The occurrence of rose diseases caused by selected oomycota and fungi in the PAN Botanical Garden in Powsin	
<i>N. Orzechowska, E. Mirzwa-Mróż, E. Paduch-Cichal, M. Wit, W. Wakuliński</i>	
Etiologia fuzariozy kolb kukurydzy (<i>Zea mays</i> L.) w wybranych rejonach województw warmińsko-mazurskiego i podlaskiego	165
Etiology of ear rot of maize (<i>Zea mays</i> L.) in selected regions of the Warmian-Masurian and Podlaskie voivodeships	
<i>M. Wit, S. Rogowski, M. Krzywiński, I. Birycki, P. Ochodźki, R. Warzecha, T. Góral, A. Rucińska, B. Wiewióra, E. Mielniczuk, E. Paduch-Cichal, E. Mirzwa-Mróż, M. S. Szyndel, W. Wakuliński</i>	
Grzyby zasiedlające rośliny <i>Reynoutria Houtt.</i> na terenie wybranych stanowisk aglomeracji Warszawy	167
Fungi inhabiting <i>Reynoutria Houtt</i> plants in selected locations of Warsaw agglomeration	
<i>P. Sztajerowska, W. Wakuliński</i>	
Aktywność metaboliczna szczepów <i>Didymella pisi</i> i <i>D. pinodes</i> kolonizujących liście <i>Pisum sativum</i> L.	169
Metabolic activity of <i>Didymella pisi</i> and <i>D. pinodes</i> strains colonising the leaves of <i>Pisum sativum</i> L.	
<i>J. Jaroszuk-Ścisel, A. Nowak, A. Słomka, B. Pawlikowska-Pawłęga, J. Pawelec, B. Zarzyka, W. Irzykowski, J. Kaczmarek, M. Jędryczka</i>	

Nowości w <i>Glomeromycota</i>	171
Novelties in <i>Glomeromycota</i> <i>P. Niezgoda, J. Błaszowski</i>	
Charakterystyka genomów <i>Plasmodiophora brassicae</i> z regionu północno-wschodniej Polski	173
Characterization of the genome of <i>Plasmodiophora brassicae</i> from the region of north-eastern Poland <i>M. Jędryczka, Ł. Pauksto, A. Okorski, A. Pszczółkowska</i>	
Grzyby powodujące plamistości liści grochu siewnego w Polsce (2021-2023)	175
Fungi causing leaf spot of pea in Poland (2021-2023) <i>W. Irzykowski, J. Kaczmarek, M. Gawłowska, M. Jędryczka</i>	
Rezultaty operacji grupy operacyjnej EPI Nova Trawa – Wprowadzenie na rynek innowacyjnej odmiany życicy trwalej zasiedlonej przez symbiotyczne grzyby endofityczne	177
Results of the EPI Nova Trawa operational group operation – Introduction of an innovative variety of perennial ryegrass colonized by symbiotic endophytic fungi to the market <i>D. Pańka</i>	
<u>Ochrona roślin/wpływ środowiska</u>	
Ekstrakt z owoców sumaka garbarskiego (<i>Rhus coriaria</i> L.) - zastosowanie w ochronie roślin	179
Extract from sumac fruits (<i>Rhus coriaria</i> L.): application in plant protection <i>M. Wiejak-Kosidło, A. Kępisty, M. Frydryszak</i>	
Nasilenie objawów suchej zgnilizny pieczarki w zależności od terminu infekcji i liczby zarodników <i>Lecanicillium fungicola</i>	181
The severity of dry bubble symptoms of mushrooms depending on the time of infection and the number of <i>Lecanicillium fungicola</i> spores <i>J. Szumigaj-Tarnowska, Z. Uliński</i>	
Wpływ preparatów biologicznych i mikroflory antagonistycznej na wzrost patogenów grzybowych pieczarki	183
The influence of biological preparations and antagonistic microflora on the growth of mushroom fungal pathogens <i>J. Szumigaj-Tarnowska, Z. Uliński</i>	
Choroby grzybowe tytoniu i źródła odporności w rodzaju <i>Nicotiana</i>	185
Fungal diseases of tobacco and sources of resistance in the <i>Nicotiana</i> genus <i>A. Czubacka, A. Trojak-Goluch, H. Olszak-Przybyś</i>	
Ocena poziomu wirulencji populacji mączniaka prawdziwego zbóż i traw w Polsce w latach 2015-2017	187
Assessment of the virulence level of powdery mildew populations in cereals and grasses in Poland from 2015 to 2017 <i>A. Pietrusińska-Radzio, J. Bocianowski, P. Cz. Czembor</i>	
Możliwości wykorzystania induktora odporności roślin Planticine w ochronie pomidora przed mączniakiem prawdziwym	189
Possibilities of using the plant resistance inducer Planticine in the protection of tomato against powdery mildew <i>M. Ptaszek, R. Rakoczy-Lelek, A. Jarecka-Boncela, K. Ambroziak, K. Gąska</i>	
Zdrowotność nasion rzepaku jarego oraz zawartość związków fenolowych i ich właściwości antyutleniające	191
The health status and total phenolic content of spring rapeseed seeds, and the antioxidant activity of seed extracts as dependent on plant protection method <i>B. Cwalina-Ambroziak, U. Wachowska, M. Damszel, B. Porzuc, S. Przemieniecki, E. Kwiatkowska, R. Amarowicz, K. Sulewska, M. A. Janiak</i>	
Wpływ mikroorganizmów w ograniczaniu alternariozy (<i>Alternaria dauci</i>) na marchwi	193
The effect of microorganisms on the reduction alternariosis (<i>Alternaria dauci</i>) on carrots <i>A. Jarecka-Boncela, M. Ptaszek, A. Włodarek, A. Mikiciński, J. Puławska</i>	

Skuteczność wybranych środków w ochronie ogórka pod osłonami przed mączniakiem prawdziwym	195
Efficacy of selected products in the protection of cucumber under covers against powdery mildew	
<i>A. Włodarek, M. Ptaszek, A. Jarecka-Boncela</i>	
Wpływ gleby i ochrony biologicznej na patogeny zasiedlające ziarno pszenicy twardej	197
Effect of soil type and biological protection on the prevalence of pathogens colonizing durum wheat grain	
<i>W. Giedrojć, U. Wachowska</i>	
Zmiany klimatu a występowanie agrofagów w kukurydzy zwyczajnej	199
Impact of climate change on the prevalence of pests and pathogens in maize	
<i>W. Giedrojć, W. Pluskota, U. Wachowska</i>	
Rdza szparaga (<i>Puccinia asparagi</i> DC.) - zagrożenie dla uprawy szparaga w Polsce	201
Asparagus rust (<i>Puccinia asparagi</i> DC.) - a threat to asparagus cultivation in Poland	
<i>A. Kaczmarek-Pieńczewska, M. Jurga-Zotow, K. Matkowski, E. Płaskowska, K. Sikorska</i>	
Ekstrakty roślinne w ochronie siewek pszenicy ozimej (<i>Triticum aestivum</i> L.) a aktywność biologiczna gleby	203
Plant extracts in the protection of winter wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) seedlings and soil biological activity	
<i>W. Kursa, A. Jamiolkowska, B. Skwaryło-Bednarz, A. Gałązka</i>	
Aktywność wybranych elementów system antyoksydacyjnego w komórkach liści <i>Ulmus pumila</i> zainfekowanych przez <i>Thyrostroma ulmicola</i>	205
Activity of selected elements of the antioxidant system in the leaves of <i>Ulmus pumila</i> infected by <i>Thyrostroma ulmicola</i>	
<i>A. Aleksieieva, E. Gula, M. Libik-Konieczny</i>	
Zastosowanie podejścia metagenomicznego do analizy składów taksonomicznych mikroflory glebowej z pól ziemniaka sadzeniaka	207
The application of metagenomic approach for analyzing the taxonomic composition of soil microflora from seed potato fields	
<i>W. Babińska-Wensierska, A. Motyka-Pomagruk, S. Kobierska, M. Fondi, A. Mengoni, E. Łojkowska</i>	
Działanie nicieniobójcze grzybni vegetatywnej <i>Pleurotus ostreatus</i>	209
The nematocidal activity of the vegetative mycelium of <i>Pleurotus ostreatus</i>	
<i>E. Moliszewska, M. Nabrdalik, R. Nelke, M. Nowakowski</i>	
Czy rośliny uprawne mogą oddziaływać na aktywność bójczą grzybni vegetatywnej <i>Pleurotus ostreatus</i>?	211
Can crop plants influence the killing activity of the vegetative mycelium of <i>Pleurotus ostreatus</i> ?	
<i>M. Nabrdalik, E. Moliszewska, R. Nelke, M. Nowakowski</i>	
Działalność i misja Kliniki Chorób Roślin Instytutu Ochrony Roślin - Państwowego Instytutu Badawczego w Poznaniu	213
Activities and mission of the Plant Diseases Clinic in the Plant Protection Institute - National Research Institute in Poznan	
<i>S. Stepniewska-Jarosz, K. Sadowska, B. Hasiów-Jaroszewska</i>	
Wpływ nanocząstek metali na ryzosferę i rozwój roślin uprawnych	215
The impact of metal nanoparticles on the rhizosphere and crop development	
<i>S. W. Przemieniecki</i>	
Wpływ wybranych preparatów na zdrowotność i plon papryki uprawianej pod osłonami	217
Influence of selected preparations on the health and yield of pepper grown under covers	
<i>J. Nawrocki, S. Mazur</i>	
Świat mikrobiomów roślinnych - biomarkery istotne dla zrównoważonej produkcji i zdrowotności agroekosystemów	219
The world of plant microbiomes - biomarkers important for sustainable production and health of agroecosystems	
<i>M. Frąc, D. Siegieda, J. Panek</i>	

Charakterystyka grzybów z rodzaju <i>Pestalotia</i> jako fitopatogenów	221
Characterization of fungi of the <i>Pestalotia</i> genus as phytopathogens <i>J. Barton, M. Lipiński</i>	
Najważniejsze zagrożenia dla roślin doniczkowych	223
The main threats to potted plants <i>D. Hajdamowicz, J. Barton</i>	
Grzyby z rodzaju <i>Monochaetia</i> jako patogeny roślin – charakterystyka	225
Fungi of the genus <i>Monochaetia</i> as plant pathogens – characteristics <i>M. Lipiński, J. Barton</i>	
<i>Pestalotia clavispora</i> jako nowe zagrożenie dla truskawek w Polsce	227
<i>Pestalotia clavispora</i> as a new threat to strawberries in Poland <i>K. Sobiak</i>	
Wpływ stosowania środków grzybobójczych na symbiozę soi z ryzobiami w kontekście współczesnych zmian klimatycznych wywołanych suszą	229
Effect of fungicide application on soybean-rhizobial symbiosis in the context of modern drought-induced climate changes <i>T. Nyzhnyk, E. Kiedrzyńska</i>	
Wpływ środków powierzchniowo czynnych na rozwój fasoli zwyczajnej (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) w hodowli hydroponicznej	231
The effect of surfactants on the development of common beans (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) grown hydroponically <i>A. Banach, M. Banach, L. Czajka</i>	
Występowanie <i>Viscum album</i> L. subsp. <i>album</i> na terenie Parku Rozkosz w Ursynowie	233
Occurrence of <i>Viscum album</i> L. subsp. <i>album</i> in the Rozkosz Park in Ursynów <i>M. Krzosek-Holody, K. Kowalczyk, M. Wit, E. Mirzwa-Mróż, M. S. Szyndel, E. Paduch-Cichał, W. Wakuliński</i>	
Metabolity i enzymy degradujące ścianę komórkową <i>Fusarium solani</i> w hodowlach szczepów <i>Trichoderma</i> spp. wyizolowanych z grochu oraz markery odporności w siewkach grochu inokulowanych tymi szczepami	235
Metabolites and enzymes degrading cell wall of <i>Fusarium solani</i> in cultures of <i>Trichoderma</i> spp. strains isolated from peas and markers of resistance in pea seedlings inoculated with these strains <i>J. Jaroszuk-Ścisel, A. Nowak, R. Tyśkiewicz, A. Król, J. Flakiewicz, A. Żmuda, A. Słomka, E. Patkowska</i>	
The main sunflower disease of the southern part of the western forest-steppe of Ukraine	237
<i>V. Hryhoriev, I. Kachynska</i>	
Ograniczanie infekcji pszenicy przez <i>Fusarium cerealis</i> za pomocą wzmocnionej syntezy metabolitów antygrzybiczych przez wspólną hodowlę <i>Pseudomonas protegens</i> ML15 i <i>Trichoderma koningiopsis</i> Tr21	239
Suppressing <i>Fusarium cerealis</i> infections in wheat through augmented antifungal metabolite production by <i>Pseudomonas protegens</i> ML15 and <i>Trichoderma koningiopsis</i> Tr21 Co-Culture <i>N. Ajjah, A. Fiodor, K. Kazimierczuk, M. Urbaniak, E. Enow, R. Stasiuk, Ł. Stępień, Ł. Dziewit, K. Pranaw</i>	
Nasilenie naczyniowej pasiastości liści pszenicy ozimej w zależności od sposobu nawożenia słomą	241
The intensity of <i>Cephalosporium</i> stripe disease of winter wheat as influenced by the method of straw application <i>J. Smagacz, S. Martyniuk</i>	
Wpływ fosforynów na stan zdrowotny średniowiekowych drzew dębu szypułkowego (<i>Quercus robur</i>) na terenie Płyty Krotoszyńskiej (Polska)	243
The impact of phosphites on the health condition of medieval trees of pedunculate oak (<i>Quercus robur</i>) in the Krotoszyn Plateau (Poland) <i>H. Hrynyk, T. Oszako, M. Tkaczyk, O. Hrynyk, S. Małek</i>	
Wpływ uprawy soi z wsiewkami wybranych ziół na zdrowotność soi	245
Effect of growing soybeans with herb seedlings on soybean healthiness. <i>J. Dłużniewska, A. Sikora, A. Klimek-Kopyra</i>	

Wpływ nawożenia azotem i odmiany na zdrowotność nasion szarlatu.....	247
Effect of nitrogen and cultivar fertilization on amaranth seed health.	
<i>M. Kopacki, B. Skwaryło-Bednarz, A. Jamiółkowska, W. Kursa</i>	
Zastosowanie zimnej plazmy w badaniach nad eradykacją patogenów bakteryjnych - użyteczna metoda czy moda na sukces?.....	249
The application of cold plasma in research on the eradication of bacterial pathogens - a useful method or a fad for success?	
<i>W. Śledź, A. Motyka-Pomagruk, J. Orłowski, W. Babińska-Wensierska, N. Kaczyńska, M. Prusiński, M. Rychłowski, A. Dzimitrowicz, D. Terefinko, P. Cyganowski, P. Jamróż, P. Pohl, E. Łojkowska</i>	
Gązewnik europejski – obecny czy nie obecny? Predykcja zmian występowania <i>Loranthus europaeus</i> N. J. Jacquin.....	251
European mistletoe – present or absent? Prediction of changes in the occurrence of <i>Loranthus europaeus</i> N. J. Jacquin	
<i>M. Baranowska, Ł. Dylewski, R. Korzeniewicz, W. Kowalkowski, A. Łukowski</i>	
Agrotechnological and biological factors of growing spring wheat in the conditions of the western forest steppe.....	253
<i>A. Sikora</i>	
Mykoflora okryw nasiennych w zdrowych i uszkodzonych nasionach buka zwyczajnego oraz wpływ zaprawiania nasion nanocząstkami miedzi.....	254
Seed coat mycoflora of healthy and damage beech nuts and effect of seed treatment with copper Nanoparticles	
<i>M. Beza, M. Aleksandrowicz-Trzcńska, J. Behnke-Borowczyk</i>	

Sesja plenarna



***Natura varium et mutabile semper* - dynamika lasu versus statyka pojęć**

Zbigniew Sierota¹, Marta Wrzosek²

¹ *Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie*

² *Uniwersytet Warszawski*

zbigniew.sierota@uwm.edu.pl

„*Natura zmienną jest*” – to znane kontekstowo określenie utrwaliło się nie tylko w naszych wyobrażeniach, ale i w słownictwie. Gdy myślimy o przesłaniu naszej Konferencji („Zdrowie roślin w dobie aktualnych wyzwań”), to w naszym mykologiczno-fitopatologicznym ujęciu odwołanie się do makrokosmosu lasu i mikrokosmosu pniaka znajduje pełne uzasadnienie. Lasem może być nie tylko magiczny układ rozmaitych powiązań między- i wewnątrz populacyjnych tworzących bogaty ekosystem, ale także uproszczona hylocenoza powstała sztucznie na tzw. gruncie porolnym. Niezależnie od zróżnicowania ich struktur czasowo-przestrzennych podlegają naturalnym procesom ekologicznym, regulowanym przez środowisko, ale także przez zaburzenia i przez człowieka.

Te procesy są od lat znane – opisane i stosowane. Jednak gdy głębiej wnikamy w ich dynamiczną istotę – uderza nas statyka wielu dotychczasowych opisów i nazw, nie odzwierciedlająca złożoności zachodzących interakcji i powstających nowych zależności.

Prezentowany materiał zawiera propozycję modyfikacji nazewnictwa tych interakcji, uwzględniającego ich dynamikę - i jest zachętą do dyskusji.

Natura varium et mutabile semper - Forest dynamics versus static concepts

Zbigniew Sierota¹, Marta Wrzosek²

¹*Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie*

²*Uniwersytet Warszawski*

zbigniew.sierota@uwm.edu.pl

"Nature is mutable" - this phrase, taken out of context, has not only become ingrained in our imagination, but also in our vocabulary. When we reflect on the message of our Conference ("Plant health in times of current challenges"), the reference to the macrocosm of the forest and the microcosm of the tree stump is entirely justified from our mycological and phytopathological perspective. A forest can be not only a magical system of various connections between and within populations that form a rich ecosystem, but also a simplified forest coenosis artificially created on the so-called farmland. Regardless of the diversity of their temporal and spatial structures, they are subject to natural ecological processes that are regulated by the environment, but also by disturbances and humans.

These processes have been known, described and applied for years. However, when we look more closely at their dynamic nature, we realize that many of the existing descriptions and labels are static and do not reflect the complexity of the interactions that take place and the relationships that emerge.

The material presented here proposes a change in the nomenclature of these interactions that takes account of their dynamic nature - and invites discussion.

Nowe wyzwania i stare problemy hodowli odpornościowej zbóż na rdze

Paweł Czembor, Piotr Słowacki, Magdalena Radecka-Janusik

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Biologii Stosowanej, Radzików
p.czembor@ihar.edu.pl

Hodowla odpornościowa jest szeroko propagowaną metodą w ograniczaniu strat plonu zbóż powodowanych przez choroby. Tylko poznanie właściwości chorobotwórczych czynników sprawczych powodujących choroby może się przyczynić do właściwego wykorzystania w programach hodowlanych efektywnych genów odporności.

W warunkach Polski, pszenica i pszenżyto mogą być porażane przez trzy gatunki grzybów z rodzaju *Puccinia*: *P. triticina* (*Pt*, sprawcy rdzy brunatnej), *P. striiformis* f.sp. *tritici* (*Pst*, rdza żółta) i *P. graminis* (*Pg*, rdza żdźbłowa). Rdza brunatna występuje rokrocznie z różnym nasileniem i w sprzyjających warunkach środowiska może spowodować znaczące straty w plonie ziarna. Wciąż efektywne geny odporności gospodarza to *Lr9* i *Lr19*. Niemniej jednak, w ostatnich latach zaobserwowano zjawisko specjalizacji pasożytniczej populacji *Pt* w stosunku do pszenżyta, która w odróżnieniu od populacji grzyba na pszenicy charakteryzuje się co najmniej niższą frekwencją wirulencji w stosunku do genów odporności *Lr*: 1, 3, 3bg, 3ka, 20 i 32. Wskazuje to na dynamiczne zmiany zachodzące w populacji grzyba, w wyniku których należy się spodziewać nowych wirulencji lub bardziej złożonych kombinacji już zaobserwowanych.

W roku 2011 w Europie zaobserwowano spektakularną wymianę „starej” populacji *P. striiformis* f.sp. *tritici* na „nową”, o zupełnie odmiennej patogeniczności, co wykazało jak bardzo nie wiele wiemy o potencjalnych możliwościach grzyba, na którego należy spojrzeć w szerszym kontekście, tj. globalnych zmian klimatycznych oraz zdolności migracyjnych i adaptacyjnych. Pojawienie się w dużym nasileniu nowych ras „Warrior” (rasa Pst7), „Kranich” (Pst8), a następnie „Warrior(-)” (Pst10) oraz „Triticale2015” (Pst13) obnażyły wąską bazę odporności genetycznej pszenicy i pszenżyta, a co więcej jej nieefektywność. Obecnie, jedyne geny odporności *Yr5* i *Yr15* zapewniają efektywną ochronę przeciwko rdzy żółtej, ale nie wiadomo na jak długo przy wzrastającej presji selekcyjnej ze strony *Pst*.

Rdza żdźbłowa dała o sobie znać w bezprecedensowej epidemii zapoczątkowanej w Ugandzie z udziałem rasy Ug99 (rasa TTKSK) oraz jej patotypów siostrzanych, które posiadały niespotykaną dotąd kombinację wirulencji zwłaszcza w stosunku do genów odporności *Sr24*, *Sr31*, *Sr36* i *Sr38*. W Europie w roku 2013 rdza żdźbłowa zaznaczyła swoją obecność w Niemczech i Danii nowymi patotypami z grupy ras nazwanej „Digalu” (TKTTF) niespokrewnionej z Ug99, której siostrzany patotyp TKFTF również został wykryty w późniejszym czasie w Polsce. Co więcej, w roku 2016 na Sycylii rasa TTTTF (również nie spokrewniona z Ug99) zniszczyła uprawy pszenicy zwyczajnej i twardej. Niezwykle istotne z punktu widzenia zdolności adaptacyjnych *Pg* jest stwierdzenie występowania w Szwecji w roku 2017 populacji pochodzącej z rekombinacji mejozytycznej (pełno-cyklicznej z udziałem berberysu jako drugiego żywiciela). Zaobserwowanie tego zjawiska potęguje zagrożenie upraw pszenicy i pszenżyta przez możliwość pojawienia się zupełnie nowych wariatów wirulencji, dla których obecnie brak genów odporności gospodarza.

New challenges and old problems in the resistance breeding of cereals against rust diseases

Paweł Czembor, Piotr Słowacki, Magdalena Radecka-Janusik

Plant Breeding and Acclimatization Institute - National Research Institute, Department of Applied Biology, Radzików
p.czembor@ihar.edu.pl

Resistance breeding is widely propagated method to reduce cereal crop losses caused by diseases. An understanding of the pathogenic properties of causal agents is essential for the appropriate utilization of effective resistance genes in breeding programs.

In Poland, wheat and triticale are susceptible to three species of rust fungi from the genus *Puccinia*: *P. triticina* (*Pt*, responsible for brown rust), *P. striiformis* f.sp. *tritici* (*Pst*, yellow rust), and *P. graminis* (*Pg*, stem rust). Brown rust appears annually with varying intensity and under favorable environmental conditions can cause significant losses in grain yield. The resistance genes *Lr9* and *Lr19* still remain effective. However, recent years have seen a phenomenon of parasitic specialization of the *Pt* population towards triticale, which, unlike the population on wheat, has a lower frequency of virulence against *Lr* resistance genes: 1, 3, 3bg, 3ka, 20, and 32. This indicates dynamic changes occurring in the fungal population, from which new virulences or more complex combinations of observed virulences can be expected.

In 2011, a dramatic shift was observed in Europe from the "old" population of *P. striiformis* f.sp. *tritici* to a "new" one with distinct pathogenicity, revealing how little we know about the potential capabilities of the fungus, which must be considered in a broader context of global climate changes and migration and adaptation abilities. The emergence of new races such as "Warrior" (*Pst7*), "Kranich" (*Pst8*), followed by "Warrior(-)" (*Pst10*) and "Triticale2015" (*Pst13*) exposed the narrow genetic resistance base of wheat and triticale and its inefficacy. Currently, only the resistance genes *Yr5* and *Yr15* are effective against yellow rust, but it is uncertain how long this will last under increasing selective pressure from *Pst*.

Stem rust announced its presence in an unprecedented epidemic that began in Uganda with the Ug99 race (TTKSK) and its sister pathotypes, which carried a previously undetected combination of virulence especially against resistance genes *Sr24*, *Sr31*, *Sr36*, and *Sr38*. In Europe in 2013, stem rust marked its presence in Germany and Denmark with new pathotypes from the "Digalu" group (TKTTF) unrelated to Ug99, whose sister pathotype TKFTF was also detected later in Poland. Furthermore, in 2016, the TTTTF race (also unrelated to Ug99) devastated crops of common and durum wheat in Sicily. Critically, the occurrence of a population derived from meiotic recombination (full-cycle involving barberry as a secondary host) in Sweden in 2017 underscores the adaptive capabilities of *Pg*. This phenomenon heightens the threat to wheat and triticale crops due to the potential emergence of completely new virulence variants for which there are currently no host resistance genes available.

Zdrowie roślin - trendy i wyzwania

Joanna Puławska

Institut Ogrodnictwa - Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Ochrony Roślin, Skierniewice
joanna.pulawska@inhort.pl

Producenci owoców i warzyw mają bardzo ograniczone możliwości kontrolowania wszystkich czynników wpływających na finalną produkcję. Czynnikiemami tymi są przede wszystkim warunki pogodowe, które w ostatnich latach coraz częściej powodują zjawiska ekstremalne, takie jak susza, grad i nagłe opady deszczu, powodujące lokalne podtopienia terenów. Kluczową kwestią w uprawie jest przeciwdziałanie zmianom klimatycznym, co przekłada się także na zmianę spektrum patogenów i szkodników zagrażających roślinom. Nowe zagrożenia wiążą się bezpośrednio z międzynarodowym handlem materiałem roślinnym, co niesie ze sobą ryzyko wprowadzenia nowych patogenów, takich które w danym regionie geograficznym jeszcze nie wystąpiły, a które w obliczu globalnego ocieplenia mają większą szansę na zadomowienie się. Zagrożenia te zmuszają nas do podejmowania nowych działań, takich jak udoskonalanie systemów wczesnego wykrywania patogenów oraz opracowywanie skutecznych metod ochrony roślin i ich racjonalnego wykorzystania. Jednocześnie rolnictwo krajów wysoko rozwiniętych dąży do ograniczenia chemizacji poprzez wprowadzanie proekologicznych systemów produkcji. Wynika to ze świadomości ich negatywnego wpływu na środowisko, a także rosnącej świadomości konsumentów w zakresie ochrony środowiska. Konsumenty chcą jeść wysokiej jakości produkty, które nie szkodzą ich zdrowiu i są produkowane w taki sposób, aby nie szkodziły środowisku. Wszystkie te czynniki stanowią duże wyzwanie dla produkcji ogrodniczej, a ich wdrożenie wymaga nowych rozwiązań, które muszą być bardzo zróżnicowane, odzwierciedlające holistyczne podejście do problemu.

Dynamicznie rozwijającym się trendem w rolnictwie jest rolnictwo precyzyjne wykorzystujące technologie teledetekcyjne i fotogrametryczne, sztuczną inteligencję i głębokie uczenie się oraz autonomiczne pojazdy lub bezzałogowe statki powietrzne. Jednakże, jeśli chodzi o wsparcie w ochronie roślin, na rynku praktycznie nie ma dostępnych rozwiązań w tym zakresie. Kolejnym wyzwaniem jest poszukiwanie nowych, bezpiecznych środków/rozwiązań w ochronie roślin. Oprócz trendu ograniczania zużycia chemicznych środków ochrony roślin, konieczności realizacji takich zadań wymaga zmniejszenie liczby substancji czynnych dopuszczonych do stosowania w UE. Poszukiwanie alternatyw, takich jak środki na bazie mikroorganizmów czy substancje wywołujące oporność, jest wyraźnym trendem w badaniach naukowych i rozwoju. Duże nadzieje pokłada się także w NGT (Nowe Techniki Genomowe), których celem jest opracowanie precyzyjnych narzędzi pozwalających w kontrolowany sposób poprawiać cechy roślin. Jednak rozwiązania opracowane w laboratoriach naukowych, aby zadziałały, muszą trafić na pole i sad. Dużym wyzwaniem jest przekonanie konsumentów, że nowe rozwiązania są bezpieczne, a rolników wdrożenie nowych metod i zaprzestanie działań, które często są niepotrzebne, a nawet nielegalne. W tym ostatnim przypadku konieczna jest znajomość barier i mechanizmów podejmowania decyzji przez rolników w zakresie ochrony roślin. Może to mieć kluczowe znaczenie dla skuteczniejszego wdrażania nowych narzędzi wpisujących się w zintegrowane podejście do ochrony roślin.

Podziękowania: Prezentowane wyniki uzyskano w ramach projektów unijnych i krajowych: BioSafeFood, HortiQD, SELOR, SUPPORT, National Science Centre, Poland project No. 2021/43/D/NZ9/02323, zadania finansowane przez MRiRW

Plant health - trends and challenges

Joanna Puławska

The National Institute of Horticultural Research, Department of Plant Protection, Skierniewice
joanna.pulawska@inhort.pl

Fruit and vegetable producers have a very limited ability to control all factors affecting the final production. With the exception of agriculture, these circumstances are not known to any other economic sector. These factors include primarily weather conditions, which in recent years have increasingly caused extreme phenomena such as drought, hail, and sudden rainfall causing local flooding of areas. The key issue in cultivation is counteracting climate change, which is also reflected in a change in the spectrum of pathogens and pests that threaten plants. New threats are also directly related to international trade in plant materials, which carries the risk of introducing new ones that have not yet occurred in a given geographical region and which, in the face of global warming, have a greater chance of establishing themselves. These threats force us to take new actions, such as improving systems for the early detection of pathogens and developing effective methods of plant protection and their rational use. At the same time, agriculture in highly developed countries aims to reduce chemicalization by introducing pro-ecological production systems. This is due to the awareness of their negative impact on the environment, as well as the increasing awareness of consumers in the field of environmental protection. Consumers want to eat healthy products that do not harm their health and are produced in such a way that they do not harm the environment. All these factors are a big challenge for horticultural production, and their implementation requires new solutions, and these solutions must be very diverse, reflecting a holistic approach to the problem.

A dynamically developing trend in agriculture is precision farming using remote sensing and photogrammetric technologies, AI and deep learning, and autonomous vehicles or UAVs (Unmanned Aerial Vehicles). However, in terms of support in crop protection, there are practically no solutions available in this field on the market. Another challenge is the search for new safe means/solutions in plant protection. In addition to the trend of reducing the consumption of chemical plant protection products, such tasks are necessitated by the reduction in the number of active substances permitted for use in the EU. The search for alternatives such as agents based on microorganisms or substances that induce resistance are a clear trend in scientific research and development. Great hope is also placed in NGTs (New Genomic Techniques) aimed at developing precise tools to improve plant characteristics in a controlled manner. However, solutions developed in scientific laboratories must reach the field and orchard in order to work. A big challenge is to convince consumers, that new solutions are safe and farmers to implement new methods and to stop activities that are often unnecessary or even illegal. For the latter, it is necessary to know the barriers and mechanisms of farmer decision-making in the field of plant protection. This may be crucial for more effective implementation of new tools that are part of an integrated approach to plant protection.

Acknowledgements: The presented results were obtained in frame of the EU and national projects: BioSafeFood, HortiQD, SELOR, SUPPORT, National Science Centre, Poland project No. 2021/43/D/NZ9/02323, grants from the Ministry of Agriculture and Rural Development of Poland.

Kiła kapusty - duży problem, który można rozwiązać z pomocą małych roślin

Robert Malinowski

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu, Zakład Zintegrowanej Biologii Roślin

rmal@igr.poznan.pl

Każdego roku infekcja roślin przez pierwotniaka *Plasmodiophora brassicae* prowadząca do rozwoju kiły kapusty skutkuje dużymi stratami w uprawie wielu roślin (w tym ekonomicznie istotnych gatunków, takich jak rzepak). Zarówno biologia patogenu, jak i fakt długowieczności wytwarzanych zarodników przetrwalnikowych skutkują tym, że trudno walczyć z chorobą. Jednym z ważnych czynników, mogących zwiększyć szanse wypracowania skutecznej strategii ochrony upraw, jest poznanie biologicznych podstaw interakcji pomiędzy rośliną a patogenem.

W niniejszym wykładzie pragnę przedstawić prace mojego zespołu, w których dzięki wykorzystaniu rośliny modelowej *Arabidopsis thaliana* (rzodkiewnik) dokonano opisu komórkowych i fizjologicznych zjawisk towarzyszących rozwojowi narośli oraz wykorzystaniu zaatakowanej rośliny przez patogen. Dzięki dostępnym narzędziom pozwalającym na analizy funkcjonalne, prostemu genomowi oraz krótkiemu cyklowi rozwojowemu, a także wielości danych dostępnych w bazach danych, rzodkiewnik pozwala na precyzyjną interpretację wyników i dogłębne poznanie zjawiska. Kolejnym aspektem jest możliwość eksploracji naturalnej zmienności i dostęp do kolekcji genotypów rzodkiewnika z wielu odległych części świata. Dzięki temu scharakteryzowano gen kodujący kanał wapniowy *Resistance to Plasmodiophora brassicae 1 (RPB1)*, którego obecność w genomie warunkuje odporność na patotypy zdolne do porażenia dotychczas uzyskanych odmian. Możliwość przeniesienia tego mechanizmu do z rzodkiewnika do rzepaku jest bardzo obiecującym kierunkiem. Rzodkiewnik pozwala również na precyzyjne poznanie zmian rozwojowych i anatomicznych towarzyszących chorobie. Dotychczasowe badania zespołu pozwoliły na wyselekcjonowanie genotypów zdolnych do dłuższego przetrwania w warunkach infekcji, co w przypadku rzepaku, którego plonem są nasiona, pozwala na ich zbiór i również ogranicza straty. Istotne są również kwestie dotyczące możliwościom pozyskiwania węgla oraz azotu przez rozwijający się patogen oraz strategiom wypracowanym przez rośliny w celu ograniczenia zjawiska i spowolnienia rozwoju choroby. Te zjawiska są również badane w naszym zespole.

W niniejszym wykładzie przedstawimy wyniki ponad 10-letniej pracy zespołu, w których, dzięki wykorzystaniu rzodkiewnika, w sposób kompleksowy opisano interakcję pomiędzy *P. brassicae* a zaatakowaną rośliną z wielu różnych perspektyw.

Clubroot disease – large problem that can be solved with help of a small plant

Robert Malinowski

Department of Integrative Plant Biology, Institute of Plant Genetics Polish Academy of Sciences in Poznan

rmal@igr.poznan.pl

Each year pathogenic protist *Plasmodiophora brassicae*, the causative agent of clubroot disease, leads to significant losses in *Brassicaceae* plants (including economically important crop - oilseed rape). Both, pathogen biology and the longevity of its resting spores make difficult the development of plausible and efficient strategies for plant protection. An important factor increasing our chances to win a battle against the pathogen is detailed understanding of biological basis underlying the plant-pathogen interaction.

Here we present results obtained by our team with help of the commonly used model plant *Arabidopsis thaliana*, that led us to describe cellular and physiological events accompanying development of galls and further exploitation of the host by the pathogen. Thanks to the availability of a wide range of tools and approaches for functional studies, relatively simple genome and short life cycle, as well as large amount of experimental gathered and collected in data bases, *Arabidopsis* enables precise interpretation of obtained results and deep understanding of the phenomenon studied. Another issue is the possibility to explore a natural genetic diversity in *Arabidopsis* genome with help of a vast, worldwide collection of genetic accessions. This recently led our team to the discovery of a single gene encoding calcium channel, called *Resistance to Plasmodiophora brassicae 1 (RPB1)*, whose presence determinate plant immunity to *P. brassicae* pathotypes being able to brake currently available genetic sources of resistance. The possibility to engineer this resistance in the oilseed rape seems to be attractive strategy. *Arabidopsis* enables also precise understanding of developmental changes leading to major alteration of the host anatomy upon infection. Thanks to that our team manager to select genotypes capable to withstand the disease and produce viable seeds regardless the pathogen attack. For plants like oilseed rape whose major harvested crop are seeds this could be an attractive strategy to reduce financial losses. Also understanding of pathogen strategies used to acquire carbon and nitrogen as well as counter defence evolved by the host plant to restrict pathogen spread and suppress disease progression should be explored in order to find new mechanism for plant tolerance. This aspect is also studied in our team.

Here we would like to present results of more than 10 years of experimental work carried out in our group on the *Arabidopsis* model, that led to complex description of the biotrophic interaction between *P. brassicae* and invaded host and shed new light on this phenomenon.

Use of doubled haploid production combined with genome editing technology for disease resistance improvement in wheat

Shaobin Zhong¹, Yueqiang Leng¹, Madhusudhana Janga², Hui Yan¹, Alireza Poursafar¹, Shahed Safar¹, Olawumi Amusan¹, Amna Riasat¹, Gongjun Shi¹, Wenhao Dai³, Zhaohui Liu¹

¹ *Department of Plant Pathology, North Dakota State University, Fargo, ND USA*

² *Institute of Genomics for Crop Abiotic Stress Tolerance, Department of Plant and Soil Science, Texas Tech University, Lubbock, TX 79409, USA*

³ *Department of Plant Sciences, North Dakota State University, Fargo, ND USA*

shaobin.zhong@ndsu.edu

Genome editing technologies, including CRISPR/Cas9-based genome editing, base editing, and prime editing, provide a great potential for crop improvement, but their applications in wheat have been limited due to the challenges in delivery of the genome editing components into explants of wheat and regeneration of gene-edited plants from them. Recently wheat × maize hybridization combined with genome editing technology (Hi-Edit) has emerged as a new tool to produce doubled haploid (DH) plants with target genes edited in wheat. We edited five genes (*Tsn1*, *TaHRC*, *TaMLO*, *TaPFT*, and *Fhb7*) conferring susceptibility or resistance to fungal diseases in wheat using this wide hybridization approach. For each gene, we selected two target sites and designed corresponding single guide RNA (sgRNA) expression cassettes for construction of binary vectors, which carry the CRISPR/Cas9-mediated genome editing machinery for targeting wheat genes. Using the constructed binary vectors, we generated transgenic maize plants, which were used as pollen donor to cross with wheat varieties. Our results showed that up to 33% of the haploid plants derived from the wide crosses had mutations at the gene target sites. The DH lines with *Tsn1* and *TaMLO* genes mutated showed improved resistance to tan spot and powdery mildew, respectively, while those DH lines with *Fhb7* edited were significantly more susceptible to Fusarium head blight compared to the wildtype. This wheat × maize hybridization coupled with genome editing technology provides a simple, efficient and powerful alternative for gene functional characterization and trait improvement in wheat.

Unveiling the Nexus of Pathogens and Plants: Insights from the President of ISPP

Yong-Hwan Lee

Seoul National University, Department of Agricultural Biotechnology, Seoul, Republic of Korea
yonglee@snu.ac.kr

The world population is projected to reach over 9 billion by 2050. Efforts to meet the anticipated global need for affordable, nutritious, and safe food face complex challenges, and one of which is how to protect crop health without continuously incurring high economic, ecological, and environmental costs. FAO estimates that up to 30 percent of food crops are lost every year due to plant diseases and pests. New diseases, re-emerging diseases, and increasingly extreme weather events driven by climate changes pose more threats to stable food production. It is imperative that we continuously strive to offer effective and sustainable strategies for protecting plant health by advancing our understanding of how diverse forms of plant-microbe and microbe-microbe interactions affect plant growth and health and translating this understanding to field deployable solutions. Because sustainable crop production is a global challenge, we must engage, educate, and empower diverse global stakeholders, not just scientists, to meet the challenge. The International Society for Plant Pathology (ISPP) has served as the global forum to address such needs by fostering knowledge sharing and collaboration among the member societies and scientists. In this presentation, I would like to introduce a few historic epidemics of plant diseases, the power of genomics on understanding of pathogenesis, and ongoing efforts for sustainable management of plant diseases with cutting edge technologies.

Status of Plant Pathology in Europe

Jonathan Yuen

Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden

Jonathan.Yuen@slu.se

Plant pathology in Europe has evolved since it emerged due to efforts of scientists like Miles J. Berkeley and Anton de Bary. Current EU regulations and directives affect of the plant pathology activities in the different member states, and even have implications for those European countries outside of the EU, as well as countries that intend to export certain plant products into the Union. Much of the emphasis in EU legislation focusses on quarantine and other regulated pathogens, though even those already present can be subjected to legislation. Despite the presence of unifying legislation at the EU level, divergence in how plant pathogens are handled at the national level results from different climatic and production system differences.

Some pathogens, previously absent from Europe, have been discovered and have caused problems in different production systems. One example of this *Xylella fastidiosa*. Pathosystems in Scandinavia, such as potato late blight (caused by *Phytophthora infestans*) and wheat stem rust (caused by *Puccinia graminis*) were previously not thought to be overly problematic but have received renewed attention due to changes in the pathogen population or production methods.

How plant pathology will evolve and change in Europe will depend on the different priorities at the European and national level, and some future challenges to sustainable production of food and other products will be discussed.

Liposomalne bionanokompozyty (BNC) jako potencjalne środki do regulacji relacji wirus-roślina

Anhelina Kyrychenko¹, Oleksii Kovalenko¹, Halyna Snihur^{1,2}, Tetiana Shevchenko², Tetiana Nyzhnyk³

¹ Instytut Mikrobiologii i Wirusologii im. D.K. Zabolotnego Narodowej Akademii Nauk Ukrainy, Laboratorium Wirusów Roślin, Kijów

² Katedra Wirusologii, ESC «Instytut Biologii i Medycyny», Narodowy Uniwersytet Tarasa Szewczenki w Kijowie

³ Instytut Fizjologii Roślin i Genetyki Narodowej Akademii Nauk Ukrainy, Zakład Symbiotycznego Wiązania Azotu, Kijów

a.kyrychenko@imv.org.ua

Szybko rosnąca liczba ludności na świecie oraz związane z tym globalne potrzeby produkcji zbóż i zapotrzebowanie na żywność napędzają poszukiwanie nowych sposobów zwiększenia produktywności rolnictwa. Czynniki takie jak nadmierne nawożenie, zanieczyszczenie środowiska, choroby roślin i ograniczona dostępność gruntów wymagają innowacyjnych podejść do technologii produkcji roślinnej. Jednym z obiecujących podejść do stawiania czoła tym wyzwaniom jest wykorzystanie nanotechnologii i nanomateriałów w rolnictwie. W szczególności, zastosowanie nanotechnologii liposomalnych w przemyśle i rolnictwie, w tym produkcja liposomalnych bionanokompozytów (BNC) opartych na biologicznie aktywnych związkach pochodzenia biologicznego, oferuje ekologicznie bezpieczne rozwiązanie dla zrównoważonej produkcji rolniczej. Podejście to może pomóc w zachowaniu bioróżnorodności na obszarach rolniczych, zwiększeniu żywotności i plonów upraw oraz redukcji nadmiernego stosowania tradycyjnych pestycydów chemicznych.

Obecnie zastosowanie nanotechnologii liposomalnej w rolnictwie jest głównie ograniczone do tworzenia nawozów o kontrolowanym uwalnianiu lub nośników dla różnych agrochemikaliów. Pomimo swojego potencjału, technologie te nie stały się jeszcze powszechne w produkcji roślinnej, szczególnie w zakresie ochrony roślin przed szkodnikami i patogenami, co jest kluczowe dla bezpieczeństwa żywnościowego.

Aby wypełnić tę lukę, opracowaliśmy nową technologię tworzenia BNC preparatów liposomalnych opartych na biosurfaktantach mikrobiologicznych produkowanych przez bakterie z rodzaju *Pseudomonas* i grzyby z typu *Basidiomycota* (podstawczaki). Preparaty te mają na celu zapobieganie chorobom wirusowym roślin, epifitozom wirusowym oraz zwiększenie odporności roślin i ich całkowitego stanu.

Nasze przyszłe działania badawcze będą skoncentrowane na badaniu skuteczności tych preparatów na modelach roślinnych w warunkach polowych lub doniczkowych. Badania te mogą dostarczyć przekonujących dowodów na ich biosferyczność oraz możliwość stosowania tych nanopreparatów w sektorze rolniczym. Ponadto, rozszerzenie badań o różne gatunki roślin i warunki środowiskowe mogłoby dodatkowo potwierdzić szeroką zastosowalność i korzyści wynikające z nanotechnologii liposomalnych w zrównoważonym rolnictwie.

Liposomal bionanocomposites (BNC) as potential agents for the regulation of virus plant relationships

Anhelina Kyrychenko¹, Oleksii Kovalenko¹, Halyna Snihur^{1,2}, Tetiana Shevchenko², Tetiana Nyzhnyk³

¹ *D.K. Zabolotny Institute of Microbiology and Virology of the National Academy of Sciences of Ukraine, Laboratory of Plant Viruses, Kyiv*

² *Virology Department, ESC «Institute of Biology and Medicine», Taras Shevchenko National University of Kyiv*

³ *Institute of Plant Physiology and Genetics of the National Academy of Sciences of Ukraine, Department of Symbiotic Nitrogen Fixation, Kyiv*

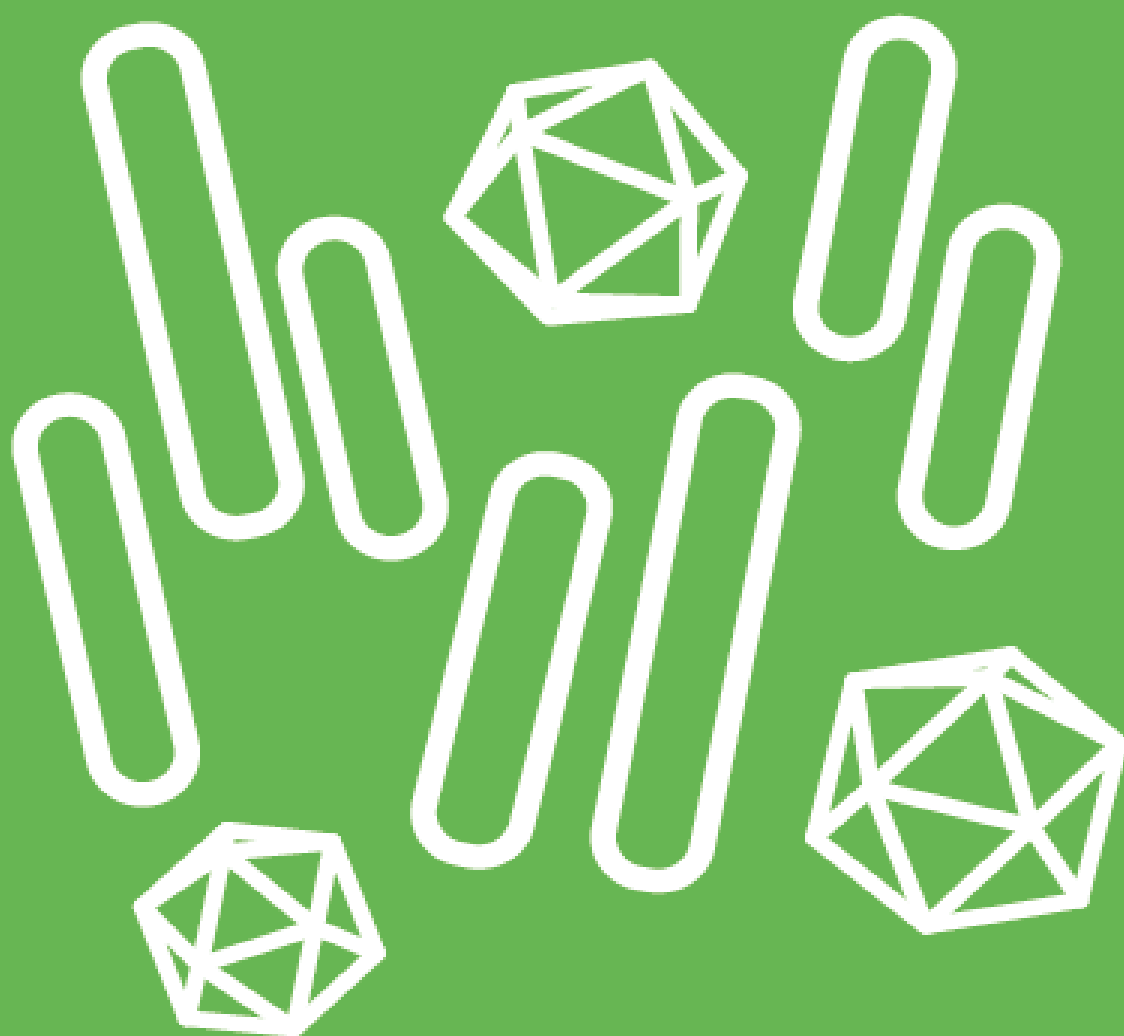
a.kyrychenko@imv.org.ua

The rapidly increasing world population and the connected global grain production needs and food demands are driving the search for new ways to increase agricultural productivity. Factors such as excessive fertilization, environmental pollution, plant diseases, and limited land availability necessitate innovative approaches to crop production technology. One promising approach to addressing these challenges is the use of nanotechnology and nanomaterials in agriculture. Specifically, the use of liposomal nanotechnologies in industry and agriculture, including the production of liposomal bionanocomposites (BNC) based on biologically active compounds of biological origin, offers an ecologically safe solution for sustainable agricultural production. This approach can help preserve biodiversity in agricultural areas, increase crop vitality and yields, and reduce the excessive use of traditional chemical pesticides.

Currently, the application of liposomal nanotechnology in agriculture is primarily limited to the creation of controlled-release fertilizers or delivery agents for different agrochemicals. Despite its potential, these technologies have not yet become widespread in crop production, particularly for plant protection against pests and pathogens, which is crucial for food security. To address this gap, we have developed a new technology for creating liposomal BNC preparations based on microbial biosurfactants produced by bacteria from the genus *Pseudomonas* and macroscopic basidiomycetes. These preparations aim to prevent plant virus diseases, viral epiphytoses, and increase plant resistance and overall habitat.

Our future research efforts will focus on studying the effectiveness of these preparations on plant models under field or pot conditions. These studies may provide convincing evidence of their biosafety and the feasibility of using these nanopreparations in the agricultural sector. Additionally, expanding the research to include various crop species and environmental conditions could further validate the widespread applicability and benefits of liposomal nanotechnology in sustainable agriculture.

Sesja wirusologiczna



Wpływ sposobu suplementacji selenem na skład bulw oraz na odporności na wirus Y ziemniaka (PVY) w formach dihaploidalnych ziemniaka

Katarzyna Szajko

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział Młochów, Młochów

k.szajko@ihar.edu.pl

Selen jest pierwiastkiem, który za pomocą biotransformacji wchodzi w skład selenocysteiny i selenometioniny. Aminokwasy selenowe, analogicznie jak aminokwasy zawierające siarkę, biorą czynny udział w procesach oksydoredukcyjnych w roślinie. Zaobserwowano, że w odpowiedzi roślin na selen zmianom ulega poziom hormonów roślinnych tj kwasu jasmonowego (JA), etylenu oraz w przypadku roślin hiperakumulujących wzrasta również ilość kwasu salicylowego (SA) (Pilon-Smits, 2015).

Rozpoznanie patogena, indukcja reakcji odporności oraz ekspresja reakcji obronnej to trzy poziomy interakcji patogen-roślina. Działanie genów *R* to jeden z podstawowych sposobów obrony roślin przed patogenami. Wirus Y ziemniaka (*Potato virus Y*, PVY) należy do najważniejszych wirusów ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.). Opisano dwa podstawowe typy odporności ziemniaka na PVY: krańcową odporność (ER), warunkowaną przez geny *Ry* i nadwrażliwość (HR), warunkowana przez geny *Ny*. Rośliny z genem *Ry* wykazują bardzo wysoką odporność na wszystkie opisane szczepy PVY; nie obserwuje się symptomów choroby ani w postaci lokalnych, ani w postaci systemowych plam nekrotycznych na liściach oraz wiązkach przewodzących. HR jest reakcją obronną, będącą wynikiem szerokiego spektrum zmian metabolicznych, które prowadzą do obumarcia komórek w bezpośrednim sąsiedztwie miejsca infekcji, co zapobiega dalszemu rozprzestrzenianiu się patogena.

Dwutygodniowe rośliny form dihaploidalnych ziemniaka o różnym poziomie odporności na PVY zostały potraktowane dolistnie lub doglebowo wodnym roztworem selenitu sodu. Zabiegi te były powtarzane jeszcze dwukrotnie w odstępach tygodniowych. Po sezonie wegetacyjnym oznaczono techniką atomowej spektrometrii absorpcyjnej z atomizacją w kuwecie grafitowej (GFAAS) w Laboratorium Aparaturowym Instrumentalnych Analiz Środowiskowych na Wydziale Biologii Uniwersytetu Warszawskiego, całkowitą zawartość atomów selenu w stosunku do prób kontrolnych. W następnym roku doświadczenia przeprowadzono ocenę poziomu odporności roślin w porównaniu do obecności selenu w bulwach przed wysadzeniem. W warunkach kontrolowanych, w fitotronie, czterotygodniowe rośliny ziemniaka były zakażone mechanicznie wirusem Y ziemniaka. W szóstym dniu po inokulacji obserwowano objawy nekrotyzacji na liściach inokulowanych wybranych roślin, oceniono poziom kumulacji wirusa w liściach inokulowanych oraz zmiany ekspresji genów białek EDS1 (ang. *Enhanced disease susceptibility 1*) i NRG1 (ang. *N-requirement gene 1*) związanych z reakcją nekrotyzacji roślin z genami *R*.

Referencje:

Elizabeth A.H. Pilon-Smits (2015) Selenium in Plants, U. Lüttge, W. Beyschlag (eds.), Progress in Botany, Progress in Botany 76, DOI 10.1007/978-3-319-08807-5_4

Effect of selenium supplementation on tuber composition and resistance to *Potato virus Y* (PVY) in dihaploid potato forms

Katarzyna Szajko

Plant Breeding and Acclimatization Institute - National Research Institute, Radzików, Młochów Research Center, Młochów

k.szajko@ihar.edu.pl

Selenium is an element that, through biotransformation, becomes part of selenocysteine and selenomethionine. Selenium-containing amino acids, similar to sulfur-containing amino acids, actively participate in oxidoreductive processes. These processes occur during both plant development and biotic stress. It has been observed that plant responses to selenium lead to changes in regulatory factors such as jasmonic acid (JA), ethylene, and, in selenium hyperaccumulating plants, salicylic acid (SA) (Pilon-Smits, 2015).

Pathogen recognition, induction of the resistance response, and expression of the defense response are the three levels of pathogen-plant interaction. The action of *R* genes is a fundamental mechanism by which plants defend themselves against pathogens. Potato virus Y (PVY) is one of the most significant viruses affecting potatoes (*Solanum tuberosum* L.). There are two primary types of resistance to PVY in potatoes: extreme resistance (ER), conditioned by *Ry* genes, and hypersensitivity (HR), conditioned by *Ny* genes. Plants with the *Ry* gene show very high resistance to all described PVY strains, with no symptoms of the disease observed, either as local or systemic necrotic spots on leaves and conductive tissues. HR is a response resulting from a wide range of metabolic changes that lead to cell death in the immediate vicinity of the infection site, preventing further spread of the pathogen.

Two-week-old plants of dihaploid potato forms with varying levels of resistance to PVY were treated with an aqueous solution of sodium selenite, either foliar or soil-applied. These treatments were repeated twice at weekly intervals. After the growing season, the total selenium content was determined using atomic absorption spectrometry with atomization in a graphite cuvette (GFAAS) at the Laboratory of Environmental Instrumental Analysis at the Faculty of Biology, University of Warsaw. In the following year, the level of plant resistance was assessed in comparison to the presence of selenium in the tubers before planting. Under controlled conditions in climatic chambers, four-week-old potato plants were mechanically infected with potato virus Y. On the sixth day after inoculation, symptoms of necrosis were observed on inoculated leaves of selected plants. The level of virus accumulation in inoculated leaves and changes in the expression of the *EDSI* (Enhanced Disease Susceptibility 1) and *NRG1* (N-Requirement Gene 1) genes, associated with the necrotization response in plants with *R* genes, were assessed.

References:

Elizabeth A.H. Pilon-Smits (2015) Selenium in Plants, U. Lüttge, W. Beyschlag (eds.), Progress in Botany, Progress in Botany 76, DOI 10.1007/978-3-319-08807-5_4

Zmienność regionu 3'UTR w procesie infekcji wirusa nekrozy pomidora (ToTV) a efektywność przenoszenia

Marta Budziszewska, Barbara Wrzesińska-Krupa, Patryk Frąckowiak, Arnika Przybylska, Przemysław Wieczorek, Aleksandra Obrępańska-Stęplowska

Instytut Ochrony Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Poznań

m.budziszewska@iorpib.poznan.pl

Wirus nekrozy pomidora (Tomato torrado virus, ToTV) należy do rodzaju *Torradovirus*, jest patogenem roślin, który powoduje nekrozy na liściach i owocach pomidorów (*Solanum lycopersicum*). Genom wirusa składa się z dwóch jednoniciowych RNA o dodatniej polarności. W przypadku polskich izolatów zidentyfikowano istotną zmienność genetyczną w regionie 3' nieulegającym translacji (3'UTR) nici RNA1, przejawiającą się różnej długości delecjami (6-163 nt). Cecha ta jest unikalna na tle znanych wirusów roślinnych, dlatego też podjęto badania w celu wyjaśnienia jej znaczenia dla biologii wirusa, głównie w kontekście transmisji zarówno na drodze pasażu mechanicznego, jak i transmisji przez wektor wirusa, którym jest mączlik szklarniowy (*Trialeurodes vaporariorum*).

Bezpośrednim zadaniem było zweryfikowanie infekcyjności skróconych wariantów ToTV w stosunku do wariantu pełnej długości, określenie ich poziomu replikacji w komórce podczas infekcji ToTV w roślinach źródłowych oraz kolejno infekowanych, zarówno mechanicznie, jak i przez wektor owadzi, roślinach pomidora. Wykorzystując metody PCR w czasie rzeczywistym (RT-qPCR) i kropelkowy PCR (digital droplet PCR, ddPCR) określono bezwzględną akumulację RNA wirusa w roślinach oraz na sztyletach mączlików.

Na podstawie uzyskanych danych określono wydajność obydwu sposobów transmisji ToTV dla wszystkich badanych wariantów genetycznych. W rezultacie stwierdzono, że wszystkie warianty genetyczne są infekcyjne i powodują klasyczne objawy infekcji ToTV, nie powodując różnic w nasileniu objawów chorobowych. Dodatkowo potwierdzono, że warianty mogą być rozprzestrzeniane na kolejne rośliny zarówno mechanicznie, jak i przez wektor. Jednakże analizy akumulacji wirusowych RNA oparte o geny kodujące białka polimerazy wirusa RdRp oraz białka płaszczka CP wykazały różnice dla badanych wariantów w zależności od sposobu rozprzestrzeniania. Uzyskane wyniki sugerują, że heterogeniczność w 3'UTR RNA1 może wynikać ze sposobu przystosowania wirusa do warunków otoczenia tj. braku lub obecności wektora. Badania nad wirusem ToTV są kluczowe dla zrozumienia mechanizmów jego adaptacji i ewolucji oraz opracowania skutecznych strategii zarządzania chorobą w uprawach pomidorów.

Badania finansowane z Narodowego Centrum Nauki grant numer 2016/21/D/NZ9/02468.

Variability of the 3'UTR region in the infection process of Tomato torrado virus (ToTV) and transmission efficiency

Marta Budziszewska, Barbara Wrzesińska-Krupa, Patryk Frąckowiak, Arnika Przybylska, Przemysław Wiczorek, Aleksandra Obrępańska-Stęplowska

Institute of Plant Protection - National Research Institute, Department of Molecular Biology and Biotechnology, Poznań

m.budziszewska@iorpib.poznan.pl

Tomato torrado virus (ToTV) belongs to the genus *Torradovirus* and is a plant pathogen that causes severe necrosis on the leaves and fruits of tomatoes, *Solanum lycopersicum*. The genome of ToTV consists of two single-stranded positive-sense RNAs. It exhibits significant genetic variability, especially in the case of Polish isolates, in the 3' untranslated region (3'UTR) of RNA1, which manifests as deletions in various lengths (6 to 163 nt). This feature is unique among known plant viruses, prompting research to elucidate its significance for the virus's biology, particularly in the context of transmission through both mechanical passages and vector transmission by the greenhouse whitefly, *Trialeurodes vaporariorum*. The immediate goal was to verify the infectivity of shortened ToTV variants compared to the full-length variant, to determine their replication levels in cells during ToTV infection in source plants and subsequently infected tomato plants, both mechanically and via the insect vector. Using real-time PCR (RT-qPCR) and droplet digital PCR (ddPCR) methods, the absolute accumulation of viral RNA in plants and on the whiteflies' stylets was determined.

Based on the obtained data, the efficiency of both transmission methods for all studied genetic variants of ToTV was assessed. In the result we indicated that all genetic variants are infectious and cause the classic symptoms of ToTV infection, without differences in symptoms severity. Additionally, it was confirmed that the variants can be spread to subsequent plants both mechanically and by the vector. However, analyses of viral RNA accumulation based on genes encoding the viral polymerase protein RdRp and the coat protein CP revealed differences for the studied variants depending on the mode of transmission. The results suggest that heterogeneity in the 3'UTR RNA1 may result from the virus's adaptation to environmental conditions, i.e., the absence or presence of the vector.

Research on ToTV is crucial for understanding the mechanisms of its adaptation and evolution, as well as for developing effective disease management strategies in tomato crops.

The research was funded by the National Science Centre, grant number 2016/21/D/NZ9/02468.

Transkryptomika odpowiedzi nekrotycznej gospodarza podczas infekcji wirusa na przykładzie oddziaływań torradowirus-pomidor

Przemysław Wieczorek, Patryk Frąckowiak, Barbara Wrzesińska-Krupa, Aleksandra Obrępańska-Stęplowska

Instytut Ochrony Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Biologii Molekularnej i Biotechnologii

p.wieczorek@iorpib.poznan.pl

Odpowiedź nekrotyczna należy do najsilniejszych objawów choroby towarzyszących infekcji wirusowej i najczęściej kończy się zamieraniem porażonej rośliny. O ile lokalne nekrozy są wyrazem reakcji nadwrażliwości (HR, *hypersensitive response*) rośliny na atak patogenu, a tyle systemiczne nekrozy są efektem obecności wirusa w nowo zainfekowanych tkankach porażonej rośliny. Zakładamy, że pojawienie się nekroz jest wyrazem zmian w ekspresji określonych genów w odpowiedzi na obecność patogenu.

Celem przeprowadzonych badań było określenie zmian ekspresji genów pomidora zainfekowanego wirusem wywołującym nekrozy na tej roślinie. Wirus nekrozy pomidora (ToTV), należący do rodzaju *Torradovirus*, poraża *Solanum lycopersicum* i jest czynnikiem sprawczym choroby *torrado*, która wyraża się w postaci nekroz obejmujących liście i owoce porażonych pomidorów.

Zmiany ekspresji genów w roślinach zainfekowanych ToTV określano metodą RNA-Seq, a poziom akumulacji transkryptów był porównywany pomiędzy roślinami zainfekowanymi ToTV a roślinami kontrolnymi inokulowanymi buforem (mock). Z roślin (a) porażonych wirusem bezobjawowo, (b) z objawami choroby (nekrozy) oraz (c) typu mock izolowano całkowity RNA, a wzbogaconą frakcję mRNA sekwencjonowano w technologii Illumina (CeGaT, Niemcy). Wyniki NGS mapowano do sekwencji genomu referencyjnego pomidora SL3.0 (SolGenomics Network) i zidentyfikowano geny o różnicowej ekspresji (DEG). W obrębie roślin bezobjawowo porażonych ToTV zidentyfikowano 754 unikalne geny o podwyższonej ekspresji oraz 755, których ekspresja była obniżona. Natomiast w grupie roślin z nekrotycznymi objawami choroby, 435 oraz 447 unikalnych genów ulegało, odpowiednio, podwyższonej i obniżonej ekspresji. O ile geny o zmiennej ekspresji zidentyfikowane dla roślin porażonych wirusem wskazały na ogólne procesy odpowiedzi rośliny na obecność ToTV, o tyle analiza DEG pomiędzy roślinami porażonymi ToTV objawowo/bezobjawowo dałaby odpowiedź, które z nich są charakterystyczne dla odpowiedzi nekrotycznej. Dlatego, porównując zmiany ekspresji genów u roślin porażonych wirusem w sposób objawowy oraz bezobjawowy, zidentyfikowano 1085 DEG, przy czym 578 z nich uległo podwyższonej ekspresji, a dla 507 miało obniżony poziom transkrypcji. Ponadto, przeprowadzona analiza GO (*gene ontology*) oraz KEGG tej grupy porównawczej wykazała na szereg procesów biologicznych, funkcji molekularnych oraz szlaków metabolicznych, które podlegały istotnym zmianom w trakcie wystąpienia nekroz na pomidorze podczas infekcji ToTV.

Transcriptomics of the host necrotic response during viral infection: the example of torradovirus-tomato interactions

Przemysław Wieczorek, Patryk Frąckowiak, Barbara Wrześcińska-Krupa, Aleksandra Obrępańska-Stepłowska

Institute of Plant Protection - National Research Institute, Department of Molecular Biology and Biotechnology

p.wieczorek@iorpib.poznan.pl

The necrotic response is one of the most severe symptoms of viral diseases and often leads to the death of the infected plant. While local necrosis is an expression of the plant's hypersensitive response (HR) to pathogen invasion, systemic necrosis is the result of the presence of the virus in newly infected tissues of the affected plant. It is assumed that the appearance of necrosis is a direct effect of changes in the expression of specific genes in response to the presence of the pathogen. This study aimed to determine the changes in gene expression in tomatoes infected with the virus that causes necrosis in this plant.

Tomato torrado virus (ToTV), *Torradovirus* genus, infects *Solanum lycopersicum* and is responsible for the manifestation of torrado disease, which is characterized by necrosis of the leaves and fruits of infected tomatoes.

Changes in gene expression in ToTV-infected plants were determined by RNA-Seq, and the level of transcript accumulation (gene expression) was compared between ToTV-infected plants and mock-inoculated control. Total RNA was isolated from plants (a) infected with the virus without symptoms, (b) with symptoms of the disease (necrosis), and (c) of the mock type, and the enriched mRNA fraction was sequenced using Illumina technology (CeGaT, Germany). NGS reads were mapped to the reference tomato genome SL3.0 (SolGenomics Network) and differentially expressed genes (DEGs) were identified. In ToTV-infected plants not expressing disease symptoms, 754 unique genes were up-regulated and 755 were down-regulated. In contrast, in the group of plants with developed necrosis, 435 and 447 unique genes were up- and down-regulated, respectively. While the genes with altered expression identified for virus-infected plants indicated general plant response processes to the presence of ToTV, analysis of DEGs between symptomatic/asymptomatic ToTV-infected plants would provide an answer to which of them are characteristic of the necrotic response. Therefore, by comparing changes in gene expression in plants infected with the virus symptomatically and asymptotically, 1085 DEGs were identified, of which 578 were upregulated and 507 had a decreased level of transcription. In addition, GO (gene ontology) and KEGG analysis of this comparative group showed many biological processes, molecular functions, and metabolic pathways that underwent significant changes during the occurrence of necrosis on tomato during ToTV infection.

Sesja bakteriologiczna



Badania nad bakteryjnymi patogenami roślin z rodziny Pectobacteriaceae w Międzyuczelnianym Wydziale Biotechnologii UG i GUMed

Ewa Łojkowska

Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowe, Gdańsk

ewa.lojkowska@ug.edu.pl

Badania na bakteriami z rodziny *Pectobacteriaceae* powodującymi choroby ziemniaka, warzyw i roślin ozdobnych rozpoczęto w Gdańsku w 1994 r. W ciągu 30 lat istnienia *Zakładu Ochrony i Biotechnologii Roślin* przeprowadziliśmy szeroko zakrojoną charakterystykę fenotypową i genomową szeregu gatunków bakterii pektynolitycznych należących do tej rodziny. Równolegle, we współpracy z PIORiN, prowadziliśmy, monitoring bakterii pektynolitycznych występujących na plantacjach nasiennych ziemniaka w Polsce. Przeprowadziliśmy szczegółową charakterystykę fenotypową i genomową oraz opisaliśmy pangeny dwóch gatunków bakterii: *Dickeya solani* i *Pectobacterium parmentieri*. W ramach prowadzonych badań uczestniczyliśmy w ustanowieniu nowych gatunków bakterii z rodziny *Pectobacteriaceae*: *Dickeya solani* (2014), *Pectobacterium peruvienne* (2018), *Pectobacterium polonicum* (2019), *Pectobacterium maceratum* (2019), *Pectobacterium zantedeschiae* (2019) i *Pectobacterium punjabense* (2011). Prowadzone badania zaowocowały opracowaniem testów molekularnych, opartych o PCR i Multiplex PCR oraz sekwencjonowanie genów metabolizmu podstawowego, pozwalających na szybkie i efektywne wykrywanie i identyfikację pektynolitycznych patogenów roślin. Od kilkunastu lat, w posiadającym akredytację Polskiej Komisji Akredytacyjnej Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowym, wykonujemy zlecenia z zakresu wykrywania i identyfikacji bakterii pektynolitycznych w materiale nasiennym ziemniaka. Wraz z zespołem profesora Pawła Pohla z Politechniki Wrocławskiej opracowaliśmy innowacyjne, oparte o zastosowanie zimnej plazmy, metody ochrony roślin przed patogenami bakteryjnymi. Wyniki prowadzonych badań zostały przedstawione w postaci 12, w większości obronionych z wyróżnieniem, rozpraw doktorskich. Obecnie są realizowane 3 kolejne doktoraty. Czwooro pracowników Zakładu uzyskało stopnie doktora habilitowanego.

Research on bacterial plant pathogens from the Pectobacteriaceae family at the Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG & MUG

Ewa Łojkowska

*Intercollegiate Faculty of Biotechnology University of Gdansk & Medical University of Gdansk
Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Research and Development Laboratory, Gdańsk
ewa.lojkowska@ug.edu.pl*

Research on bacteria from the *Pectobacteriaceae* family causing diseases of potatoes, vegetables and ornamental plants began in Gdansk in 1994. Over the 30 years of existence of the Plant Protection and Biotechnology Laboratory, we have carried out extensive phenotypic and genomic characterization of a number of species of pectinolytic bacteria belonging to this family. We performed detailed phenotypic and genomic characterization and described the pangenomes of two bacterial species *Dickeya solani* and *Pectobacterium parmentieri*. As part of our research, we participated in the establishment of new species of bacteria from the *Pectobacteriaceae* family: *Dickeya solani* (2014), *Pectobacterium peruvienne* (2018), *Pectobacterium polonicum* (2019), *Pectobacterium maceratum* (2019), *Pectobacterium zantedeschiae* (2019) and *Pectobacterium punjabense* (2011). The conducted study resulted in the development of molecular tests, based on PCR and Multiplex PCR as well as sequencing of housekeeping genes, allowing for the quick and effective detection and identification of pectinolytic plant pathogens. For over a dozen years, in the Research and development Laboratory, which is accredited by the Polish Accreditation Commission, we have been carrying out orders to perform detection and identification of pectinolytic bacteria in seed potato samples. Together with the team of professor Paweł Pohl from the Wrocław University of Science and Technology, we have developed innovative methods of plant protection against bacterial pathogens based on the use of cold plasma. The results of the research conducted at Laboratory of Plant Protection and Biotechnology were presented in the form of 12 doctoral theses, most of them defended with distinction. Currently, three more doctorates are being pursued. Four employees of the Department obtained habilitated doctor degrees.

Poszukiwanie determinant wirulencji u fitopatogennych bakterii z gatunku *Dickeya solani*

Weronika Babińska-Wensierska^{1,2,3}, Agata Motyka-Pomagruk^{1,2}, George DiCenzo⁴, Alessio Mengoni⁵, Ewa Łojkowska^{1,2}

¹ Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

² Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowe, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

³ Pracownia Biochemii Fizycznej, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

⁴ Laboratorium Genetyki Mikrobiologicznej, Wydział Biologii, Uniwersytet we Florencji, Florencja

⁵ Wydział Biologii, Queen's University, Kanada

weronika.babinska-wensierska@ug.edu.pl

Bakterie z rodzaju *Dickeya* wywołują mokłą zgniliznę różnych upraw oraz czarną nóżkę ziemniaków. Szczepy *D. solani* są wysoce patogenne dzięki wydajnej produkcji liaz pektynianowych, szybkiemu przemieszczaniu się w tkance przewodzącej i efektywnej kolonizacji korzeni. Pomimo genetycznej jednorodności, różnice w wirulencji szczepów *D. solani* sugerują, że zmiany w ekspresji genów wpływają na ich patogenność. W tym badaniu przeanalizowaliśmy metylomy i transkryptomy dwóch szczepów *D. solani*: wirulentnego IFB0099 i nisko wirulentnego IFB0223, które różnią się zdolnością do maceracji tkanek roślinnych i produkcji czynników wirulencji.

Dane pozyskane z sekwencjonowania metodą PacBio nie wykazały istotnych różnic w wzorach metylacji DNA między szczepami, które mogłyby wyjaśnić zaobserwowaną różnicę w wirulencji. Analiza transkryptomyczna z zastosowaniem techniki RNA-Seq oraz podejścia bioinformatycznego wykazała, że geny kodujące składniki systemu sekrecyjnego typu II (ang. *type II secretion system*, T2SS) (*gspJ*, *nipE*) oraz trzy z genów kodujących endo-pektynazy (*pelD*, *pelE*, *pelL*) wykazywały wyższy poziom stymulacji ekspresji w warunkach indukcyjnych (w obecności kwasu poligalakturonowego) w przypadku szczepu IFB0099 w porównaniu do IFB0223, co może przyczynić się do jego zwiększonej wirulencji. Dodatkowo, zwiększona ekspresja genów kodujących białka budujące wici (*flgC*, *flgB*, *flgD*, *fliG*, *flgG*, *flgF*, *flhA*, *fliA*), co zaobserwowano dla szczepu IFB0099, może mieć wpływ na zwiększoną mobilność tego drobnoustroju.

Analiza transkryptomów dwóch szczepów *D. solani* pozwoliła zidentyfikować geny kandydujące jako cele do dalszych badań, w tym konstrukcji konkretnych mutantów delecyjnych, aby dokładnie zrozumieć udział wskazanych determinant w patogeniczności bakterii z rodziny *Pectobacteriaceae*.

Searching for virulence determinants in the phytopathogenic bacteria *Dickeya solani*

Weronika Babińska-Wensierska^{1,2,3}, Agata Motyka-Pomagruk^{1,2}, George DiCenzo⁴, Alessio Mengoni⁵, Ewa Łojkowska^{1,2}

¹ *Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Intercollegiate Faculty of Biotechnology, University of Gdańsk and Medical University of Gdańsk, Gdańsk*

² *Research and Development Laboratory, Intercollegiate Faculty of Biotechnology, University of Gdańsk and Medical University of Gdańsk, Gdańsk*

³ *Laboratory of Physical Biochemistry, Intercollegiate Faculty of Biotechnology, University of Gdańsk and Medical University of Gdańsk, Gdańsk*

⁴ *Laboratorio di Genetica Microbica, Department of Biology, University of Florence, Florence*

⁵ *Department of Biology, Queen's University, Canada*

veronika.babinska-wensierska@ug.edu.pl

Bacteria from the genus *Dickeya* cause soft rot on various crops and blackleg on potato plants. Notably, *D. solani* is highly pathogenic due to its efficient production of pectate lyases, rapid vascular movement and enhanced root colonization. Despite genetic homogeneity among *D. solani* strains, differences in their virulence suggest that variations in gene expression may have an impact on the overall pathogenic potential. This study examined the methylomes and transcriptomes of two *D. solani* strains, virulent IFB0099 and low virulent IFB0223, which differ in their ability to macerate plant tissues and produce virulence factors.

Sequencing data from PacBio technology revealed no significant differences in DNA methylation patterns between the studied strains, which might explain the observed variation in virulence. Transcriptomic analysis using RNA-Seq and bioinformatic tools showed that the genes encoding components of the secretion system II (T2SS) (*gspJ*, *nipE*) and three endo-pectate lyases (*pelD*, *pelE*, *pelL*) exhibited higher stimulation of expression under induced conditions (in the presence of polygalacturonic acid) in strain IFB0099 compared to IFB0223, which may be reasons for its increased virulence. Additionally, upregulation of genes encoding the proteins building up flagella in IFB0099 (*flgC*, *flgB*, *flgD*, *fliG*, *flgG*, *flgF*, *flhA*, *fliA*), in contrast to IFB0223, might result in the increased mobility of the highly virulent strain.

The transcriptome analysis of two *D. solani* strains allowed for identification of genes for further research, including construction of deletion mutants, aiming to understand their role in the pathogenicity of bacteria from the *Pectobacteriaceae* family.

Zastosowanie techniki MALDI-TOF MS ujawniło zmienność wewnątrzgatunkową u wysoce jednorodnego genetycznie fitopatogena z gatunku *Dickeya solani*

Agata Motyka-Pomagruk^{1,2}, Weronika Babińska-Wensierska^{1,2,3}, Wojciech Śledź^{1,2}, Anna-Karina Kaczorowska⁴, Ewa Łojkowska^{1,2}

¹ Uniwersytet Gdański, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Gdańsk

² Uniwersytet Gdański, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowe, Gdańsk

³ Uniwersytet Gdański, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, Pracownia Biochemii Fizycznej, Gdańsk

⁴ Uniwersytet Gdański, Wydział Biologii, Kolekcja Plazmidów i Drobnoustrojów (KPD)

agata.motyka-pomagruk@ug.edu.pl

Gatunek *Dickeya solani*, należący do rodziny *Pectobacteriaceae*, obejmuje pektynolityczne fitopatogenne nekrotrofy wywołujące mokrą zgniliznę i czarną nóżkę, głównie na ziemniaku. Pomimo faktu, że bakterie te zagrażają światowej produkcji ziemniaka, wciąż nie opracowano skutecznych metod kontroli ich występowania i rozprzestrzeniania się. Dotąd zsekwencjonowaliśmy 12 genomów *D. solani*, co umożliwiło zamknięcie pangenu dla tego gatunku, a także w efekcie prac z zakresu genomiki porównawczej przeprowadzonych na 22 genomach *D. solani*, zaraportowaliśmy wysoką homogeniczność genomyczną u tego gatunku [1].

W bieżących badaniach wykonaliśmy dogłębną charakterystykę fenotypową 20 szczepów *D. solani* różniących się pochodzeniem geograficznym i rokiem izolacji. Dwa z wyżej wspomnianych szczepów *D. solani*, tj. IFB0223 i IFB0455, wykazywały zmniejszoną zdolność do maceracji tkanek ziemniaka i cykorii, co zbiegło się z ich mniejszą aktywnością celulolityczną, niewytwarzaniem proteaz, zmniejszoną ruchliwością, mniej efektywną produkcją sideroforów i spowolnionym wzrostem w porównaniu do pozostałych izolatów. Co ciekawe, aktywność pektynaz u IFB0223 i IFB0455 była jedynie nieznacznie niższa niż u innych szczepów z tego gatunku. Co więcej, badanie filoproteomiczne obejmujące analizę 449 widm MALDI-TOF MS wygenerowanych dla 20 szczepów *D. solani* ujawniło pewne zróżnicowanie w badanej populacji. Nisko wirulentne szczepy IFB0223 i IFB0455 grupowały się razem w analizie filoproteomicznej, a topologia uzyskanego dendrogramu pokrywała się do pewnego stopnia z drzewem wygenerowanym na bazie genomu rdzeniowego. Ponadto, zaprezentowaliśmy cztery reprezentatywne widma MALDI-TOF MS dla gatunku *D. solani* [2].

Badanie bioróżnorodności u *D. solani* poszerzyło wiedzę na temat tego fitopatogena o wysokim znaczeniu gospodarczym i wskazało na większe zróżnicowanie wewnątrzgatunkowe w proteomach niż w genomach u szczepów z tego gatunku.

[1] Motyka-Pomagruk, A., Zoledowska, S., Misztak, A. E., Sledz, W., Mengoni, A., & Lojkowska, E. (2020). Comparative genomics and pangenome-oriented studies reveal high homogeneity of the agronomically relevant enterobacterial plant pathogen *Dickeya solani*. *BMC genomics*, 21, 1-18.

[2] Motyka-Pomagruk, A., Babinska-Wensierska, W., Sledz, W., Kaczorowska, A. K., & Lojkowska, E. (2023). Phyloproteomic study by MALDI-TOF MS in view of intraspecies variation in a significant homogenous phytopathogen *Dickeya solani*. *Scientific Reports*, 13(1), 18863.

Application of MALDI-TOF MS revealed intraspecies variation in highly homogeneous phytopathogen *Dickeya solani*

Agata Motyka-Pomagruk^{1,2}, Weronika Babińska-Wensierska^{1,2,3}, Wojciech Śledź^{1,2}, Anna-Karina Kaczorowska⁴, Ewa Łojkowska^{1,2}

¹ University of Gdansk, Intercollegiate Faculty of Biotechnology University of Gdansk and Medical University of Gdansk, Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Gdansk

² University of Gdansk, Intercollegiate Faculty of Biotechnology University of Gdansk and Medical University of Gdansk, Research & Development Laboratory, Gdansk

³ University of Gdansk, Intercollegiate Faculty of Biotechnology University of Gdansk and Medical University of Gdansk, Laboratory of Physical Biochemistry, Gdansk

⁴ University of Gdansk, Faculty of Biology, Collection of Plasmids and Microorganisms (KPD), Gdansk

agata.motyka-pomagruk@ug.edu.pl

Dickeya solani species, being a member of the *Pectobacteriaceae* family, encloses pectinolytic necrotrophic phytopathogens causing soft rot and blackleg diseases mostly on potatoes. Even though these bacteria threaten global potato production, there are still no effective methods to control their occurrence and spread. During our former studies, we sequenced 12 genomes of *D. solani* strains, which enabled us to close the pangenome of this species, besides stating high homogeneity in this species post examination of 22 *D. solani* genomes by comparative genomic tools [1].

In the current research, an in-depth phenotypic characterization of 20 *D. solani* strains of diverse origin and year of isolation was performed. Two of these *D. solani* strains, *i.e.* IFB0223 and IFB0455, showed decreased abilities to macerate potato and chicory tissues, which coincided with their lower cellulolytic activity, lack of proteases action, reduced motility, diminished siderophores production and impaired growth *in vitro* in contrast to the other *D. solani* strains. Interestingly, the pectinases activity of IFB0223 and IFB0455 was only minorly reduced. Moreover, phyloproteomic study including 449 MALDI-TOF MS spectra of 20 *D. solani* strains revealed some variation in the investigated population with the low virulent IFB0223 and IFB0455 clustering together. It is worth to mention that we noted some overlap in the topologies of phyloproteomic- and core genome-based dendrograms. In addition, we presented four representative MALDI-TOF MS spectra for *D. solani* species [2].

This large-scale insight into the biodiversity of *D. solani* adds to knowledge on this economically-significant phytopathogen and suggests higher intraspecies variation in the proteomes rather than genomes among *D. solani* strains.

[1] Motyka-Pomagruk, A., Zoledowska, S., Misztak, A. E., Sledz, W., Mengoni, A., & Lojkowska, E. (2020). Comparative genomics and pangenome-oriented studies reveal high homogeneity of the agronomically relevant enterobacterial plant pathogen *Dickeya solani*. *BMC genomics*, 21, 1-18.

[2] Motyka-Pomagruk, A., Babinska-Wensierska, W., Sledz, W., Kaczorowska, A. K., & Lojkowska, E. (2023). Phyloproteomic study by MALDI-TOF MS in view of intraspecies variation in a significant homogenous phytopathogen *Dickeya solani*. *Scientific Reports*, 13(1), 18863.

Czynniki warunkujące patogeniczność *Clavibacter sepedonicus* i *Ralstonia solanacearum* - kwarantannowych bakterii ziemniaka

Włodzimierz Przewodowski, Kamilla Sadowska, Monika Marciniak

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy Radzików, Zakład Nasiennictwa i Ochrony Ziemniaka, Oddział w Boninie, Bonin
w.przewodowski@ihar.edu.pl

Kwarantannowe bakterie *Clavibacter sepedonicus* (Cs) (Spickermann et Kotthoff) Davis et al i *Ralstonia solanacearum* (Rs) (Smith) Yabuuchi et al. (syn. *Pseudomonas solanacearum*; *Burkholderia solanacearum*), sprawcy odpowiednio bakteriozy pierścieniowej oraz brunatnej zgnilizny (śluzaka) ziemniaka, to jedne z najbardziej uciążliwych patogenów tej rośliny.

Specyfika obu bakterii powoduje, iż nie opracowano dotychczas skutecznego chemicznego ani biologicznego sposobu bezpośredniego zwalczania tych patogenów w tkance roślinnej. Są to bakterie całkowicie odmienne pod względem morfologii, jak również sposobu infekowania/porażania swoich żywicieli. Gram dodatnie bakterie *C. sepedonicus* są bardzo wyspecjalizowanym patogenem, dla którego głównym gospodarzem jest ziemniak (*Solanum tuberosum*). Z kolei, gram ujemne bakterie *R. solanacearum*, zdolne do infekowania ponad 200 gatunków roślin z 50 roślin botanicznych, występują jako kompleks składający się z wielu odrębnych genetycznie szczepów, powszechnie nazywanych kompleksem gatunkowym *R. solanacearum* (RSSC), złożonym z czterech filotypów, pięciu ras i sześciu biowarów.

Bakterie Cs i Rs posiadają szereg różnych czynników zjadliwości powodujących proces infekcji i objawy chorobowe roślin żywicielskich. Wśród poznanych dotychczas czynników wirulencji bakterii *C. sepedonicus* warto zwrócić uwagę m. in. na śluzę bakteryjną o kwaśnym charakterze i wielkości 1-10 MDa, enzym celulazę kodowany przez gen w natywnym plazmidzie pCS1 oraz toksyczny glikoproteid wyizolowany przez Strobela (1970). Ich skutkiem jest odpowiednio fizyczna okluzja komórek bakteryjnych na ściankach wiązek przewodzących prowadząca do zahamowania transpiracji i więdnienia roślin, degradacja tkanek wiązki naczyniowej poprzez wysokie powinowactwo w stosunku do fragmentów ścian i membran komórek gospodarza, jak również zaburzenia w przepuszczalności tych ścian.

Z kolei, do jednych z głównych czynników zjadliwości bakterii *R. solanacearum* odpowiedzialnych za objawy chorobowe, przyczyniających się do kolonizacji i zachowań infekcyjnych bakterii, są zewnątrzkomórkowe polisacharydy (EPS), enzymy degradujące ścianę komórkową (CWDE), ruchliwość komórek i zdolność tworzenia biofilmu.

Stopień nasilenia czynników wirulencji bakterii może być uzależniony od wielu niezależnych czynników, jak gatunek/odmiana infekowanej rośliny, jej podatność/odporność, warunki środowiskowe (temperatura, wilgotność, obecność innych mikroorganizmów i ich metabolitów), czy liczebność i zdolność komunikowania się bakterii w środowisku wynikająca m. in. ze zjawiska Quorum Sensing (QS) i wpływająca na stopień ekspresji tych czynników.

Poznanie i zdefiniowanie czynników warunkujących patogeniczność bakterii jest zarówno kluczem do zrozumienia sposobu ich rozprzestrzeniania się w środowisku, jak i sposobem do opracowania bardziej skutecznych metod ograniczania rozprzestrzeniania się i zwalczania tych patogenów.

Factors determining the pathogenicity of *Clavibacter sepedonicus* and *Ralstonia solanacearum* - quarantine bacteria of potato

Włodzimierz Przewodowski, Kamilla Sadowska and Monika Marciniak

Plant Breeding and Acclimatization Institute - National Research Institute, Department of Potato Protection and Seed Science. Bonin Division, Bonin
w.przewodowski@ihar.edu.pl

Quarantine bacteria *Clavibacter sepedonicus* (Cs) (Spickermann et Kotthoff) Davis et al. and *Ralstonia solanacearum* (Rs) (Smith) Yabuuchi et al. (syn. *Pseudomonas solanacearum*; *Burkholderia solanacearum*), the causes of ring rot of potato and potato brown rot, respectively, are among the most troublesome pathogens of this plant.

The specificity of both bacteria means that no effective chemical or biological method of directly combating these pathogens in plant tissue has been developed so far.

These bacteria are completely different in terms of morphology as well as the way they infect their hosts. Gram-positive *C. sepedonicus* bacteria are a very specialized pathogen for which the potato (*Solanum tuberosum*) is the main host. In turn, the gram-negative bacteria *R. solanacearum*, capable of infecting over 200 plant species from 50 botanicals, occurs as a complex consisting of many genetically distinct strains, commonly called the *R. solanacearum* species complex (RSSC) composed of four phlotypes, five races, and six biovars.

Cs and Rs bacteria have a number of different virulence factors that cause the infection process and disease symptoms of host plants. Among the virulence factors of *C. sepedonicus* bacteria known so far, it is worth paying attention to, among others, acidic bacterial mucus and size of 1-10 MDa, the cellulase enzyme encoded by a gene in the native plasmid pCS1 and a toxic glycoprotein isolated by Strobel (1970). The result of their presence is, respectively, physical occlusion of bacterial cells on the walls of the vascular bundles, leading to inhibition of transpiration and wilting of plants, degradation of the tissues of the vascular bundle through high affinity towards fragments of the walls and membranes of host cells, as well as disturbances in the permeability of these walls.

In turn, some of the main virulence factors of the *R. solanacearum* bacteria responsible for disease symptoms and contributing to the colonization and infectious behavior of the bacteria are extracellular polysaccharides (EPS), cell wall-degrading enzymes (CWDE), cell motility and the ability to form a biofilm.

The degree of severity of bacterial virulence factors may depend on many independent factors, such as the species/variety of the infected plant, its susceptibility/resistance, environmental conditions (temperature, humidity, presence of other microorganisms and their metabolites), or the number and ability of bacteria to communicate in the environment resulting from among others from the phenomenon of Quorum Sensing (QS) and influencing the degree of expression of these factors.

Understanding and defining the factors that determine the pathogenicity of bacteria is both the key to understanding how they spread in the environment and a way to develop more effective methods of limiting the spread and eradicating these pathogens.

Glikoalkaloidy z *Solanum* spp. wpływają na czynniki wirulencji u *Dickeya solani* i *Pectobacterium brasiliense* sp. nov.

Anna Grupa-Urbańska, Renata Lebecka, Dorota Sołtys-Kalina

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Młochów

a.grupa@ihar.edu.pl

Patogeny bakteryjne roślin stanowią poważne zagrożenie dla globalnego bezpieczeństwa żywnościowego. W szczególności *Dickeya solani* i *Pectobacterium brasiliense* z rodziny Pectobacteriaceae odpowiadają za znaczne roczne straty plonów w uprawach takich jak ziemniak (*Solanum tuberosum* L.).

Badanie dotyczyło wpływu glikoalkaloidów (GA) ekstrahowanych z liści różnych form ziemniaka (*Solanum* sp.) na wzrost, żywotność, aktywność pektynolityczną bakterii, tworzenie biofilmu oraz ekspresję genów regulujących mechanizm umożliwiający komunikację między komórkami bakterii (Quorum sensing, QS). Wykazano, że GA działają bakteriobójczo i bakteriostatycznie na *Dickeya solani* i *Pectobacterium brasiliense* oraz hamują aktywność pektynolityczną i tworzenie biofilmu. GA z *Solanum chacoense* oraz odmiany Tajfun najsilniej hamowały ekspresję genów QS, szczególnie geny *expI*, *expR* oraz geny modulujące czynniki wirulencji (Virulence factor modulating, Vfm). GA z diploidalnego mieszańca *Solanum* spp. DG 00-683 wykazały najsilniejszy efekt hamujący na tworzenie biofilmu. Dodatkowo, bulwy odmiany Tajfun poddane procesowi zielenienia, który jednocześnie zwiększa zawartość GA w bulwach, istotnie redukuje macerację bulw po inokulacji bakteriami. Wyniki badań wskazują na potencjał GA jako naturalnych modulatorów wirulencji bakterii.

Glycoalkaloids from *Solanum* spp. modify virulence factors in *Dickeya solani* and *Pectobacterium brasiliense* sp. nov.

Anna Grupa-Urbańska, Renata Lebecka, Dorota Sołtys-Kalina

Plant Breeding and Acclimatization Institute - National Research Institute, Młochów

a.grupa@ihar.edu.pl

Plant bacterial pathogens pose a significant threat to global food security. Specifically, *Dickeya solani* (Ds) and *Pectobacterium brasiliense* (Pcb), which belong to the Pectobacteriaceae family, are responsible for substantial annual yield losses in major crops such as potato (*Solanum tuberosum* L.). For disease management strategies, understanding the interaction between plant-derived molecules and bacterial virulence mechanisms is critical. This study investigated the effects of glycoalkaloids (GAs) extracted from the leaves of various potato (*Solanum* sp.) forms, on bacterial growth, viability, pectinolytic activity, biofilm formation, and quorum-sensing (QS) gene expression. *In vitro* tests revealed that GAs significantly decreased bacterial multiplication factors, increased cell death, and inhibited pectinolytic activity and biofilm formation in *Dickeya solani* and *Pectobacterium brasiliense*. GAs from *Solanum chacoense* and cv. Tajfun significantly inhibited QS-regulated gene expression, specifically targeting the *expI*, *expR*, and Virulence factor modulating (Vfm) QS genes. GAs from the hybrid DG 00-683 exerted the strongest inhibitory effect on biofilm formation. In addition, the greening of tubers cv. Tajfun, a process that increases the GA concentration, resulted in a significant reduction in tuber maceration after inoculation with bacteria, confirming the substantial effect of GAs on pectinolytic bacteria.

Bakteryjne patogeny będące zagrożeniem dla polskich upraw ziemniaka

Katarzyna Sadowska, Weronika Zenelt, Anna Hoffmann, Krzysztof Krawczyk

Instytut Ochrony Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Poznań, Zakład Wirusologii i Bakteriologii, Pracownia Kliniki Chorób Roślin i Bank Patogenów, Poznań

k.sadowska@iorpib.poznan.pl

W celu zapewnienia bezpieczeństwa upraw i ekosystemów w Polsce oraz Unii Europejskiej, niezbędne jest opracowanie nowych lub aktualizacja istniejących procedur oceny ryzyka związanego z agrofagami. Potencjalne zagrożenie dla upraw w Polsce może pochodzić od bakterii *Candidatus*, które mogą rozprzestrzeniać się i kolonizować nowe obszary zarówno poprzez naturalne procesy migracyjne (w tym wektory owadzie), jak i za pośrednictwem działalności człowieka. Na skutek zmian klimatycznych (wzrostu temperatury) w wielu przypadkach wzrasta ryzyko zasiedlenia i rozprzestrzenienia się agrofagów na obszarze Polski.

Przeanalizowano 4 gatunki porażające uprawy ziemniaka i stanowiące potencjalne zagrożenie fitosanitarne dla Polski: *Candidatus Liberibacter solanacearum*, *Candidatus Arsenophonus phytopathogenicus*, *Candidatus Phytoplasma solani* i *Candidatus Phytoplasma fraxini*.

Ca. L. solanacearum jest sprawcą choroby bulw ziemniaka zwanej „zebrowatością chipsów”. Występowanie tego agrofaga potwierdzono w kilku krajach europejskich na marchwi i selerze oraz na ziemniakach w przechowalniach na terenie Hiszpanii. Na terenie UE patogen jest regulowanym agrofagiem niekwarantannowym (RAN) na sadzeniakach ziemniaka.

Ca. A. phytopathogenicus znajdował się na liście alertowej EPPO od 2012 do 2016 roku, obecnie został z niej skreślony ze względu na brak nowych doniesień o jego występowaniu. Agrofag powoduje chorobę buraków cukrowych i ziemniaka. Charakterystycznymi objawami są żółknące liście, więdnienie i gumowatość bulw. Chorobę po raz pierwszy wykryto w 1991 roku we Francji, a w następnych latach na Węgrzech, w Niemczech i Szwajcarii.

Ca. P. solani został już wykryty w Polsce pod koniec lat dziewięćdziesiątych ubiegłego wieku. Od roku 2019 agrofag ma status RAN - podlega regulacjom. Obecnie występowanie patogenu odnotowano w większości krajów UE. Na terenie Polski objawy choroby powodowanej przez *Ca. P. solani* występują sporadycznie, ale potencjał chorobotwórczy tego patogenu jest znaczący, co może prowadzić do zwiększenia strat ekonomicznych w przyszłości.

Ca. P. fraxini powoduje objawy zwijania się i żółknięcia liści, z często pojawiającym się na nich fioletowym marginesem. Charakterystyczny jest nadmierny wzrost pędu oraz występowanie nienaturalnie długich lub krótkich międzywęźli. Obecnie występuje w Europie na terenie Włoch i od 2021 roku znajduje się na liście A1 jako organizm kwarantannowy.

Podstawowym środkiem fitosanitarnym jest kontrola materiału roślinnego importowanego z obszarów, gdzie patogen występuje, regularne kontrole upraw w celu szybkiego wykrycia objawów choroby i monitoring wektorów. Do tego konieczna jest wymiana informacji i doświadczeń z innymi krajami w celu opracowania skutecznych strategii zarządzania ryzykiem.

Całkowite wyeliminowanie bakterii patogennych dla roślin, ze środowiska jest praktycznie niemożliwe. Dlatego strategię zarządzania ryzykiem powinny skupiać się na ograniczaniu jego rozprzestrzeniania i minimalizowaniu strat ekonomicznych w uprawach.

Bacterial pathogens and their potential threat to potato cultivation in Poland

Katarzyna Sadowska, Weronika Zenelt, Anna Hoffmann, Krzysztof Krawczyk

Institute of Plant Protection - National Research Institute, Poznan, Department of Virology and Bacteriology, Laboratory of the Plant Diseases Clinic and Pathogen Bank, Poznan

k.sadowska@iorpib.poznan.pl

To ensure the safety of crops and ecosystems in Poland and the European Union, it is essential to develop new or update existing risk assessment procedures related to plant pests. Potential threats to crops in Poland may originate from *Candidatus* bacteria, which can spread and colonize new areas through both natural migration processes (including insect vectors) and human activities. Due to climate change (temperature increase), the risk of pest establishment and spread in Poland is increasing in many cases.

Four species affecting potato crops and posing potential phytosanitary threats to Poland were analyzed: *Candidatus* Liberibacter solanacearum, *Candidatus* Arsenophonus phytopathogenicus, *Candidatus* Phytoplasma solani, and *Candidatus* Phytoplasma fraxini.

Ca. L. solanacearum is the causative agent of potato tuber disease known as "zebra chip." The presence of this pest has been confirmed in several European countries on carrots and celery, and on potatoes in storage facilities in Spain. Within the EU, the pathogen is regulated as a non-quarantine pest (RNQP) for potato seed tubers.

Ca. A. phytopathogenicus was on the EPPO Alert List from 2012 to 2016 but has since been removed due to a lack of new reports of its occurrence. The pest causes disease in sugar beets and potatoes. Characteristic symptoms include yellowing leaves, wilting, and tuber gummosis. The disease was first detected in France in 1991, and subsequently in Hungary, Germany, and Switzerland.

Ca. P. solani was detected in Poland in the late 1990s. Since 2019, the pest has had RNQP status and is subject to regulations. Currently, the pathogen's presence has been reported in most EU countries. In Poland, symptoms of the disease caused by *Ca. P. solani* occur sporadically, but the pathogenic potential of this organism is significant, which may lead to increased economic losses in the future.

Ca. P. fraxini causes symptoms of leaf curling and yellowing, often with a purple margin appearing on the leaves. Excessive shoot growth and the occurrence of abnormally long or short internodes are characteristic. It is currently present in Europe in Italy and has been on the A1 list as a quarantine organism since 2021.

The primary phytosanitary measure is the inspection of plant material imported from areas where the pathogen is present, regular crop inspections for early detection of disease symptoms, and vector monitoring. Additionally, exchange of information and experiences with other countries is necessary to develop effective risk management strategies. Complete elimination of the pathogen from the natural environment is practically impossible. Therefore, risk management strategies should focus on limiting its spread and minimizing economic losses in crops.

Sesja mykologiczna



Rzodkiew oleista jako źródło odporności na kilę kapusty

Małgorzata Jędrzycka, Noor Ramzi, Joanna Kaczmarek

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań
mjed@igr.poznan.pl

Kiła kapusty powodowana przez *Plasmodiophora brassicae* powoduje wielkie straty w uprawie rzepaku w Polsce i na świecie. Przyczyną choroby są pierwotniaki należące do infrakrólestwa Rhizaria, w obrębie supergrupy SAR. W gromadzie pasożytów roślin Photomyxea, występuje rząd Plasmodiophorida (plazmodioforowce), w którego skład wchodzi rodzina Plasmodiophoridae. Organizmy te występują w glebie i słodkiej wodzie.

Początkowo kiła kapusty występowała w dużym nasileniu głównie na warzywach kapustowatych jednak od czasu bardzo intensywnej uprawy rzepaku i częstego występowania w płodozmianie nasilenie choroby na rzepaku jest bardzo duże. Patogen występuje w glebie i trudno go zwalczyć przy pomocy metod chemicznych. Jedną z niewielu skutecznych metod jest wprowadzenie odporności genetycznej. Celem badań było poszukiwanie odporności na kilę kapusty wśród odmian i form rzodkwi oleistej (*Raphanus sativus* L.) to roślina obecnie stosunkowo rzadko spotykana na polach, uprawiana samodzielnie oraz w mieszankach; jest szczególnie ceniona jako przedplon lub międzyplon.

Niniejsze badania przeprowadzono na 312 formach rzodkwi, traktując pięciodniowe siewki zawieszoną zarodników *P. brassicae* w stężeniu 1×10^7 na 1 ml, przy czym każda siewka traktowana była dawką o objętości 2 ml zawiesiny zarodników. Do inokulacji zastosowano patotypy P1 i P3 oznaczone wg. systemu francuskiego (Somé) i progu szkodliwości 25%. Rozmnożenie materiału infekcyjnego trwało 8 tygodni i przeprowadzono je na rzepiku *B. rapa* odmiana 'Granaat'. Testy inokulacyjne trwały 6 tygodni. Ocenę odporności wykonano w skali 0-4, gdzie 0 oznacza rośliny zdrowe, 1 – rośliny z bardzo słabo rozwiniętym systemem korzeniowym lub śladową liczbą bardzo drobnych guzów na korzeniach, 2 – rośliny z drobnymi naroślami na korzeniach, 3 – oznacza rośliny z systemem korzeniowym częściowo przekształconym w wyrośla, natomiast 4 – rośliny z korzeniami całkowicie przekształconymi w wyrośla.

Stwierdzono, że aż 91,2% genotypów cechowało się całkowitą odpornością na porażenie przez *P. brassicae* a 7% form było średnio odpornych (indeks chorobowy poniżej 2,0), tylko 4 formy rzodkwi (1,2%) były średnio podatne na porażenie (indeks chorobowy pomiędzy 2,1 a 3,0), a 2 formy rzodkwi (0,6%) ulegały silnemu porażeniu (indeks chorobowy 3,1 do 4,0). Polskie odmiany rzodkwi Romesa, Rolsema, Roltera, Rol 400 i Płużna rzadko ulegały porażeniu przez *P. brassicae*. W drugiej serii doświadczeń do badań wytypowano odmiany rzodkwi oleistej Romesa i Rolsema. Do testów inokulacyjnych zastosowano 13 izolatów zebranych w 2024 roku w różnych regionach Polski i należących do różnych patotypów *P. brassicae*. W zależności od użytego izolatu porażenie odmiany Romesa wahało się od 0 do 1,5, a Rolsema od 0 do 0,3 co dodatkowo potwierdza wszechstronną odporność tych odmian.

Badania innych autorów wskazują także na inne wartości fitosanitarne rzodkwi oraz poprawę struktury gleby poprzez zmniejszenie jej zwięzłości, znaczny plon biomasy, umożliwiający zastosowanie rzodkwi jako nawóz organiczny i mulcz, a także cenne właściwości miododajne. Wskazane jest zatem wprowadzenie rzodkwi oleistej jako rośliny zwiększającej różnorodność biologiczną a jednocześnie służącej zwiększeniu dochodowości gospodarstw i przywracającej dobrostan środowiska glebowego.

Badania prowadzono korzystając ze wsparcia finansowego MRiRW w programie Postęp Biologiczny oraz ARiMR w ramach Programu Rozwoju Obszarów Wiejskich „Współpraca”.

***Raphanus sativus* – the source of resistance to clubroot**

Małgorzata Jędrzycka, Noor Ramzi, Joanna Kaczmarek

Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Poznań
mjed@igr.poznan.pl

Clubroot caused by *Plasmodiophora brassicae* causes severe yield losses in the cultivation of oilseed rape in Poland and worldwide. The disease is caused by a protist belonging to the infrakingdom Rhizaria, within the SAR supergroup. The family Plasmodiophoridae belongs to the order Plasmodiophorida (plasmodiophorids) within the phylum Photomyxea, which is the group of microorganisms occurring in soil and fresh water.

Initially, clubroot was found mainly in brassica vegetables, but since a very intensive cultivation of oilseed rape and its frequent occurrence in crop rotation, the severity of the disease in oilseed rape has become high. The pathogen occurs in the soil and it is difficult to reduce with chemical methods. One of the few effective methods of plant protection is the introduction of genetic resistance. The aim of study was to search for resistance to clubroot among various cultivars and forms of oil radish (*Raphanus sativus* L.). This crop plant is currently relatively rarely grown; it is particularly valuable as a forecrop or catch crop and it can be grown alone or in mixtures.

The research was carried out using 312 forms of radish, by treating five-day-old seedlings with a spore suspension of *P. brassicae* at a concentration of 1×10^7 per 1 ml. Each seedling was treated with a dose of 2 ml of spore suspension per plant. Pathotypes P1 and P3 marked according to the French system by Somé were used for the inoculation. The study used a threshold of 25% of infected plants. The propagation of the infectious material lasted 8 weeks and was carried out with turnip rape *B. rapa* cultivar 'Granaat'. Inoculation tests lasted 6 weeks. Resistance was assessed according to the scale 0-4, where 0 means healthy plants, 1 - plants with a very poorly developed root system or a trace number of very small galls on roots, 2 - plants with small galls on roots, 3 - plants with a root system partially transformed into galls, while 4 - plants with roots completely transformed to clubs.

As many as 91.2% of the studied genotypes were completely resistant to infection caused by *P. brassicae* and 7% of the forms were moderately resistant (disease index below 2.0), only 4 forms of radish (1.2%) were moderately susceptible to the infection (disease index between 2.1 and 3.0), and 2 forms of radish (0.6%) were severely infected (disease index 3.1 to 4.0). Polish radish cultivars Romesa, Rolsema, Roltera, Rol 400 and Płużna were rarely infected by *P. brassicae*. In the second series of experiments, oil radish cultivars Romesa and Rolsema were tested using 13 isolates collected in 2024 in various regions of Poland. The isolates used for inoculation tests belonged to different pathotypes of *P. brassicae*. Depending on the isolate used, the infection rate of cv. Romesa ranged from 0 to 1.5, and that of cv. Rolsema ranged between 0 and 0.3, which further proves the high and robust resistance of oil radish.

Research by other authors also indicates high phytosanitary values of radish and improving the soil structure by reducing its compactness, significant yield of biomass, enabling the use of radish as organic fertilizer and mulch, as well as valuable honey-producing properties. It is therefore advisable to introduce oil radish as a plant that increases biodiversity and at the same time serves to improve the profitability of farms and restore the health of the soil environment.

The studies were supported by the Ministry of Agriculture and Rural Development in the programme Biological Progress and the Agency of Restructuring and Modernisation of Agriculture in the Programme of Rural Areas Development "Cooperation".

Geny uaktywniane w odpowiedzi na porażenie grochu (*Pisum sativum* L.) chorobotwórczym grzybem *Didymella pinodes* wywołującym askochytozę

Magdalena Gawłowska, Pankaj Kumar, Wojciech Świącicki, Grzegorz Koczyk, Witold Irzykowski, Joanna Kaczmarek, Małgorzata Jędrzycka

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań
mgaw@igr.poznan.pl

Groch (*Pisum sativum* L.) jest rośliną strączkową, o wysokiej zawartości białka w nasionach (30%), większej niż u ciecierzycy (do 29%) i soczewicy (do 29%). Białko grochu jest łatwo strawne, o niskiej alergiczności i niskiej zawartości glutenu. Groch, jak wszystkie rośliny strączkowe, ma zdolność w interakcji z bakteriami symbiotycznymi do wiązania azotu atmosferycznego. Problemem w uprawie grochu są atakujące go choroby. Wśród nich, jedną z poważniejszych jest askochytoza wywołwana przez grzyby: *Didymella pisi*, *Didymella pinodella*, *Didymella pinodes*, *Didymella glomerata*, *Phoma herbarum* i *Ascochyta koolunga*. Celem badań była identyfikacja genów, uaktywnianych w roślinie podczas ich porażenia izolatem *Didymella pinodes*.

Doświadczenie prowadzono w warunkach kontrolowanych. Zainokulowano 36 linii grochu (z Polskiego Banku Genów Grochu w Wiatrowie oraz Stacji Hodowli w Szelejewie) izolatem PIN-03 *Didymella pinodes*. Do analiz RNAseq wybrano linie o opisanej małej i wysokiej podatności na porażenie patogenem na 24h po inokulacji. Przygotowano bibliotekę TruSeq mRNA stranded. Sekwencjonowanie wykonano przy zastosowaniu aparatu NovaSeq6000 w konfiguracji 2x150bp, 40M odczytów. Surowe dane odniesiono do referencyjnej sekwencji genomu grochu. Wyznaczono geny ulegające różnicowej ekspresji w odpowiedzi na porażenie (DEGs) i wykonano analizy wzbogacenia zestawów genów w oparciu o adnotacje funkcjonalne termami GeneOntology oraz KEGG/PATHWAY, które pozwoliły na identyfikację i charakterystykę funkcjonalną zbiorów genów o istotnie różnej ekspresji w odpowiedzi na inokulacje u wrażliwych/odpornych linii. Ekspresję weryfikowano w oparciu o potwierdzenie reakcją qPCR w trzech punktach czasowych (4h, 24h i 8 dni po inokulacji).

W pierwszym doświadczeniu do linii najmniej porażonych należały: P665, Perfect Freezer, Wt401, Sun Valley i Nemo, a do najsilniej porażonych: Lamm 30, DS19162, Frazer i WBH 578. Średni poziom porażenia wyniósł 1.9, w skali 0-5. W kolejnym roku do linii najmniej porażonych ponownie należała linia Wt401 (średni poziom porażenia 2.5). Analizy transkryptomyczne w oparciu o narzędzia RSEM, StringTie i Kallisto wskazały zbiory odpowiednio 611 genów o ekspresji istotnie wyższej w odpowiedzi na inokulację roślin odpornych oraz 460 genów ulegających niższej ekspresji. Uzyskanym transkryptomom przypisano funkcje w oparciu o porównania z bazami danych UniProt/SwissProt i RefSeq/Plants oraz mapowanie na zbiory eukariotycznych/roślinnych ortologów zgromadzone w bazie eggNOG.

W analizie transkryptomicznej wskazano sekwencje o największej różnicy ekspresji pomiędzy liniami podatnymi i mniej podatnymi na porażenie, w odpowiedzi na inokulację. Weryfikowano przypisanie funkcji wybranym sekwencjom kandydackim. Określono ich potencjalny udział w różnych szlakach metabolicznych m.in.: biosyntezy kutyny, interakcji roślina-patogen, transdukcji sygnału hormonalnego w roślinie. Testy wzbogacenia zbiorów genów wskazały, że wśród sekwencji najsilniej aktywowanych 24h po inokulacji dominowały kategorie funkcjonalne związane z m.in. fotosyntezą, wiązaniem węgla, biosyntezą kutyny, biosyntezą hormonów oraz odpowiedzią na bodźce w tym na drodze szlaku jasmonowego. Metodą qPCR przeanalizowano poziom ekspresji wybranych genów, wskazanych przez analizę RNAseq, jako zaangażowane w mechanizm odporności w przebiegu askochytozy.

Badania finansowane z projektu MRiRW PB21 „Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin”

Genes involved in pea (*Pisum sativum* L.) response to ascochyta blight caused by *Didymella pinodes*

Magdalena Gawłowska, Pankaj Kumar, Wojciech Świącicki, Grzegorz Koczyk, Witold Irzykowski, Joanna Kaczmarek, Małgorzata Jędryczka

Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Poznań
mgaw@igr.poznan.pl

Pea (*Pisum sativum* L.) is the legume crop with a high seed protein content (up to 30%), higher than for chickpea (up to 29%) and lentil (up to 29%). Pea protein is easily digestible, with low allergenicity and gluten content. Pea, like other legumes, has the ability, together with symbiotic bacteria, to fix atmospheric nitrogen. The diseases is the one of the main problem in pea cultivation. One of the most serious is ascochyta blight. It is caused by six species of fungi: *Didymella pisi*, *Didymella pinodella*, *Didymella pinodes*, *Didymella glomerata*, *Phoma herbarum* and *Ascochyta koolunga*. The aim of the study was the identification of genes activated in the plant during the ascochyta resistance mechanism.

The experiment was conducted under controlled conditions. Thirty-six pea genotypes were inoculated with the PIN-03 *Didymella pinodes* isolate. Lines with lower and highest susceptibility to ascochyta were selected for RNAseq analysis (24h after inoculation). A TruSeq mRNA stranded library was prepared. Sequencing was performed using a NovaSeq6000 instrument in a 2x150bp, 40M read configuration. Raw data were mapped to the reference pea genome sequence. Genes with differential expression in response to parasitism (DEGs) were determined and enrichment analyses of gene sets based on functional annotation with GeneOntology and KEGG/PATHWAY terms were performed, which allowed the identification and functional characterisation of gene sets with significantly different expression in response to inoculation in susceptible/resistant lines. Expression was verified by qPCR reaction at three time points (4h, 24h and 8 days after inoculation).

In the first experiment, the least infected lines (8 days after inoculation) included P665, Perfect Freezer, Wt401, Sun Valley and Nemo. The most infected lines were Lamm 30, DS19162, Frazer and WBH 578, with an average infestation level of 1.9, on a scale of 0-5. In the following year, the least infected line again was Wt401. The average infestation level was 2.5. Transcriptomic analyses based on RSEM, StringTie and Kallisto tools indicated sets of 611 genes with significantly higher expression in response to inoculation of resistant plants and 460 genes undergoing lower expression, respectively. The resulting transcripts were assigned a function based on comparisons with the UniProt/SwissProt and RefSeq/Plants databases and mapping to the eukaryotic/plant orthologue sets collected in the eggNOG database.

Sequences with the greatest difference in expression between susceptible and less susceptible lines were identified in response to the inoculation. The functional assignments of the selected candidate sequences were curated manually. In particular, we analysed their potential involvement in various metabolic pathways and biological processes such as cutin biosynthesis, plant-pathogen interaction plant hormone signal transduction. Gene set enrichment tests indicated that the most strongly activated sequences 24h after inoculation were dominated by functional categories associated with, among others, photosynthesis, carbon fixation, cutin biosynthesis, hormone biosynthesis and response to stimuli including the jasmonate pathway. The expression levels of selected genes, identified by RNAseq analysis as involved in the mechanism of resistance during ascochyta blight, were analysed by qPCR.

Research was funded by the Polish Ministry of Agriculture and Rural Development project PB21 "Identification of genes associated with pea resistance to ascochyta blight and its impact on plant photosynthetic efficiency"

Ocena efektywności wchłaniania i procesowania syntetycznych dwuniciowych RNA przez grzyby endofityczne pszenicy

Sylwia Salamon¹, Elena Baraldi², Francesca Negrini², Milan Karas², Lidia Błaszczuk¹, Piotr Banachewicz¹, Polina Havrysh¹

¹ Instytut Genetyki Roślin, Polska Akademia Nauk, Poznań

² Uniwersytet Boloński, Wydział Rolnictwa i Nauk o Żywności DISTAL, Włochy

ssal@igr.poznan.pl

Interferencja RNA (RNAi) to regulacyjny mechanizm polegający na specyficznym wyciszaniu genów przez małe cząsteczki RNA (sRNA, dsRNA), który jest konserwatywny u większości Eukariontów. Ostatnie doniesienia naukowe donoszą o nowym mechanizmie komunikacji roślin i grzybów jakim jest dwukierunkowa RNAi pomiędzy królestwami. Pochodzące od roślin małe RNA mogą być pobierane przez grzyby patogeniczne, co prowadzi do supresji genów wirulencji, a przeciwnie, pochodzące od grzybów sRNA mogą hamować geny odporności roślin. Co więcej, ten rodzaj komunikacji jest również obserwowany podczas korzystnych interakcji między roślinami, a grzybami. Dzięki wykorzystaniu mechanizmów regulacyjnych RNAi i międzygatunkowego transportu sRNA opracowano innowacyjne podejście ochrony roślin przed patogennymi grzybami i owadami, zwane wyciszaniem genów indukowanym opryskiem (ang. spray-induced gene silencing, SIGS). Specyficzne sRNA lub dsRNA mogą być stosowane egzogenicznie poprzez opryskiwanie powierzchni rośliny. Niemniej jednak, efektywność absorpcji dsRNA różni się w zależności od gatunku grzyba. Technologie oparte na RNAi mają ogromny potencjał, aby stać się przyjazną dla środowiska, konsumentów i owadów zapylających alternatywą dla chemicznych pestycydów. Jednak społeczności grzybów kolonizujące endosferę gospodarza mogą być potencjalnie narażone na stosowane dsRNA. Brak równowagi konsorcjów grzybowych współistniejących z rośliną żywicielską może skutkować zwiększoną podatnością na inne patogeny. Pomimo tego, endogenne grzyby nie były dotychczas brane pod uwagę w ocenie ryzyka SIGS. Pszenica jest jednym z najczęściej uprawianych zbóż i jest kluczowa dla utrzymania globalnego bezpieczeństwa żywnościowego. Aby ograniczyć straty ekonomiczne i zminimalizować akumulację mykotoksyn w ziarnie, bardzo potrzebne są nowe, przyjazne dla środowiska strategie kontroli pszenicy przed grzybami chorobotwórczymi.

Badanie miało na celu ocenę efektywności pobierania i przetwarzania niekodujących dsRNA przez grzyby endofityczne pszenicy: *Auerobasidium pullulans*, *Sarocladium strictum*, *Sarocladium spinificis*, *Anthracoystis flocculosa*, *Penicillium olsonii* i *Trichoderma viride*. Zaprojektowano, zsyntetyzowano i przetestowano cząsteczki dsRNA celujące w geny podjednostki B dehydrogenazy bursztynianowej (*SDHB*), czynnika elongacji 2 (*ef2*) oraz 14 α -demetylasy sterolowej (*CYP51*). Zdobyta wiedza przyczyni się do rozwoju technologii SIGS w ochronie roślin pszenicy.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki (projekt nr 2023/07/X/NZ9/00844).

Evaluation of the efficiency of uptake and processing of synthetic double-stranded RNA by wheat endophytic fungi

Sylwia Salamon¹, Elena Baraldi², Francesca Negrini², Milan Karas², Lidia Błaszczyk¹, Piotr Banachewicz¹, Polina Havrysh¹

¹ *Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Poznań*

² *University of Bologna, Department of Agricultural and Food Sciences DISTAL, Italy*

ssal@igr.poznan.pl

RNA interference (RNAi) is a regulatory mechanism of sequence-specific gene silencing, conserved in most Eukaryotes. Recently, the phenomenon of bidirectional cross-kingdom RNAi – a novel communication mechanism between plants and fungi was observed. Plants-derived small RNAs (sRNAs) can be up-taken by fungal pathogens, leading to the suppression of virulence genes, and contrary, fungus-derived sRNAs could inhibit plant immunity genes. Furthermore, this type of communication is also observed during beneficial plant-fungi interactions. Through exploitation of the RNAi regulatory machinery and sRNA cross-kingdom trafficking, the innovative approach of plant protection against pathogenic fungi and insects strategy, named spray-induced gene silencing (SIGS), was developed. Specific sRNAs or dsRNAs can be applied exogenously by spraying the plant's surface. Nevertheless, the uptake efficiency of environmental dsRNA varies among fungal species. RNAi-based technologies have a great potential to be an environment-, consumer- and pollinator-friendly alternative to chemical pesticides. However, the fungi colonizing the host endosphere can be potentially affected by applied dsRNAs. An imbalance of fungal consortia coexisting with the host plant could increase susceptibility to various pathogens. Despite that, the endogenous fungi have not been considered to date in SIGS risk assessment. Bread wheat is one of the most extensively cultivated cereals, crucial for maintaining global food security. To limit the economic losses and to minimise the accumulation of mycotoxins in grains, new environment-friendly control strategies for wheat against pathogenic fungi are highly needed.

The study aimed to evaluate the efficiency of uptake and processing of the non-coding dsRNAs by wheat's endophytic fungi: *Auerobasidium pullulans*, *Sarocladium strictum*, *Sarocladium spinificis*, *Anthracocestis flocculosa*, *Penicillium olsonii* and *Trichoderma viride*. The dsRNA molecules targeting succinate dehydrogenase subunit B (*SDHB*), elongation factor 2 (*ef2*) and sterol 14 α -demethylase (*CYP51*) genes were designed, synthesised and tested. The knowledge gained will contribute to the SIGS technology exploitation in wheat plant protection.

This research was funded by the Polish National Science Centre (project no 2023/07/X/NZ9/00844).

Zróżnicowanie gatunkowe grzybów zasiedlających nasiona soi na południu Polski- wyniki analizy mikologicznej i sekwencjonowania

Hanna Olszak-Przybyś, Grażyna Korbecka-Glinka

*Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa - Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Hodowli i
Biotechnologii Roślin, Puławy*
holszak@iung.pulawy.pl

Grzyby wykazują zdolność do kolonizowania nasion soi nie tylko w polu podczas dojrzewania nasion w strąkach, ale również później w czasie ich przechowywania w magazynach. Grzyby polowe do których należą: *Fusarium* spp., *Cercospora sojina*, *Cercospora kikuchii*, *Ascochyta* spp., *Alternaria* spp., *Cladosporium* spp. przenoszone za pośrednictwem nasion wywołują choroby młodych siewek i dojrzałych roślin, skutkiem czego jest obniżenie plonu jeśli nasiona zostaną użyte jako materiał siewny. Z drugiej strony tzw. grzyby przechowalnicze takie jak: *Aspergillus* spp. i *Penicillium* spp. wpływają na obniżenie jakości materiału siewnego poprzez zmiany w składzie chemicznym nasion. Nasiona soi z racji swojego składu chemicznego są w czasie magazynowania szczególnie narażone na pogorszenie jakości i oddziaływanie grzybów. Duża ilość nasion po okresie przechowywania nie zostaje zakwalifikowana do siewu z powodu utraty zdolności kiełkowania. Jest to poważny problem ekonomiczny, również w Polsce. Celem prezentowanych badań była analiza mikologiczna, analiza składu chemicznego nasion oraz ocena zdolności kiełkowania nasion soi po około ośmiu miesiącach przechowywania.

Materiał badawczy stanowiły nasiona dziewięciu odmian soi zebrane w 2021 roku z różnych plantacji nasiennych zlokalizowanych na terenie czterech województw: dolnośląskiego, lubelskiego, opolskiego i podkarpackiego. Dla każdej z 12 partii nasion wykonano testy kiełkowania według metodyki ISTA. Wyniki konwencjonalnej analizy mikologicznej potwierdzono wykonując analizę sekwencji regionu ITS. Dla izolatów grzybów z rodzaju *Fusarium* spp., *Aspergillus* spp. i *Penicillium* spp. wykonano sekwencjonowanie dodatkowych regionów (RPB2, TEF1, β -tubulina i kalmodulina) w celu potwierdzenia identyfikacji gatunkowej.

Otrzymano łącznie 353 izolaty grzybowe, które zakwalifikowano do 16 rodzajów i 48 gatunków (94% uzyskanych izolatów). Najczęściej izolowano grzyby z rodzaju: *Aspergillus* spp., *Fusarium* spp. i *Alternaria* spp. W badanych partiach nasion stwierdzono różnice w stopniu porażenia (uzyskano od 3 do 53 izolatów na próbkę) i składzie gatunkowym grzybów które z nich wyizolowano. Procent kiełkowania badanych próbek wahał się w granicach od 20.67% do 81.33%. Wykazano statystycznie istotną korelację pomiędzy liczbą otrzymanych izolatów *Aspergillus* spp. i *Penicillium* spp., a zawartością wolnych kwasów tłuszczowych w nasionach soi. Odnotowano także statystycznie istotną ujemną korelację pomiędzy liczbą izolatów *Fusarium* spp., a zawartością białka / azotu w badanych nasionach soi. Niniejsze wyniki pozwolą poszerzyć wiedzę temat grzybów zasiedlających nasiona soi w magazynach, mogących przyczynić się do obniżenia jakości materiału siewnego soi.

Species diversity of fungi inhabiting on soybean seeds in southern Poland- results of mycological and sequencing analysis

Hanna Olszak-Przybyś, Grażyna Korbecka-Glinka

*Institute of Soil Science and Plant Cultivation, Department of Plant Breeding and Biotechnology,
Pulawy*

holszak@iung.pulawy.pl

Fungi have the ability to colonise soybean seeds not only in the field during seed maturation, but also later in storage period. Field fungi such as: *Fusarium* spp., *Cercospora sojina*, *Cercospora kikuchii*, *Ascochyta* spp., *Alternaria* spp., *Cladosporium* spp. may be carried with the seeds causing seedling and mature plant diseases and reducing yield, if they are used as a sowing material. On the other hands, so-called storage fungi such as: *Aspergillus* spp. and *Penicillium* spp. reduce seed quality through changes in the chemical composition of the seed. Soybean seeds due to their chemical composition, are particularly susceptible to damage and fungal attack during storage. A large number of storage seeds are not accepted for sowing and are rejected because of a decrease in germination capacity. This is a serious economic problem, also in Poland. The aim of the presented research was to perform mycological and chemical analysis of soybean seeds and to evaluate the germination capacity of soybean seeds after about eight month of storage.

The research material consisted of seeds of nine soybean cultivars collected in 2021 from different seed plantations located in four provinces: dolnośląskie, lubelskie, opolskie and podkarpackie. Germination tests were performed according to the ISTA methodology. The results of mycological analysis were confirmed by performing ITS region sequence analysis. For fungal isolates *Fusarium* spp., *Aspergillus* spp. and *Penicillium* spp. additional regions (RPB2, TEF1, β -tubulin and calmodulin) were sequenced to confirm species identification.

A total number of 353 fungal isolates were obtained and classified into 16 genera and 48 species. To the species level, 94% of all obtained isolates were characterized. The most frequently fungi isolated were: *Aspergillus* spp., *Fusarium* spp. and *Alternaria* spp. The seed lots tested, differed in the number and species composition of isolates obtained. The germination percentage of the tested samples ranged from 20,67% to 81,33%. A statistically significant correlation was found between the number of *Aspergillus* spp. and *Penicillium* spp. isolates obtained and the free fatty acid content of the soybean seeds. In addition, a statistically significant negative correlation was noted between the number of *Fusarium* spp. isolates and the protein / nitrogen content of the soybean seeds. The present results will help to improve knowledge of fungi colonising soybean seeds in storage, which may be responsible for the reduction in sowing material.

Assessment of potato varieties and hybrids for resistance to fungal diseases

Nedilska Uliana

Podillia State University, Ukraine

nedilska13@gmail.com

Potatoes are one of the most common agricultural crops in the world. It ranks fifth in terms of landing area. Among European countries, significant areas under potatoes are occupied in Ukraine. It is believed that the main reason for the low yield of potatoes is the lack of opportunity to realize the potential of the varieties grown in Ukraine, as well as, to a large extent, their low resistance to diseases and pests.

The most economically profitable, ecologically, sanitary safe way to protect potatoes from diseases is the creation and rapid introduction into production of resistant varieties against fungal diseases. At the same time, due to the lack of effective control of many traits in the species *Solanum tuberosum* L, it is impossible to create initial breeding material, varieties with high resistance to diseases only when using this species. It is proposed to expand the genetic basis of parental forms by using in the practical selection of cultural varieties relatives. This approach that allows us to decide on the creation of varieties resistant to fusarium dry rot at the current stage of breeding development.

One of the most common fungal diseases of potatoes, especially during storage, is fusarium dry rot. The most economically profitable, sanitary and hygienically safe and ecologically justified way of protecting crops from disease is the creation and widespread introduction into production of resistant varieties. However, according to many researchers, the species *S. tuberosum* is not characterized by a high manifestation of the trait. The creation of varieties resistant to fusarium dry rot is possible only with the participation of wild, cultivated potato species, which are characterized by the presence of effective resistance control genes.

Established phenotypic expression of resistance against the disease in primary, secondary interspecies hybrids. The effectiveness of resistance control genes against *Fusarium* dry rot from wild species to primary, secondary interspecific hybrids has been proven.

Multispecies hybrids with high resistance to the disease have been created and isolated, which indicates the successful introgression of effective trait control genes from wild, cultivated species. A high resistance to fusarium dry rot was detected among the offspring from the crossing of interspecies hybrids resistant to the disease, which made it possible to determine their genetic value for practical breeding.

Two samples of the cultivated species *S. andigenum* with extremely high resistance to fusarium dry rot and 15 with high resistance were selected, which, taking into account the significant positive correlation of resistance between the parental forms and the offspring of the species, allows us to assert the prospects of the selected samples with a high phenotypic manifestation of the trait for practical selection use. Three sources of resistance to the disease were created, which can be model objects for phytopathological studies and when obtaining primary interspecies hybrids. Among the obtained material, 15 backcrosses of complex interspecific hybrids with high resistance to fusarium dry rot and a complex of other economic characteristics were selected. Parental forms selected for disease resistance and other characteristics - backcrosses of interspecies hybrids (7 pcs.) and tested combinations (7 pcs.) - transferred and recommended for selective use.

Drzewa iglaste – zagrożenia ze strony patogenów atakujących aparat asymilacyjny

Marta Bełka

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Entomologii i Fitopatologii Leśnej, Poznań

marta.belka@up.poznan.pl

Drzewa iglaste są niezwykle ważnym elementem polskich ekosystemów leśnych, jednak ich zdrowie a tym samym stabilność drzewostanów, są zagrożone przez różnorodne patogeny, które atakują aparat asymilacyjny. Patogeny te powodują różne objawy, takie jak nekrozy, chlorozy, deformacje igieł czy przedwczesne ich opadanie, co prowadzi do obniżenia wigoru drzew, zmniejszenia ich przyrostu, a w skrajnych przypadkach – do zamierania całych drzewostanów. Skutki infekcji mogą mieć szerokie konsekwencje dla ekosystemów leśnych, wpływając na ich stabilność, różnorodność biologiczną oraz gospodarkę leśną.

W ostatnich latach nastąpił znaczny wzrost liczby grzybów patogenicznych atakujących gatunki sosen w Europie. Niektóre z tych patogenów są rodzime dla Europy, ale zmiany klimatyczne sprzyjają i populacjom pochodzącym spoza niej. Gatunki z rodzaju *Pinus* są szczególnie dotknięte przez rosnącą liczbę szkodników i patogenów, co stanowi poważne zagrożenie dla kluczowych gatunków w ekosystemach leśnych półkuli północnej. W miarę jak zmiany klimatyczne przyspieszają, a inwazyjne patogeny stają się coraz częstsze, konieczne jest monitorowanie tych zjawisk i wdrażanie strategii ochrony drzew iglastych przed rosnącymi zagrożeniami.

Zrozumienie mechanizmów ataku patogenów oraz opracowanie efektywnych metod ich zwalczania stanowi kluczowy element w ochronie drzew iglastych przed tymi zagrożeniami. W obliczu nasilających się zmian klimatycznych i wzrostu częstotliwości występowania organizmów inwazyjnych, kluczowe staje się monitorowanie oraz wdrażanie skutecznych strategii ochrony drzew iglastych przed tymi zagrożeniami.

Coniferous Trees – Threats from Pathogens Attacking the Assimilation Apparatus

Marta Belka

Poznań University of Life Sciences, Forest Entomology and Pathology Department, Poznań

marta.belka@up.poznan.pl

Coniferous trees are an extremely important component of Polish forest ecosystems; however, their health, and consequently the stability of forest stands, are threatened by various pathogens that attack the assimilation apparatus. These pathogens cause a range of symptoms, such as necrosis, chlorosis, needle deformation, and premature needle drop, which lead to reduced tree vitality, slower growth, and in extreme cases, the death of entire forest stands. The effects of these infections can have wide-reaching consequences for forest ecosystems, impacting their stability, biodiversity, and forestry management.

In recent years, there has been a significant rise in fungal pathogens affecting pine species across Europe. Some of these pathogens are native to Europe, but climate change is also fostering the spread of non-native populations. Species within the genus *Pinus* have been particularly hard-hit by an increasing number of pests and pathogens, posing a serious threat to key species in the forest ecosystems of the northern hemisphere. As climate change accelerates and invasive pathogens become more prevalent, it is essential to monitor these developments and implement strategies to protect coniferous trees from growing threats.

Understanding the mechanisms of pathogen attack and developing effective control measures is crucial for safeguarding coniferous trees from these threats. In light of intensifying climate change and the increasing frequency of invasive species, it is imperative to monitor these phenomena and introduce effective strategies for the protection of coniferous trees against these threats.

Wykrywanie utajonych infekcji jabłek powodowanych przez grzyby z rodzaju *Neofabraea* i *Monilinia* z wykorzystaniem techniki LAMP

Monika Michalecka, Anna Poniatowska, Joanna Puławska

Instytut Ogrodnictwa - Państwowy Instytut Badawczy w Skierniewicach, Zakład Ochrony Roślin,
Pracownia Fitopatologii
monika.michalecka@inhort.pl

Gorzka zgnilizna jabłek, powodowana przez grzyby z rodzaju *Neofabraea*: *N. kienholzii*, *N. perennans* i *N. malicorticis* oraz niedawno wykluczony z tego rodzaju gatunek *Phlyctema vagabunda*, uważana jest za najważniejszą chorobę przechowalniczą jabłek, ze względu na powodowanie znaczących strat w plonie. Brunatna zgnilizna jabłek, powodowana przez grzyby z rodzaju *Monilinia*: *M. fructicola*, *M. fructigena* i *M. polystroma*, występuje również na jabłkach przechowywanych, jednak zdecydowanie rzadziej. Uważa się, że za rozwój gorzkiej zgnilizny na przechowywanych owocach odpowiedzialne są głównie grzyby obecne w czasie zbioru, ukryte w przetchlinkach jabłek i zatrzymane w rozwoju (Dugan i wsp., 1993). Z drugiej strony czynniki wywołujące brunatną zgniliznę infekują owoce nie tylko poprzez przetchlinki, ale także poprzez mikropęknięcia w skórce i uszkodzenia mechaniczne (Xu & Robinson, 2000). W ocenie ryzyka i przewidywaniu nasilenia wymienionych chorób istotna jest ocena stanu zdrowotności owoców przed umieszczeniem ich w chłodni oraz w trakcie przechowywania, co umożliwiając szybkie, czułe i dokładne badania diagnostyczne oparte na technice LAMP.

Celem badań było opracowanie metod wykrywania grzybów wywołujących gorzką oraz brunatną zgniliznę w owocach jabłek zakażonych, ale jeszcze przed wystąpieniem objawów choroby. Zaprezentowane protokoły diagnostyczne, oparte na technice LAMP, umożliwiły czułe i specyficzne wykrywanie patogenów grzybowych odpowiedzialnych za rozwój obu chorób już we wczesnym stadium rozwoju choroby, przed wystąpieniem jej objawów. Cała procedura, od etapu przygotowania skórki jabłka do etapu ostatecznej detekcji DNA danego grzyba w mieszanym materiale roślinno-grzybowym trwała dwa dni. Jednocześnie sama reakcja LAMP pozwala na detekcję docelowego DNA w czasie 35 minut. Czułość detekcji LAMP w reakcji z DNA z hodowli aksenicznych *Neofabraea* i *Phlyctema* wynosiła około 4 pg/μl, natomiast z DNA z hodowli aksenicznych *Monilinia* 10 pg/μl. Czułość wykrywania DNA grzybów w mieszaninie z DNA jabłek z wykorzystaniem starterów gatunkowo specyficznych wahała się od 1,5 do 10 pg/μl dla *Neofabraea* i *Phlyctema*, natomiast w przypadku wykrycia DNA grzybów *Monilinia* – 2 pg/μl. Zastosowanie preamplifikacji (tj. z wykorzystaniem konwencjonalnej reakcji PCR) przed reakcją LAMP zwiększyło czułość wykrywania docelowego DNA około 10 razy. Potwierdzono specyficzność badanego protokołu w wykrywaniu DNA docelowych gatunków *Neofabraea*, *Phlyctema* oraz *Monilinia* wśród DNA różnych grzybów wywołujących gnicie jabłek w czasie przechowywania.

1. Dugan, F.M. 1993. Anthracnose, perennial canker and bull's eye-rot of apple and pear. *Tree Fruit Postharvest Journal* 4, 5–6.
2. Xu, X.M. & Robinson, J.D. (2000). Epidemiology of brown rot (*Monilinia fructigena*) on apple: infection of fruits by conidia. *Plant Pathology*, 49, 201–206.

Pracę wykonano w ramach projektu FITOEXPORT (Gospostrateg 1/385957/5/NCBR/2018) finansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju.

Detection of latent infections of apples caused by *Neofabraea* spp. and *Monilinia* spp. fungi using LAMP technique

Monika Michalecka, Anna Poniatowska, Joanna Puławska

*The National Institute of Horticultural Research, Skierniewice, Plant Protection Department,
Laboratory of Phytopathology*
monika.michalecka@inhort.pl

Bull's eye rot of apple (BER); caused by fungi of the genus *Neofabraea*: *N. kienholzii*, *N. perennans* and *N. malicorticis* and recently excluded from this genus: *Phlyctema vagabunda* is considered the most important storage disease of apples, due to significant yield losses. Brown rot of apples, caused by fungi from the genus *Monilinia*: *M. fructicola*, *M. fructigena* and *M. polystroma*, also occurs on stored apples, however, less frequently. It is considered that the fungi present at the time of harvesting hidden in apple lenticels and arrested in grow, are mainly responsible for the BER development on stored fruits (Dugan et al., 1993). On the other hand, the causal agents of brown rot infect the apple not only via lenticels but also via microcracks in the cuticle and mechanical damage (Xu & Robinson, 2000). In terms of risk assessment and prediction of the severity of mentioned diseases, it is important to assess fruit health status prior to placing them in cold storage and during storage, which is enabled by fast, sensitive, and thorough diagnostic tests based on LAMP technique.

The study aimed to develop the detection methods of the fungi causing BER and brown rot in infected but yet-asymptomatic apple fruits. Presented here diagnostic protocols, based on the LAMP technique, enabled sensitive and specific detection of fungal pathogens responsible for the development of bull's eye rot as well as brown rot in apples at an early stage of disease development, before the disease symptoms occur. The performance of the whole diagnostic protocol: from the step of preparation of the apple peel to the step of final fungal DNA detection in mixed plant-fungal material lasted two days. At the same time the LAMP reaction itself allows for the detection in a time of 35 minutes. The sensitivity of LAMP detection in reaction with DNA from axenic *Neofabraea* and *Phlyctema* cultures was about 4 pg/μl, while with DNA from axenic *Monilinia* cultures was 10 pg/μl. The sensitivity of detection of fungal DNA in the mixture with apple DNA ranged from 1,5 to 10 pg/μl for *Neofabraea* and *Phlyctema* – specific primers sets, while 2 pg/μl for *Monilinia* – specific primer set. In general, preamplification followed by LAMP increased the sensitivity of target detection about 10 times. The specificity of the tested protocol in the detection of DNA of targeted *Neofabraea*, *Phlyctema* or *Monilinia* species among the DNA of various fungi causing apple rot during storage was confirmed.

1. Dugan, F.M. 1993. Anthracnose, perennial canker and bull's eye-rot of apple and pear. *Tree Fruit Postharvest Journal* 4, 5–6.
2. Xu, X.M. & Robinson, J.D. (2000). Epidemiology of brown rot (*Monilinia fructigena*) on apple: infection of fruits by conidia. *Plant Pathology*, 49, 201–206.

The study was carried out within the framework of the FITOEXPORT project (Gospostrateg 1/385957/5/NCBR/2018) financed by the National Centre for Research and Development.

Sesja ochrona roślin/wpływ środowiska



Zjawisko spillover i spillback w kontekście inwazji biologicznych – co to znaczy dla polskiej fitopatologii?

Katarzyna Patejuk, Pola Wasilewska, Paulina Pacek

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii i Mykologii, Wrocław

katarzyna.patejuk@upwr.edu.pl

Inwazyjne gatunki obce (ang. Invasive Alien Species, w skrócie IAS) to szeroko dyskutowany temat w społeczności naukowej. Stosunkowo niewiele uwagi poświęcono dotychczas grzybom zamieszkującym obce inwazyjne rośliny, w szczególności ich patogenom. Naturalną konsekwencją międzykontynentalnego transportu materiału roślinnego jest przenoszenie jego patogenów, co może mieć katastrofalne skutki dla lokalnych upraw i rodzimej flory.

Udane ustanowienie gatunku obcego po jego wprowadzeniu zależy od różnych czynników, w tym jego zdolności do pokonania oporu środowiska. Istnieje wiele hipotez opisujących to zjawisko, z których niewiele – hipoteza ewolucji zwiększonej zdolności konkurencyjnej (EICA), hipoteza uwolnienia wroga (ERH) i hipoteza nowej broni (NWH) – opisuje wpływ lokalnych i obcych patogenów na ustanowienie inwazji. Pośrednio hipotezy te tłumaczą i przewidują również wystąpienie takich zjawisk w przypadku fitopatogenów, jak zjawiska *spillover* i *spillback*.

Zjawisko *spillover* to proces, w którym obcy patogen lub szkodnik jest przenoszony przez inwazyjny gatunek obcy na nowy obszar, a następnie zakaża lokalne organizmy. Wpływ na inwazyjną roślinę obcą, z którą współistniał przez lata, jest zwykle mniejszy niż na nową roślinę żywicielską. Jak sugeruje Strauss i in. (2012), wpływ rozprzestrzeniania się patogenów IAS na rodzime rośliny może być tak znaczący, a patogeny mogą niejako napędzać proces inwazji, promując przewagę IAS nad rodzimymi roślinami. *Spillback*, dla kontrastu, opisuje wpływ rodzimych patogenów, które znalazły niszę na IAS znacząco zwiększyły swoją populację w środowisku, wpływając tym samym negatywnie na swoich pierwotnych, natywnych żywicieli. W obliczu tych argumentów wydaje się konieczne prowadzenie badań nad patogenami roślin inwazyjnych, przenoszeniem zasięgów obcych patogenów i ich wpływem na rodzime i uprawne rośliny.

Celem wystąpienia jest przedstawienie potencjalnych zagrożeń fitosanitarnych jakie wiążą się rozpowszechnianiem roślin inwazyjnych w Polsce. Najważniejsze zagadnienia związane z występowaniem zjawiska *spillover* i *spillback* przedstawione zostaną na bazie wyników wieloletnich badań (2017-2024 r.) nad mykobiotą klona jesionolistnego, czeremchy amerykańskiej i niecierpka drobnokwiatowego z terenu Polski. Przedstawiony zostanie krótki wgląd w problematykę i znaczenie prawidłowej identyfikacji grzybów zasiedlających rośliny obce (m.in. *Taphrina* ssp., *Colletotrichum* ssp.) oraz pokazanie mykobiomu roślin obcych inwazyjnych jako źródła nieopisanych gatunków grzybów o różnym pochodzeniu.

Spillover and spillback phenomena in the context of biological invasions – what does it mean for Polish phytopathology?

Katarzyna Patejuk, Pola Wasilewska, Paulina Pacek

Wroclaw University of Environmental and Life Sciences, Department of Plant Protection, Division of Planta Pathology and Mycology, Wroclaw
katarzyna.patejuk@upwr.edu.pl

Invasive Alien Species (IAS) are a widely discussed topic in the scientific community. However, relatively little attention has been paid to the fungi inhabiting invasive alien plants, particularly their pathogens. The intercontinental transport of plant material naturally leads to the transfer of pathogens, which can have devastating consequences for local crops and native flora. The successful establishment of an alien species after its introduction depends on various factors, including its ability to overcome environmental resistance. Several hypotheses describe this phenomenon, but only a few – the Evolution of Increased Competitive Ability (EICA), the Enemy Release Hypothesis (ERH), and the Novel Weapon Hypothesis (NWH) – address the influence of local and alien pathogens on the establishment of invasions. Indirectly, these hypotheses also explain and predict phenomena such as spillover and spillback in phytopathogens.

Spillover is a process where an alien pathogen or pest, carried by an invasive alien species to a new area, infects local organisms. The impact on the invasive alien plant, with which the pathogen has coexisted for years, is usually smaller than on the new host plant. As suggested by Strauss et al. (2012), the spread of IAS pathogens can significantly affect native plants and may even drive the invasion process, promoting the advantage of IAS over native plants. In contrast, spillback describes the impact of native pathogens that find a niche on IAS and significantly increase their population in the environment, thereby negatively affecting their original native hosts. Given these dynamics, it is crucial to conduct research on the pathogens of invasive plants, the transfer of alien pathogens, and their impact on native and cultivated plants.

The aim of this presentation is to highlight the potential phytosanitary threats associated with the spread of invasive plants in Poland. The presentation will cover the most important issues related to the occurrence of spillover and spillback phenomena, based on multi-year studies (2017-2024) on the mycobiota of boxelder maple, black cherry, and impatiens in Poland. It will provide insights into the problems and importance of correct identification of fungi inhabiting alien plants (including *Taphrina* spp. and *Colletotrichum* ssp.) and showcase the mycobiome of invasive alien plants as a source of undescribed fungal species of various origins.

Wpływ ekstraktów roślinnych na zdrowotność i biofortyfikację siewek pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) w warunkach fitotronowych

Weronika Kursa¹, Agnieszka Jamiolkowska¹, Barbara Skwaryło-Bednarz¹, Anna Gałązka³, Grażyna Kowalska², Elżbieta Patkowska¹

¹ *Katedra Ochrony Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Lublin*

² *Katedra Turystyki i Rekreacji, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Lublin*

³ *Katedra Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy, Nawożenia i Gleboznawstwa - Państwowy Instytut Badawczy, Puławy*

agnieszka.jamiolkowska@up.lublin.pl

Celem pracy była ocena wpływu ekstraktów roślinnych z kwiatostanów konopi (10% - H10 i 20% - H20) oraz mieszaniny ekstraktów z kwiatostanów konopi, ziela szałwii i wrotyczu (10% - M10 i 20% - M20) na fitotoksyczność oraz wybrane parametry fizjologiczne i morfologiczne siewek pszenicy oraz wskaźniki aktywności biologicznej gleby w warunkach doświadczenia fitotronowego. We wszystkich kombinacjach doświadczalnych zaobserwowano nieznaczną fitotoksyczność ekstraktów w postaci żółknięcia wierzchołków liści, które zakwalifikowano do 1^o porażenia. Testowane ekstrakty roślinne i ich mieszaniny, oprócz ekstraktu H20, działały hamująco na rozwój patogenów grzybowych. Ekstrakt H20 wpływał najkorzystniej na zwiększenie świeżej masy części nadziemnej siewek oraz świeżą i suchą masę korzeni, podczas gdy siewki kontrolne charakteryzowały się największą suchą masą części nadziemnej. Testowane ekstrakty modulowały zawartość chlorofilu w liściach pszenicy. Największą jego koncentrację odnotowano w liściach opryskiwanych mieszaniną ekstraktów M20. Spośród wszystkich testowanych grup związków występujących w środowisku glebowym w ramach testu Biolog EcoPlates węglowodany i kwasy karboksylowe były wykorzystywane najaktywniej. Z kolei aminy i amidy stanowiły grupę związków wykorzystywanych najrzadziej. Przeprowadzone badania pozwoliły stwierdzić wysoką efektywność ekstraktów roślinnych w ochronie roślin z uwagi na biobójcze działanie wobec grzybów chorobotwórczych oraz zwiększenie aktywności biologicznej gleby. Powyższe badania stanowią fazę wyjściową prac, które będą miały na celu weryfikację uzyskanych wyników w warunkach polowych, a także ocenę stabilności biologicznej wykorzystywanych ekstraktów.

The effect of plant extracts on the health status and biofortification of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) seedlings in phytotron conditions

Weronika Kursa¹, [Agnieszka Jamiolkowska](mailto:agnieszka.jamiolkowska@up.lublin.pl)¹, Barbara Skwaryło-Bednarz¹, Anna Gałązka³, Grażyna Kowalska², Elżbieta Patkowska¹

¹*Department of Plant Protection, University of Life Sciences in Lublin, Lublin, Poland*

²*Department of Tourism and Recreation, University of Life Sciences in Lublin, Lublin, Poland*

³*Department of Agriculture Microbiology, Institute of Soil Science and Plant Cultivation, State Research Institute, Puławy, Poland*

agnieszka.jamiolkowska@up.lublin.pl

The aim of the study was to assess the effect of plant extracts from hemp inflorescences (10% - H10 and 20% - H20) as well as a mixture of extracts from hemp inflorescences, sage and tansy (10% - M10 and 20% - M20) on phytotoxicity and selected physiological parameters and morphological characteristics of wheat seedlings and soil biological activity under the conditions of the phytotron experiment. In all experimental combinations, slight phytotoxicity of the extracts was observed in the form of yellowing of the leaf tips, which was classified as 1° infection. The tested plant extracts and their mixtures, apart from the H20 extract, inhibited the development of fungal pathogens. The H20 extract had the most beneficial effect on increasing the fresh weight of the above-ground part of the seedlings and the fresh and dry weight of the roots, while the control seedlings were characterized by the highest dry weight of the above-ground part. The tested extracts modulated the chlorophyll content in wheat leaves. Its highest concentration was recorded in leaves sprayed with a mixture of M20 extracts. Among all groups of compounds tested in the soil environment in the Biolog EcoPlates test, carbohydrates and carboxylic acids were used most actively. In turn, amines and amides were the group of compounds used the least frequently. The conducted research allowed to confirm the high effectiveness of plant extracts in plant protection due to their biocidal effect against pathogenic fungi and increased biological activity of the soil. The above research constitutes the initial phase of work that will aim to verify the results obtained in field conditions, as well as to assess the biological stability of the extracts used.

Mykobiom endosfery pszenicy i jego wpływ na zdrowotność i plonowanie rośliny gospodarza

Lidia Błaszczyk, Sylwia Salamon, Polina Havrysh, Piotr Banachewicz

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Zakład Mikrobiomiki Roślin, Poznań

lbla@igr.poznan.pl

Z tkankami pszenicy, zarówno z fyllosferą, ryzosferą jak i endosferą zasocjowane są liczne gatunki grzybów. Zasadlając tkanki wewnętrzne roślin stanowią one mykobiom endosfery, którego struktura determinowana jest głównie typem organu pszenicy i warunkami wzrostu rośliny.

Zmiany w składzie społeczności grzybów mają istotny wpływ na kondycję pszenicy i mogą prowadzić do stanu dysbiozy. W endosferze pszenicy współwystępują gatunki grzybów o różnym stylu życia, znane jako patogeny, symbionty, czy saprofity. Co więcej, ten sam gatunek grzyba może pełnić różną funkcję ekologiczną.

Wiedza na temat struktury mykobiomu endosfery pszenicy i poznanie wpływu tych grzybów na roślinę gospodarza pozwoli na wyselekcjonowanie gatunków, czy zespołu gatunków, które można będzie wykorzystywać w celu poprawy zdrowotności i plonowania tego ważnego gospodarczo zboża.

Podejście to przyświecało prezentowanym tutaj pracom, które koncentrowały się na określeniu roli mykobiomu endosfery polskich odmian pszenicy w funkcjonowaniu badanych roślin, izolacji i identyfikacji grzybów o istotnym wpływie na procesy związane z reakcjami obronnymi i odpornościowymi roślin, ale też na wzrost i rozwój pszenicy. W tym celu zastosowano kompleksowe podejście, bazujące na metodach konwencjonalnych, jak i wysokoprzepustowych technik omicznych. Dzięki temu poznano skład i liczebność grzybów endofitycznych pszenicy, wyizolowano ponad 700 szczepów grzybów, a w przypadku takich gatunków jak: *Fusarium proliferatum*, *Sarocladium strictum*, *Sarocladium spinificis*, *Penicillium olsoni*, *Penicillium expansum*, *Trichoderma cremeum*, *Trichoderma atroviride*, *Trichoderma hamatum* i *Chrysosporium pseudomerdarium* zdefiniowano ich wpływ na roślinę gospodarza.

Badania finansowano przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektów: OPUS 10, nr 2016/19/B/NZ9/03083, OPUS 14, nr 2017/27/B/NZ9/01591 i OPUS 24, nr 2022/47/B/NZ9/01282.

Mycobiome of the wheat endosphere and its impact on the health and yield of the host plant

Lidia Błaszczyk, Sylwia Salamon, Polina Havrysh, Piotr Banachewicz

*Institute of Plant Genetics of the Polish Academy of Sciences, Department of Plant Microbiomics,
Poznań*
lbla@igr.poznan.pl

Numerous species of fungi are associated with wheat tissues, both with the phyllosphere, rhizosphere and endosphere. By inhabiting the internal plant tissues, they constitute the endosphere mycobiome, the structure of which is mainly determined by the type of wheat organ and the plant's growth conditions.

Changes in the composition of the fungal community have a significant impact on the condition of wheat and may lead to a state of dysbiosis. Fungal species with different lifestyles, known as pathogens, symbionts or saprophytes, co-occur in the wheat endosphere. Moreover, the same fungus can perform different ecological functions. Knowledge about the structure of the mycobiome of the wheat endosphere and the impact of these fungi on the host plant will allow the selection of a species or set of species that can be used to improve the health and yield of this economically important cereal.

This approach guided the work presented here, which focused on determining the role of the mycobiome of the endosphere of Polish wheat cultivars in the functioning of the studied plants, isolation and identification of fungi that have a significant impact on processes related to plant defense and immunity, but also on the growth and development of wheat. Hence, a comprehensive approach was used, based on conventional methods and high-throughput omics techniques. This led to the knowledge of the composition and abundance of endophytic fungi in wheat, over 700 strains of fungi were isolated, and in the case of species such as: *Fusarium proliferatum*, *Sarocladium strictum*, *Sarocladium spinificis*, *Penicillium olsoni*, *Penicillium expansum*, *Trichoderma cremeum*, *Trichoderma atroviride*, *Trichoderma hamatum* i *Chrysosporium pseudomerdarium*, their impact on the host plant was determined.

The research was financed by the National Science Center as part of projects OPUS 10, nr 2016/19/B/NZ9/03083, OPUS 14, nr 2017/27/B/NZ9/01591 i OPUS 24, nr 2022/47/B/NZ9/01282.

Nowe induktory odporności w ochronie roślin uprawnych przed chorobami grzybowymi

Agnieszka Kiniec¹, Rafał Kukawka^{2,3}, Maciej Spsychalski², Bartosz Grzempa⁴, Marcin Śmiglak^{2,3}

¹ Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Terenowa Stacja Doświadczalna, Toruń

² Poznański Park Naukowo-Technologiczny, Fundacja Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza, Poznań

³ Innosil sp. z o.o., Poznań

⁴ Jagrol Sp. z o.o., Pierzchno

a.kiniec@iorpib.poznan.pl

Współczesne rolnictwo stoi w obliczu wielu wyzwań. W populacjach zwalczanych patogenów wzrasta liczebność szczepów odpornych na substancje czynne stosowanych środków ochrony roślin, co powoduje spadek, a z czasem nawet utratę ich skuteczności. Dodatkowo z użytkowania wycofywane są kolejne substancje czynne. Wprowadzane są również przepisy nakazujące ograniczenie zużycia pestycydów. Także konsumenci oczekują, że płody rolne będą pozbawione pozostałości środków ochrony roślin, a samo rolnictwo nie będzie negatywnie wpływać na zdrowie człowieka oraz środowisko. Te wszystkie aspekty powodują, że konieczne jest szukanie nowych, bezpiecznych metod ochrony roślin przed chorobami. Jedną z nich może być wykorzystanie naturalnych mechanizmów odpornościowych roślin.

Celem przeprowadzonych badań było sprawdzenie możliwości wykorzystania induktorów odporności w ochronie ważnych gospodarczo roślin uprawnych przed chorobami grzybowymi. Testowane nowe induktory są pochodnymi kwasu salicylowego syntetyzowanymi przez nasz zespół. Rezultaty przeprowadzonych doświadczeń wskazują, że induktory odporności oparte na pochodnych kwasu salicylowego skutecznie ograniczają rozwój chorób grzybowych. Zastosowanie induktorów odporności pozwoliło także na zwiększenie plonów w stosunku do niechronionych poletek kontrolnych. Zwyżki plonu korzeni buraka cukrowego wynosiły od kilku do kilkunastu procent, w zależności od zastosowanej substancji. Wykorzystanie indukcji odporności w ochronie roślin może być cennym narzędziem wspomagającym konwencjonalną ochronę fungicydową, pozwalającym na ograniczenie chemizacji rolnictwa.

Badania zostały zrealizowane w ramach projektu pt. „Stymulatory wzrostu i rozwoju roślin o działaniu indukującym odporność jako innowacyjny produkt do zastosowania w uprawie rolniczych roślin konsumpcyjnych” finansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju, w ramach projektu LIDER 13 (LIDER13/0211/2022).

New resistance inducers in the protection of crop against fungal diseases

Agnieszka Kiniec¹, Rafał Kukawka^{2,3}, Maciej Spsychalski², Bartosz Grzempa⁴, Marcin Śmiglak^{2,3}

¹ Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Terenowa Stacja Doświadczalna, Toruń

² Poznański Park Naukowo-Technologiczny, Fundacja Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza, Poznań

³ Innosil sp. z o.o., Poznań

⁴ Jagrol Sp. z o.o., Pierzchno

a.kiniec@iorpib.poznan.pl

Modern agriculture faces many challenges. In the populations of pathogens being combated, the number of strains resistant to the active substances of the plant protection products used increases, which causes a decrease and, over time, even a loss of their effectiveness. Additionally, further active substances are withdrawn from use. Regulations are also being introduced to limit the use of pesticides. Consumers also expect that agricultural produce will be free from residues of plant protection products and that agriculture itself will not hurt human health and the environment. All these aspects make it necessary to look for new, safe methods of protecting plants against diseases. One of them may be the use of natural immune mechanisms of plants.

The aim of the study was to check the possibility of using resistance inducers to protect economically important crops against fungal diseases. The new inducers tested are derivatives of salicylic acid synthesized by our team.

The results of the experiments conducted indicate that immunity inducers based on salicylic acid derivatives effectively limit the development of fungal diseases. The use of resistance inducers also allowed for an increase in yields compared to unprotected control plots. The increases in sugar beet root yield ranged from a few to several percent, depending on the substance used. The use of resistance induction in plant protection may be a valuable tool supporting conventional fungicide protection, allowing for the reduction of the chemicalization of agriculture.

The research was carried out as part of the project titled "Stimulators of plant growth and development with an immunity-inducing effect as an innovative product for use in the cultivation of agricultural consumer plants" financed by the National Center for Research and Development, as part of the LIDER 13 project (LIDER13/0211/2022).

Wpływ powierzchniowej sterylizacji nasion na kiełkowanie dwóch odmian pszenicy i pojawienie się infekcji grzybowych

Polina Havrysh¹, Julia Jankowska², Zoia Pustova³, Lidia Baszczyk¹

¹ Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Zakład Mikrobiomiki Roślin, Poznań

² Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań

³ Podilski Uniwersytet Państwowy, Zakład Ekologii i Ogólnych Przedmiotów Biologicznych, Kamianets-Podilskyi, Ukraina

phav@igr.poznan.pl

Pszenica chlebowa (*Triticum aestivum* L.) jest podstawową rośliną uprawną, która w 2022 r. była trzecim co do wielkości towarem produkcyjnym w Polsce i na świecie (FAOSTAT, 2024). Roślina ta ma różne zastosowania, zapewniając żywność ludziom i zwierzętom gospodarskim, i jest jednym z kluczowych elementów osiągnięcia celu ONZ w zakresie zrównoważonego rozwoju polegającego na zerowym głodzie (Organizacja Narodów Zjednoczonych, 2015). Praktyki rolnicze pozwalają na uprawę ogromnej ilości tej rośliny; jednakże z różnych powodów traci się prawie połowę oczekiwanych plonów (Oerke, 2006). W ten sposób wdrażane są środki ochrony roślin, oszczędzając 25% całkowitej produkcji pszenicy w Europie (Oerke, 2006). Obecnie dąży się do ograniczania chemicznych środków ochrony roślin, czyli pestycydów przeciwko różnym szkodnikom, w celu łagodzenia szkodliwych skutków dla środowiska, co prowadzi do poszukiwania nowo powstających upraw ekologicznych.

Mikrobiota nasion jest nieco pomijanym obiektem badań w porównaniu z mikrobiotą korzeni i liści (Morales i in., 2021). Nasiona większości roślin zwykle zawierają mniej drobnoustrojów endofitycznych lub nie zawierają ich wcale w porównaniu z innymi narządami; nasiona są głównie bytami przechowującymi epifity (Morales i in., 2021; Wysoczański i in., 2021). Epifity mogą być powiązane z chorobami przenoszonymi przez nasiona roślin, działając jako patogeny roślin (War i in., 2023). Dlatego ważne jest zapewnienie sposobów ograniczenia czynników infekujących powierzchnię nasion bez późniejszego szkodliwego wpływu na kiełkowanie roślin.

W naszej pracy skupiliśmy się na badaniu powierzchniowej sterylizacji nasion pszenicy za pomocą powszechnie stosowanych środków dezynfekcyjnych, takich jak nadtlenek wodoru, podchloryn sodu, siarczan miedzi (II) i etanol. Celem badania było określenie, która metoda sterylizacji będzie najodpowiedniejsza do usuwania czynników infekujących nasiona, nie uszkadzając jednocześnie zdolności nasion do kiełkowania i wzrostu sadzonek. Ogółem przetestowano sześć technik sterylizacji powierzchni w porównaniu z kontrolą.

Literatura:

Morales Moreira, Z. P., Helgason, B. L., & Germida, J. J. (2021). Crop, genotype, and field environmental conditions shape bacterial and fungal seed epiphytic microbiomes. *Canadian Journal of Microbiology*, 67(2), 161-173.

Oerke, E. C. (2006). Crop losses to pests. *The Journal of agricultural science*, 144(1), 31-43.

War, A. F., Bashir, I., Reshi, Z. A., Kardol, P., & Rashid, I. (2023). Insights into the seed microbiome and its ecological significance in plant life. *Microbiological Research*, 269, 127318.

Wysoczański, W., Węgrzyn, E., Lembicz, M., & Jaroszewicz, B. (2021). Fungal microbiota in seeds, seedlings and mature plants of raspberry (*Rubus ideaus* L.). *European Journal of Plant Pathology*, 161(4), 815-820.

Surface seed sterilisation effect on two wheat varieties germination and fungal infection emergence

Polina Havrysh¹, Julia Jankowska², Zoia Pustova³, Lidia Baszczyk¹

¹ Institute of Plant Genetics of Polish Academy of Sciences, Microbiomics Team, Poznań, Poland

² Adam Mickiewicz University, Poznań, Poland

³ Podillia State University, Department of Ecology and General Biological Disciplines, Kamianets-Podilskyi, Ukraine
phav@igr.poznan.pl

Bread wheat (*Triticum aestivum* L.) is an essential staple food crop that was Poland's and worldwide third biggest production commodity in 2022 (FAOSTAT, 2024). The crop has various ways of application, providing food for people and livestock, and is one of the key components in achieving the UN's zero hunger sustainability goal (United Nations, 2015). Agricultural practices allow the cultivation of a huge amount of this crop; however, due to various factors, almost half of the expected yield is lost (Oerke, 2006). Thus, crop protection measures are implemented, saving 25% of total wheat production in Europe (Oerke, 2006). Currently, it is aimed to reduce chemical crop protection measures, namely pesticides for different pests, in order to mitigate harmful environmental effects, which leads to searching for newly established organic farming.

Seed microbiota is a slightly overlooked study object compared to ones from roots and leaves (Morales et al., 2021). Seeds of most plants tend to have fewer or no endophytic microbes compared to other organs, while it seems that seeds are mostly epiphyte-harboring entities (Morales et al., 2021; Wysoczański et al., 2021). Epiphytes may be associated with plant seed-born disease, acting as plant pathogens (War et al., 2023). Thus, it's important to provide ways to reduce seeds' surface infection agents without subsequent harm to plant germination.

In our work, we focused on studying wheat surface seed sterilisation with common disinfection agents, such as hydrogen peroxide, sodium hypochlorite, copper (II) sulphate, and ethanol. The study aimed to determine which sterilisation method would be the most suitable for removing seed infection agents while not harming the seed's ability to germinate and the seedling's ability to grow. Overall, six surface sterilisation techniques were tested compared to the control.

Literature:

- Morales Moreira, Z. P., Helgason, B. L., & Germida, J. J. (2021). Crop, genotype, and field environmental conditions shape bacterial and fungal seed epiphytic microbiomes. *Canadian Journal of Microbiology*, 67(2), 161-173.
- Oerke, E. C. (2006). Crop losses to pests. *The Journal of agricultural science*, 144(1), 31-43.
- War, A. F., Bashir, I., Reshi, Z. A., Kardol, P., & Rashid, I. (2023). Insights into the seed microbiome and its ecological significance in plant life. *Microbiological Research*, 269, 127318.
- Wysoczański, W., Węgrzyn, E., Lembicz, M., & Jaroszewicz, B. (2021). Fungal microbiota in seeds, seedlings and mature plants of raspberry (*Rubus ideaus* L.). *European Journal of Plant Pathology*, 161(4), 815-820.

Poszukiwanie nowych związków chemicznych indukujących odporność jabłoni na choroby

Artur Mikiciński¹, Joanna Puławska¹, Danuta Wójcik¹, Agnieszka Marasek-Ciołakowska¹, Rafał Kukawka^{2,3}, Maciej Spychalski², Marcin Śmiglak^{2,3}

¹ Instytut Ogrodnictwa - PIB, Skierniewice

² Poznański Park Naukowo Technologiczny, Poznań

³ Innosil Sp. z o.o., Poznań

artur.mikicinski@inhort.pl

Zaraza ogniowa jest chorobą o charakterze systemicznym, więc gdy bakterie wnikną do wnętrza rośliny nie ma sposobu na ich ograniczenie czy wyniszczenie. Z kolei zwalczanie parcha jabłoni i mączniaka jabłoni wymaga bardzo dużej liczby zabiegów środkami chemicznymi (około 25 w sezonie). Skutkuje to tym, że jabłoni jest uprawą sadowniczą, w której zużywa się najwięcej środków ochrony roślin. Prowadzi to do ryzyka pozostałości pestycydów w spożywanych owocach oraz zanieczyszczenia środowiska. Alternatywą do chemicznych środków ochrony może być indukcja odporności roślin, która polega na czasowym wytworzeniu barier ograniczających lub uniemożliwiających rozwój chorób.

W Instytucie Ogrodnictwa – PIB w Skierniewicach realizowany jest obecnie projekt (w ramach konkursu SONATA 18), którego celem jest min. synteza nowych związków chemicznych mających potencjalnie właściwości induktorów odporności roślin na patogeny i testowanie ich ochronnego działania na jabłoni przeciwko najważniejszym jej chorobom (zaraza ogniowa, parch jabłoni i mączniak jabłoni) a także wyjaśnienie mechanizmów ich działania. Prace podjęto we współpracy z Poznańskim Parkiem Naukowo Technologicznym Fundacji UAM. Do chwili obecnej uzyskano w procesie syntezy chemicznej i oceniono przydatność, do ochrony jabłoni (pędy i kwiaty) przed zarazą ogniową kilkadziesiąt związków z grupy pochodnych kwasu salicylowego.

Najlepsze efekty uzyskano dla kwasu 3-chlorosalicylowego, kwasu 5-chlorosalicylowego i kwasu 3,5-dichlorosalicylowego. Ocena fenotypowa wykazała skuteczność badanych związków w zakresie od około 40 do 80%. Oceniano również, techniką qPCR, wpływ elicytacji kwasem 3-chlorosalicylowym i kwasem 5-chlorosalicylowym na poziom ekspresji genów kodujących następujące markery biochemiczne: białko PR1, białko PR2, amoniakolizaza L-fenylalaninowa (PAL), peroksydaza askorbinianowa (APX) i peroksydaza glutationowa (GPX). Opryskiwanie badanymi związkami spowodowało wzrost ekspresji wszystkich badanych genów w porównaniu z roślinami nietraktowanymi. Przedmiotem badań była również przeżywalność pyłku jabłoni po traktowaniu kwiatów induktorami oraz ich wpływ na gęstość i długość komórek szparkowych w skórce dolnej liścia. Odnotowano dwukrotną redukcję żywotności pyłku 72 godziny, po zabiegu kwasem 3-chlorosalicylowym, natomiast po 7 dniach odsetek kiełkujących ziaren pyłku wynosił 66%. Elicytacja induktorem nie miała wpływu na długość komórek szparkowych natomiast zanotowano zmniejszenie gęstości aparatów szparkowych na mm² powierzchni liścia, co ma przełożenie na ograniczenie natężenia transpiracji roślin.

Badania zrealizowano w ramach projektu SONATA 18 finansowanego z Narodowego Centrum Nauki: „Poszukiwanie nowych związków chemicznych indukujących odporność jabłoni na choroby oraz określenie molekularnego mechanizmu ich działania”. Umowa nr UMO-2022/47/D/NZ9/02327.

Searching for new chemical compounds that induce disease resistance in apple trees

Artur Mikiciński¹, Joanna Puławska¹, Danuta Wójcik¹, Agnieszka Marasek-Ciołakowska¹, Rafał Kukawka^{2,3}, Maciej Spsychalski², Marcin Śmiglak^{2,3}

¹ *The National Institute of Horticultural Research, Skierniewice*

² *Poznan Science and Technology Park, Poznan*

³ *Innosil Company, Poznan*

artur.mikicinski@inhort.pl

Fire blight is a systemic disease. When bacteria enter a plant, there is no way to limit or control them. In turn, controlling apple scab and apple powdery mildew requires a very large number of treatments with chemicals. It needs about 25 per season. This means that the apple orchards are the crop that uses the most plant protection products. This leads to the risk of pesticide residues in consumed fruit and environmental pollution. An alternative to chemical protection measures may be the induction of plant resistance, which involves temporarily creating barriers that limit or prevent the development of diseases.

A project is currently being implemented at the Institute of Horticulture - National Research Institute in Skierniewice (in the frame of the SONATA 18), the aim of which is, among others, the synthesis of new chemical compounds with potential inducers of plant resistance to pathogens and the testing of their protective effect on apple trees against the most important diseases (fire blight, apple scab and apple powdery mildew) as well as the elucidation of the mechanisms of their action. The work was undertaken in cooperation with the Poznań Science and Technology Park of the Adam Mickiewicz University Foundation. To this point, several dozen compounds from the group of salicylic acid derivatives have been obtained in the process of chemical synthesis and their suitability for protecting apple trees (shoots and flowers) against fire blight has been assessed.

The best effects were obtained for 3-chlorosalicylic acid, 5-chlorosalicylic acid and 3,5-dichlorosalicylic acid. Phenotypic evaluation showed the effectiveness of the tested compounds ranging from approximately 40 to 80%. The impact of elicitation with 3-chlorosalicylic acid and 5-chlorosalicylic acid on the expression level of genes encoding the following biochemical markers was also assessed using the qPCR technique: PR1 protein, PR2 protein, L-phenylalanine ammonia lyase (PAL), ascorbate peroxidase (APX) and glutathione peroxidase (GPX). Spraying with the tested compounds resulted in an increase in the expression of all tested genes compared to untreated plants. The subject of the study was also the survival of apple pollen after treating flowers with inducers and their influence on the density and length of stomatal cells in the lower epidermis of the leaf. There was a two-fold reduction in pollen viability 72 hours after treatment with 3-chlorosalicylic acid, while after 7 days the percentage of germinating pollen grains was 66%. The inducer did not impact the length of stomatal cells, but we observed a decrease in the density of stomata per mm² of leaf area, leading to a reduction in the intensity of plant transpiration.

The research was carried out as part of the SONATA 18 project financed by the National Science Centre, Poland: "Searching for new chemical compounds that induce disease resistance in apple trees and determining the molecular mechanism of their action." Agreement No. UMO-2022/47/D/NZ9/02327.

Biologiczna metoda redukcji zawartości mykotoksyn w ziarnie pszenicy na przykładzie *Debaryomyces hansenii*

Urszula Wachowska¹, Marian Wiwart², Wioletta Pluskota³, Elżbieta Suchowilska²

¹ Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa, Olsztyn

² Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, **Katedra Genetyki Hodowli Roślin i Inżynierii Biosurowców**, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa, Olsztyn

³ Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Fizjologii, Genetyki i Biotechnologii Roślin, Wydział Biologii i Biotechnologii, Olsztyn

urszula.wachowska@uwm.edu.pl

Metabolity wtórne tworzone przez gatunki rodzaju *Fusarium* i *Alternaria* stanowią szczególnie duże zagrożenie dla jakości plonu pszenicy z powodu narażenia roślin na infekcje od fazy siewki do zbioru ziarna przez ponad 20 trudnych do ograniczenia patogenów. Mieszanki kilkudziesięciu mykotoksyn wytwarzanych przez te patogeny mają negatywny wpływ na zdrowie ludzi i zwierząt. Ograniczanie zużycia fungicydów skłania do szerszego stosowania preparatów biologicznych w rolnictwie, w tym preparatów zawierających drożdże.

Celem badań prowadzonych w warunkach polowych była ocena przydatności zawiesiny szczepu *Debaryomyces hansenii* do redukcji zawartości wtórnych metabolitów patogenów infekujących kłosa kilku odmian pszenicy twardej i zwyczajnej uprawianej na południu i północy Polski.

W ziarnie wykryto 27 metabolitów wytwarzanych przez grzyby rodzaju *Fusarium* i dziewięć metabolitów produkowanych przez inne grzyby, głównie *Alternaria* spp. Szczep *D. hansenii* (Dh) ograniczał zawartość deoksyniwalenolu (DON) we wszystkich próbach ziarna pszenicy twardej w porównaniu z kombinacją kontrolną lub kombinacją z inokulacją kłosów *F. graminearum*. Na północy Polski w ziarnie większości odmian pszenicy twardej i zwyczajnej zabieg biologiczny wyraźnie redukował także zawartość kulmoryny (CUL) oraz eniatyn A1 i B (ENN A1, ENN B). Na poletkach obsianych pszenicą zwyczajną fungicydy i ochrona integrowana z *D. hansenii* ograniczały zawartość moniliforminy. Łączna analiza wielu metabolitów grzybów doskonale określa przydatność ziarna do spożycia. Drożdże stosowane w okresie kwitnienia mogą częściowo zastąpić zabiegi fungicydowe w redukcji sprawców fuzariozy kłosów i czerni zbóż. Ich działanie jest wielokierunkowe i obejmuje wpływ na patogeny, roślinę i mykobiom zasiedlający roślinę. Decydujące znaczenie dla powodzenia wykonywanych zabiegów biologicznych ma szczep zawarty w preparacie, sposób wykonania zabiegu oraz perfekcyjna integracja z wcześniejszymi zabiegami fungicydami. Wyizolowany i stosowany przez nas szczep *D. hansenii* może być szczególnie rekomendowany do dalszych badań jako najbardziej obiecujący w ochronie pszenicy przed grzybami rodzaju *Fusarium*.

A biological method for reducing the mycotoxin content of wheat grain on the example of *Debaryomyces hansenii*

Urszula Wachowska¹, Marian Wiwart², Wioletta Pluskota³, Elżbieta Suchowilska²

¹ *University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Department of Entomology, Phytopathology and Molecular Diagnostics, Faculty of Agriculture and Forestry, Olsztyn*

² *University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Department of Genetics, Plant Breeding and Bioresource Engineering, Faculty of Agriculture and Forestry, Olsztyn*

³ *University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Department of Plant Physiology, Genetics and Biotechnology, Faculty of Biology and Biotechnology, Olsztyn*

urszula.wachowska@uwm.edu.pl

Secondary metabolites produced by fungi of the genera *Fusarium* and *Alternaria* pose a serious threat to the quality of wheat grain because from the seedling stage to harvest, plants are exposed to infections caused by more than 20 pathogens that are difficult to control. Mixtures of several dozen mycotoxins produced by these pathogens exert adverse effects on human and animal health. Reduced use of fungicides has led to increased use of biologicals in agriculture, including those containing yeasts.

The aim of this study, conducted under field conditions, was to evaluate the suitability of *Debaryomyces hansenii* suspension for reducing the concentrations of secondary metabolites in wheat grain; mycotoxins were produced by pathogens that infect the spikes of several durum wheat and common wheat cultivars grown in southern and northern Poland.

A total of 27 metabolites produced by fungi of the genus *Fusarium* and nine metabolites produced by other fungi, mostly *Alternaria* spp., were detected in wheat grain. The analyzed strain of *D. hansenii* (Dh) reduced the content of deoxynivalenol (DON) in all samples of durum wheat grain, compared with the control treatment and the treatment involving spike inoculation with *F. graminearum*. In northern Poland, the applied biocontrol agent considerably reduced also the content of culmorin (CUL) and enniatins A1 and B (ENN A1, ENN B) in the grain of most durum wheat and common wheat cultivars. In plots sown with common wheat, fungicides and integrated protection with *D. hansenii* decreased the content of moniliformin in grain. A combined analysis of multiple fungal metabolites effectively determines grain suitability for human consumption. Yeasts applied in the flowering stage can partially replace fungicides in reducing the prevalence of pathogens causing *Fusarium* head blight and black sooty mold on wheat. They exert multidirectional effects on pathogens, plants, and the plant mycobiome. The efficacy of biological treatments may vary depending on the strain contained in the preparation, method of application, and perfect integration with previous fungicide treatments. The *D. hansenii* strain isolated and applied in this experiment can be recommended for further research as the most promising biocontrol agent offering effective protection of wheat against *Fusarium* fungi.

Sesja posterowa



Charakterystyka izolatów wirusów powodujących mozaikę maliny

Mirosława Cieślińska, Justyna Wójcik-Seliga, Dorota Starzec

Instytut Ogrodnictwa - Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Ochrony Roślin, Skierniewice
mirosława.cieslinska@inhort.pl

Malina, podobnie jak inne rośliny z rodzaju *Rubus*, może być porażana przez ponad 30 wirusów. Jedną z powszechnie występujących chorób wirusowych maliny jest mozaika maliny powodowana przez kompleks kilku wirusów. W Europie sprawcami tej choroby są wirus żółtaczkii nerwów liści maliny (rubus yellow net virus, RYNV) należący do rodzaju *Badnavirus*, rodziny *Caulimoviridae*, wirus nekrozy jeżyny (black raspberry necrosis virus, BRNV) z rodzaju *Sadwavirus* rodziny *Secoviridae* i wirus pstrości liści maliny (raspberry leaf mottle virus, RLMV) zaliczany do rodzaju *Closterovirus* rodziny *Closteroviridae*. W zależności od wirusa i jego szczepu, objawy mozaiki maliny są zróżnicowane - od nieznacznych przebarwień na liściach do deformacji owoców, a nawet zamierania młodych krzewów.

W latach 2022-23 prowadzono badania dotyczące wykrywania i charakterystyki molekularnej izolatów dwóch wirusów sprawców mozaiki maliny: RYNV i RLMV.

Kwasy nukleinowe izolowano z liści maliny metodą adsorpcji na żelu krzemionkowym, a następnie fragment genomu wirusów amplifikowano w reakcji RT-PCR, a produkty reakcji sekwencjonowano. Uzyskane sekwencje analizowano i porównywano z sekwencjami dostępnymi w bazie danych GenBank. Przeprowadzono również analizę filogenetyczną.

Wykazano 92,3-99,3% podobieństwo sekwencji nukleotydów genu białka płaszczka sześciu izolatów RYNV oznaczonych Glen, MProm, PolŚwid, PolDu, PolGra i Fest. Na podstawie analizy filogenetycznej stwierdzono bliskie pokrewieństwo pięciu spośród badanych izolatów, podczas gdy izolat Fest różnił się genetycznie od pozostałych i grupował się w kładzie ze szczepami RYNV z Bośni i Hercegowiny, Wielkiej Brytanii i USA. Izolat ten był wykryty w roślinie maliny rosnącej w kolekcji odmian *Rubus* sp. i prawdopodobnie został przeniesiony z porażonym materiałem roślinnym.

Po przeprowadzeniu analizy sekwencji fragmentów genomu RLMV zawierających homolog białka płaszczka, nie wykazano różnic genetycznych pomiędzy pięcioma badanymi izolatami RLMV oznaczonymi MPrOK1, MPrOk2, CanKop, PolKop i MSeWa. Podobieństwo sekwencji nukleotydów polskich izolatów oraz szczepów 'HCRL Glen Clova' z USA i 'SCRI stock' z Wielkiej Brytanii wynosiło odpowiednio 97,7% i 99%. Analiza sekwencji nukleotydów genu helikazy wykazała 98,5-100% podobieństwo między badanymi izolatami. Stwierdzono, że ich podobieństwo do sekwencji szczepu 'HCRL Glen Clova' było na poziomie 98%. Na drzewach filogenetycznych polskie izolaty lokowały się w innym kładzie, niż szczep wirusa z USA.

Badania były prowadzone w ramach zadania celowego 6.3 „Aktualizacja i opracowanie metodyk integrowanej ochrony roślin, Integrowanej Produkcji Roślin oraz poradników sygnalizatora” finansowanego przez MRiRW.

Characterization of virus isolates causing raspberry mosaic disease

Mirosława Cieślińska, Justyna Wójcik-Seliga, Dorota Starzec

The National Institute of Horticultural Research, Department of Plant Protection, Skierniewice
mirosława.cieslinska@inhort.pl

Raspberry, like other plants of the *Rubus* species, can be infected by over 30 viruses. One of the common virus diseases of raspberry is raspberry mosaic, caused by a complex of several viruses. In Europe, the causal agents of this disease are rubus yellow net virus (RYNV), black raspberry necrosis virus (BRNV), and raspberry leaf mottle virus (RLMV). Depending on the virus and its strain, the symptoms of raspberry mosaic vary - from slight discoloration on the leaves to deformation of the fruits and die-back of young plants.

The study on the detection and molecular characterization of isolates of two viruses causing raspberry mosaic disease: RYNV and RLMV, was carried out in 2022-23.

Total nucleic acids were isolated from raspberry leaves by silica capture method, and then the RNA fragments were amplified using RT-PCR method and the reaction products were sequenced. The obtained sequences were analyzed and compared with the sequences available in the GenBank database. Phylogenetic analysis was also performed.

It was shown that the nucleotide sequences of the coat protein gene of six RYNV isolates (Glen, MProm, PolŚwid, PolDu, PolGra, Fest) were 92.3-99.3% similar. Based on phylogenetic analysis, five of the tested isolates were found to be closely related while Fest isolate was genetically different and was clustered in a clade with RYNV strains from Bosnia and Herzegovina, Great Britain and the USA. This isolate was detected in raspberry plants growing in the germplasm collection of *Rubus* sp. and it was probably transferred with infected plant material.

After analyzing the sequence of genome fragments of RLMV containing the coat protein homologue, no genetic differences were found between the five tested RLMV isolates (MPrOK1, MPrOK2, CanKop, PolKop, MSeWa). The nucleotide sequence similarity of Polish isolates and the strains 'HCRL Glen Clova' from the USA and 'SCRI stock' from Great Britain was 97.7% and 99%, respectively. Nucleotide sequence analysis of the helicase gene showed 98.5-100% similarity between the tested isolates. It was found that their similarity to the sequence of the 'HCRL Glen Clova' strain was 98%. On phylogenetic trees, Polish isolates were located in a different clade than the virus strain from the USA.

The research was carried out as a part of target task 6.3 "Updating and developing methodologies for integrated plant protection, Integrated Plant Production and signaling guides" financed by the Ministry of Agriculture and Rural Development.

Występowanie i struktura populacji wirusów porażających uprawy cukinii w różnych regionach Polski

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

Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań
m.szkatulska@iorpib.poznan.pl

Wirusy roślin dyniowatych mogą wpływać na jakość i ilość owoców, co przekłada się na znaczne straty ekonomiczne. Dotychczas opisano ponad 70 gatunków wirusów porażających rośliny dyniowate, a najczęstsze z nich to: wirus mozaiki ogórka (cucumber mosaic virus, CMV), wirus żółtej mozaiki cukinii (zucchini yellow mosaic virus, ZYMV) oraz wirus mozaiki arbuza (watermelon mosaic virus, WMV). Większość z nich jest efektywnie przenoszona przez wektory owadzie, w szczególności mszyce. Zainfekowane rośliny wykazują objawy takie jak: chlorozy, mozaiki i przebarwienia na liściach, deformacje owoców oraz zahamowanie wzrostu. W Polsce sezon na cukinię trwa od późnej wiosny do wczesnej jesieni, a jej uprawa jest stosunkowo łatwa co sprawia, że należy ona do głównych gatunków uprawnych roślin dyniowatych. W ostatnich latach zaobserwowano wzmożone występowanie chorób wirusowych w jej uprawie. Celem badań było przeprowadzenie kompleksowych analiz występowania i struktury populacji wirusów porażających uprawy cukinii w Polsce. W latach 2022-2023 prowadzono monitoring upraw cukinii w województwie wielkopolskim i kujawsko-pomorskim, gdzie zebrano rośliny zarówno asymptotyczne, jak i z objawami charakterystycznymi dla infekcji wirusowej. Łącznie zebrano ponad 900 próbek, z których utworzono próbki zbiorcze składające się z 10 roślin. Z próbek zbiorczych roztartych w ciekłym azocie, izolowano RNA metodą fenol-chloroform lub przy użyciu TRI reagentu, a w kolejnym etapie usuwano pozostałości DNA poprzez użycie DNAzy i oczyszczano próbki chlorkiem litu. Otrzymane RNA zostało sprawdzone pod względem jakościowym oraz ilościowym, a wybrane próbki poddano sekwencjonowaniu wysokoprzepustowemu na platformie Illumina. Dane, które zostały otrzymane po sekwencjonowaniu analizowano przy pomocy programu CLC Genomics Workbench (Qiagen). W obu badanych latach i regionach stwierdzono przewagę wirusa WMV, który wystąpił w 98% zbiorczych próbek. Wirus ten został wykryty głównie w infekcjach mieszanych z ZYMV i CMV. Obecność wirusów w mieszanych infekcjach może skutkować synergistycznymi oddziaływaniami i nasileniem symptomów chorobowych. Zaobserwowano, że ciepła i długa jesień sprzyja rozwojowi mszyc i rozprzestrzenianiu się infekcji wirusowych na polach uprawnych. Wirusy te stanowią duże zagrożenie, również w kontekście obserwowanych zmian klimatycznych na świecie, dlatego badania będą kontynuowane w roku obecnym.

Occurrence and population structure of viruses infecting zucchini crops in various regions of Poland

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

Institute of Plant Protection – National Research Institute, Poznan
m.szkatulska@iorpib.poznan.pl

Cucurbit plant viruses can affect the quality and quantity of fruit, resulting insignificant economic losses. Over 70 species of viruses infecting cucurbit plants have been described so far, of which cucumber mosaic virus (CMV), zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) and watermelon mosaic virus (WMV) are the most common. Most of them are effectively transmitted by insect vectors, especially aphids. Infected plants show symptoms such as chlorosis, mosaic and discoloration of leaves, fruit deformations and growth inhibition. In Poland, the zucchini season covers the period from late spring to early autumn, and its cultivation is relatively easy, which makes it one of the main cultivated species of cucurbit plants. In recent years, an increased incidence of viral diseases has been observed in its cultivation. The aim of the research was to conduct comprehensive analyzes of the occurrence and population structure of viruses infecting zucchini crops in Poland. In 2022-2023, monitoring of zucchini crops was carried out in the Wielkopolska and Kujawsko-Pomorskie regions, and both asymptomatic and symptomatic plants were collected. Over 900 samples were collected from which pooled samples consisting of 10 plants were created. RNAs was isolated from pooled samples grounded in liquid nitrogen, using the phenol-chloroform or TRI reagent methods and in the next step, DNA residues were removed using DNase and the samples were purified with lithium chloride. The obtained RNAs were checked qualitatively and quantitatively, and selected samples were subjected to high-throughput sequencing on the Illumina platform. The data obtained from sequencing were analyzed using the CLC Genomics Workbench platform (Qiagen). In both studied years and regions, WMV was prevalent and occurred in 98% of the pooled samples. This virus has been detected mainly in mixed infections with ZYMV and CMV. The presence of viruses in mixed infections may result in synergistic interactions and intensification of disease symptoms. It has been observed that warm and long autumn favors the development of aphids and the spread of viral infections in agricultural fields. These viruses pose a significant threat, also in the context of observed global climate changes, therefore, the research will be continued this year.

Zaangażowanie komórkowego i apoplastowego glutationu w infekcji *Turnip mosaic virus* mutantów *Arabidopsis thaliana* o różnym stopniu odporności

Piotr Rusin¹, Katarzyna Otulak-Kozieł¹, Edmund Kozieł¹, Krzysztof Treder², Lóránt Király³

¹ *Katedra Botaniki, Instytut Biologii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,*

² *Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie, Oddział w Bonininie, Zakład Nasiennictwa i Ochrony Ziemiaka, Bonin*

³ *Plant Protection Institute, Centre for Agricultural Research, Eötvös Loránd Research Network (ELKH), Budapeszt, Węgry*

piotr_rusin@sggw.edu.pl

TuMV jest jednym z najważniejszych przedstawicieli Potyviridae, który stanowi bezpośrednio zagrożenie dla produkcji roślinnej na całym świecie. Ostatnie doniesienia wskazują na ważną rolę glutationu w modulowaniu odpowiedzi przeciwko patogenom wirusowym. Glutation jest aktywną cząsteczką funkcjonującą w komórce roślinnej w specyficznej równowadze pomiędzy formą GSH (zredukowaną) i GSSG (utlenioną) pozwalającą na utrzymanie prawidłowego stanu oksy-redukcyjnego komórki. Prezentowane wyniki skupiają się na wpływie metabolizmu glutationu (jego obu form) w mutantach *rbohF*- i *rbohD/F* w odpowiedzi na infekcję TuMV zarówno wewnątrz komórki jak i w apoplacie. Interakcje *rbohD* – TuMV i *Col-0* – TuMV charakteryzowały się reakcją podatności na TuMV. Nasze wyniki wskazują, że reakcja podatności na TuMV była powiązana z wysoką aktywnością GPXL (peroksydazy glutationowej, ang. glutathione peroxidase-like enzymes) i zwiększonym poziomem peroksydacji lipidów w porównaniu z roślinami zdrowymi, przy zmniejszonej całkowitej zawartości glutationu komórkowego i apoplastycznego obserwowanej pomiędzy 7–14 od inokulacji, a także dynamicznej indukcji apoplastycznego GSSG od 1–14 dnia po inokulacji. Systemiczna infekcja wirusowa spowodowała indukcję ekspresji genów *AtGSTU1* i *AtGSTU24*, co było silnie skorelowane ze znacznym zmniejszeniem aktywności GST (transferazy glutationowej) oraz komórkowej i apoplastycznej GGT (transferazy γ -glutamylowej) oraz z aktywnością GR (reduktazy glutationowej). Inną sytuację zaobserwowano w reakcjach odporności roślin *rbohF*, a zwłaszcza w roślinach z wzmocnioną reakcją odporności *rbohD/F*. Rośliny odporne charakteryzowały się dynamicznym wzrostem całkowitej zawartości glutationu komórkowego i apoplastycznego, z indukcją ekspresji genów *AtGGT1*, *AtGSTU13* i *AtGSTU19*. Ponadto ograniczenie przemieszczania wirusa było silnie skorelowane ze zwiększeniem poziomu GST, a także komórkowego i apoplastycznego GGT. Nasze wyniki wyraźnie wskazują, że glutation może działać jako kluczowy czynnik sygnalizacyjny nie tylko w reakcji podatnej *rbohD*, ale także w reakcji odporności prezentowanej przez mutanty *rbohF* i *rbohD/F* podczas interakcji z TuMV. Aktywnie zmniejszając pulę glutationu w apoplacie, zmiany aktywności enzymów GGT i GR działały jako pierwsza linia komórkowej odpowiedzi patosystemu *Arabidopsis* – TuMV, chroniąc komórkę przed nadmiernym stresem oksydacyjnym w interakcjach odpornych.

Badania sfinansowano z grantu Narodowego Centrum Nauki, NCN 2021/43/D/NZ3/00428.

Cellular and apoplastic glutathione involvement in different interactions between Turnip mosaic virus and *Arabidopsis thaliana* mutants

Piotr Rusin¹, Katarzyna Otulak-Kozieł¹, Edmund Kozieł¹, Krzysztof Treder², Lóránt Király³

¹ Department of Botany, Institute of Biology, Warsaw University of Life Sciences

² Plant Breeding and Acclimatization Institute-National Research Institute in Radzików, Bonin Division, Department of Potato Protection and Seed Science, Bonin

³ Plant Protection Institute, Centre for Agricultural Research, Eötvös Loránd Research Network (ELKH), Budapest, Hungary

piotr_rusin@sggw.edu.pl

TuMV is the one of most valid Potyvirus members which cause high levels of direct threat for various plant production. Recent advances in plant virus-interaction research indicate the role of glutathione molecule in modulation of response against this type of pathogens. Glutathione is active molecule present in plant cell in specific equilibrium between GSH-form and GSSG. Therefore, the presented results focus on impact of the metabolism of glutathione (both forms) in rbohD-, rbohF-, and rbohD/F-transposon-knockout mutants in response to Turnip mosaic virus (TuMV) infection in inside cell and apoplast region of the cell. The rbohD–TuMV and Col-0–TuMV interactions were previously characterized by susceptible reaction to TuMV. Our results indicated that susceptible reaction was associated with significant activity of GPXLs (glutathione peroxidase-like enzymes) and induction of lipid peroxidation in comparison to mock-inoculated plants, with reduced total cellular and apoplastic glutathione content observed at 7–14 dpi as well as dynamic induction of apoplast GSSG (oxidized glutathione) at 1–14 dpi. Moreover, systemic virus infection caused the induction of AtGSTU1 and AtGSTU24, which was highly correlated with significant downregulation of GSTs (glutathione transferases) and cellular and apoplastic GGT (γ -glutamyl transferase) with GR (glutathione reductase) activities. On the contrary, resistant rbohF–TuMV reactions, and especially enhanced rbohD/F–TuMV reactions, were characterized by a highly dynamic increase in total cellular and apoplastic glutathione content, with induction of relative expression of AtGGT1, AtGSTU13, and AtGSTU19 genes. Moreover, virus limitation was highly correlated with the upregulation of GSTs, as well as cellular and apoplastic GGT with GR activities. These findings clearly indicate that glutathione can act as a key signaling factor not only in susceptible rbohD reaction, but also the resistance reaction presented by rbohF and rbohD/F mutants. Furthermore, by actively reducing the pool of glutathione in the apoplast, GGT and GR enzymes acted as a cell first line in the Arabidopsis–TuMV pathosystem response, protecting the cell from oxidative stress in resistant interactions. These dynamically changed signal transductions involved symplast and apoplast in mediated response to TuMV.

This research was funded by the Polish National Science Center; NCN 2021/43/D/NZ3/00428.

Występowanie i charakterystyka szczepów *Pectobacterium parmentieri* powodujących czarną nóżkę i mokrą zgniliznę ziemniaka w Polsce

Natalia Kaczyńska^{1,2}, Agata Motyka-Pomagruk^{1,2}, Weronika Babińska-Wensierska^{1,2}, Wojciech Śledź^{1,2}, Ewa Łojkowska^{1,2}

¹ Uniwersytet Gdański, MWB UG i GUMed, Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Gdańsk

² Uniwersytet Gdański, MWB UG i GUMed, Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowe, Gdańsk
natalia.kaczynska@ug.edu.pl

Bakterie z gatunku *Pectobacterium parmentieri* to fitopatogenne, pektynolityczne bakterie z rodziny *Pectobacteriaceae*, wywołujące czarną nóżkę i mokrą zgniliznę ziemniaka. Choroby te stanowią istotne zagrożenie dla upraw ziemniaka, prowadząc do znacznych strat ekonomicznych.

Na podstawie badań dotyczących występowania i bioróżnorodności bakterii pektynolitycznych z rodzajów *Dickeya* i *Pectobacterium* na plantacjach nasiennych ziemniaka w latach 2016 oraz 2019 potwierdzono obecność bakterii z gatunku *P. parmentieri* na terenie Polski. We współpracy z Państwową Inspekcją Ochrony Roślin i Nasiennictwa zebrano 334 próby roślin oraz bulw ziemniaka wykazujących objawy czarnej nóżki i mokrej zgnilizny, a także towarzyszących im chwastów z plantacji nasiennych ziemniaka z całego kraju. Ogółem pozyskano i przebadano 230 izolatów bakterii tworzących wgłębienia na podłożu CVP (ang. *Cristal Violet Pectate medium*).

Na podstawie testu multiplex PCR oraz gatunkowo-specyficznego PCR ze starterami PhF/PhR, 28 izolatów bakterii pektynolitycznych (18 z 2016 r. i 10 z 2019 r.) zidentyfikowano jako *P. parmentieri*. Następnie przeprowadzono szczegółową charakterystykę uzyskanych szczepów *P. parmentieri*, wykorzystując profilowanie sekwencji repetytywnych, filogenezę opartą na genie *recA* oraz analizę cech fenotypowych. Szczegółową charakterystykę genotypową i różnorodność izolatów bakterii z gatunku *P. parmentieri* określono przy użyciu technik rep-PCR (REP, BOX i ERIC), opierających się na zasadzie „fingerprinting” DNA. Przeprowadzone badania wykazały wysokie zróżnicowanie wewnątrzgatunkowe bakterii. Ocena cech fenotypowych, kluczowych dla wirulencji bakterii pektynolitycznych (tj. aktywności pektynaz, celulaz oraz proteaz, a także zdolności do maceracji tkanki ziemniaka), wykazała niewielkie różnice wśród badanych szczepów. Dodatkowo, aktywność pektynolityczną, celulolityczną oraz proteolityczną badanych szczepów *P. parmentieri* oceniano w trzech różnych temperaturach (18°C, 28°C, 32°C). Aktywność pektynolityczna i celulolityczna zwiększały się wraz ze wzrostem temperatury i były najwyższe w 32°C. Aktywność proteaz zmniejszała się wraz ze wzrostem temperatury.

Przeprowadzone badania wykazały, że *P. parmentieri* charakteryzuje się znaczną różnorodnością genotypową i fenotypową, co może mieć istotny wpływ m.in. na skuteczność ochrony ziemniaka przed chorobami bakteryjnymi. Zrozumienie zmienności szczepów jest kluczowe dla opracowania skutecznych metod kontroli i ograniczenia strat w uprawach. Ponadto, przewidywane wzrosty temperatury, wynikające ze zmian klimatycznych, mogą wpłynąć na dynamikę populacji bakterii pektynolitycznych, co podkreśla potrzeba dalszych badań w tym zakresie.

Occurrence and characterization of *Pectobacterium parmentieri* strains causing blackleg and soft rot of potato in Poland

Natalia Kaczyńska^{1,2}, Agata Motyka-Pomagruk^{1,2}, Weronika Babińska-Wensierska^{1,2}, Wojciech Śledź^{1,2}, Ewa Łojkowska^{1,2}

¹ University of Gdańsk, IFB UG&MUG, Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Gdańsk

² University of Gdańsk, IFB UG&MUG, Research & Development Laboratory, Gdańsk

natalia.kaczynska@ug.edu.pl

Pectobacterium parmentieri are plant-pathogenic pectinolytic bacteria of the *Pectobacteriaceae* family, causing blackleg and soft rot of potatoes. These diseases pose a significant threat to potato crops, leading to considerable economic losses.

A study conducted to investigate the occurrence and biodiversity of pectinolytic bacteria from the genera *Dickeya* and *Pectobacterium* on seed potato plantations in 2016 and 2019 confirmed the presence of *P. parmentieri* in Poland. In collaboration with the State Plant Health and Seed Inspection Service, a total of 334 samples were collected. These included plants and potato tubers displaying symptoms of blackleg and soft rot, as well as accompanying weeds from seed potato plantations located across the country. A total of 230 bacterial isolates that formed pits on CVP medium were collected and analyzed.

Using multiplex PCR and species-specific PCR with PhF / PhR primers, we identified 28 isolates of pectinolytic bacteria (18 isolates from the 2016 samples and 10 from the 2019 samples) as *P. parmentieri*. The obtained *P. parmentieri* strains were then characterized in detail using repetitive sequence profiling, *recA* gene-based phylogeny, and phenotypic feature analysis.

Genotypic characterization and diversity of the *P. parmentieri* isolates were determined using rep-PCR techniques, including REP, BOX, and ERIC, based on DNA fingerprinting. The studies showed high intraspecific diversity of the bacteria. Assessment of phenotypic features crucial for the virulence of pectinolytic bacteria, such as pectinase, cellulase, and protease activities, as well as the ability to macerate potato tissue, revealed slight differences among the tested strains. Additionally, the pectinolytic, cellulolytic, and proteolytic activities of the *P. parmentieri* strains were also evaluated at three different temperatures (18°C, 28°C, and 32°C). The pectinolytic and cellulolytic activities increased with rising temperatures, reaching their highest level at 32°C. In contrast, protease activity decreased as the temperature increased.

The conducted studies show that *P. parmentieri* exhibits genotypic and phenotypic diversity, which could significantly impact the effectiveness of potato disease management strategies. Understanding the variability of strains is essential for developing effective control methods and reducing crop losses. Furthermore, the predicted temperature increases due to climate change may affect the population dynamics of pectinolytic bacteria, underscoring the necessity for additional research in this field.

***Alcorniella cacticida* comb. nov. – nowe oblicze starego wroga kaktusów. Wgląd w patogenność i specyficzność dla gospodarza**

Joanna Jońca¹, Minna Pirhonen², Michał Mateusz Waleron¹, Jan Gawor³, Agnieszka Mrozik⁴, Magdalena Smoktunowicz⁵, Krzysztof Waleron⁵, Małgorzata Waleron¹

¹ Uniwersytet Gdański, Laboratorium Ochrony i Biotechnologii Roślin, Gdańsk

² Uniwersytet w Helsinkach, Katedra Nauk Rolniczych, Helsinki, Finlandia

³ Polska Akademia Nauk, Zakład Sekwencjonowania i Syntezy DNA, Instytut Biochemii i Biofizyki, Warszawa

⁴ Uniwersytet Śląski, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Katowice

⁵ Gdański Uniwersytet Medyczny, Katedra Mikrobiologii Farmaceutycznej, Gdańsk

malgorzata.waleron@ug.edu.pl, krzysztof.waleron@gumed.edu.pl

Mokra zgnilizna kaktusów, powodowana przez *Pectobacterium cacticida*, stanowi poważne zagrożenie dla ogrodnictwa i rolnictwa na całym świecie. Jej głównymi gospodarzami są *Opuntia* spp. w Australii i kaktusy Saguaro w USA. Odkryto ją także na słoneczniku w Meksyku. Kaktusy Saguaro są szczególnie zagrożone przez ten patogen. Przez lata obawiano się, że *P. cacticida* może doprowadzić do ich wyginięcia. Ostatnio zaproponowaliśmy zmianę rodzaju na *Alcorniella cacticida* comb. nov. na podstawie obszernych badań filogenetycznych i genomowych. Zsekwencjonowano genom pięciu szczepów i porównano je z genomami ich najbliższych krewnych genetycznych, rodzajem *Pectobacterium* i *Samsonia erythrinae*. *A. cacticida* różni się kilkoma cechami od przedstawicieli rodzaju *Pectobacterium*, w tym obecnością kwasów tłuszczowych 17:0 cyklo i 19:0 cyklo ω8c, zdolnością do wzrostu w wyższej temperaturze optymalnej niż *Pectobacterium* (między 27 a 37°C), zdolnością do wzrostu w pH 6 oraz zwiększoną odpornością na suszę. Różnice biochemiczne to brak ścieżki degradacji mio-inozytolu i zdolność do wykorzystania malonianu. Jego pan-genom zawiera 516 unikalnych białek głównie zaangażowanych w metabolizm komórkowy, szczególnie geny związane z metabolizmem i transportem węglowodanów, a także transportery ABC. Wśród unikalnych genów obecnych w badanych genomach są kompletna ścieżka syntezy piokseliny, gen peptydazy E pepE, czynnik zwiększający kolonizację gospodarza roślinnego, oraz gen deaminazy kreatyninowej *codA*, ścieżka degradacji ksylanu i geny oporności na triclosan. Wykazywały one silną patogenność w stosunku do *Opuntia* spp., cykorii, kapusty pekińskiej i ziemniaka, oraz umiarkowaną patogenność w stosunku do marchwi.

Nasze badania podkreślają konieczność monitorowania *A. cacticida*, niebezpiecznego patogenu o szerokim zakresie gospodarzy, obejmującym kaktusy. Przeprowadzone analizy pozwoliły rzucić światło na cechy wirulencji gatunku. Jego potencjał do łatwego rozprzestrzeniania się w nowe nisze ekologiczne w obliczu globalnego ocieplenia może uczynić go w przyszłości groźnym patogenem.

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

***Alcorniella cacticida* comb. nov. – a new face of the old adversary of cacti. Insights into pathogenicity and host specificity**

Joanna Jońca¹, Minna Pirhonen², Michał Mateusz Waleron¹, Jan Gawor³, Agnieszka Mrozik⁴, Magdalena Smoktunowicz⁵, Krzysztof Waleron⁵, Małgorzata Waleron¹

¹ *University of Gdansk, Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Gdansk*

² *University of Helsinki, Department of Agricultural Sciences, Helsinki, Finland*

³ *Polish Academy of Sciences, DNA Sequencing & Synthesis Facility, Institute of Biochemistry & Biophysics, Warsaw*

⁴ *University of Silesia, Institute of Biology, Biotechnology and Environmental Protection, Katowice*

⁵ *Department of Pharmaceutical Microbiology, Medical University of Gdansk, Gdansk*

malgorzata.waleron@ug.edu.pl, krzysztof.waleron@gumed.edu.pl

Soft rot disease of cacti, attributed to *Pectobacterium cacticida*, poses a grave threat to horticulture and agriculture worldwide. Its main hosts are *Opuntia* spp. in Australia and *Saguaro* cacti in USA. It was also discovered on the sunflower in Mexico. *Saguaro* cacti are especially endangered by this pathogen and for years it was feared that *P. cacticida* may lead to their extinction. Recently, we proposed reclassification of the genus into *Alcorniella cacticida* comb. nov. based on extensive phylogenetic and genomic studies. The genomes of five strains were sequenced and compared against the members of their closest genetic relatives, *Pectobacterium* genus and *Samsonia erythrinae*. *A. cacticida* differs in several characteristics from the members of *Pectobacterium* genus, including the presence of 17:0 cyclo and 19:0 cyclo ω8c fatty acids, the ability to grow at higher temperature than *Pectobacterium*, and increased resistance to drought. Biochemical differences are the absence of a myo-inositol degradation pathway, and the ability to utilize malonate. Its pangenome harbors 516 unique proteins predominantly involved in cellular metabolism, notably genes linked to carbohydrate metabolism and transport, as well as ABC transporters. Amongst unique genes are a complete pathway for pyochelin synthesis, *pepE* gene of peptidase E, a virulence factor enhancing colonization of the plant host, and creatinine deaminase gene *codA*, xylan degradation pathway and triclosan resistance genes. All of the five examined strains exhibited robust pathogenicity towards *Opuntia* spp., chicory, Chinese cabbage, and potato, while demonstrating a modest pathogenicity towards carrot.

Our studies highlight the need to monitor *A. cacticida*, a dangerous pathogen of broad host range, including but not limited to cacti. Its potential to easily spread to new ecological niches in the face of global warming may make it a formidable pathogen in the future.

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

W cieniu ziemniaka - jak burak cukrowy i słonecznik sprawiły, że *Pectobacterium betavasculatorum* umknęło uwadze fitopatologów

Małgorzata Waleron¹, Joanna Jońca¹, Renata Wawrzyniak², Maria Borowska-Beszta¹, Magdalena Smoktunowicz³, Lidia Zacharek¹, Daria Horoszkiewicz¹, Michał Waleron¹, Jan Gawor⁴, Adriana Mika⁵, Tomasz Śledziński⁵, Krzysztof Waleron³

¹ Uniwersytet Gdański, Laboratorium Ochrony i Biotechnologii Roślin, Gdańsk

² Gdański Uniwersytet Medyczny, Katedra Biofarmacji i Farmakodynamiki, Gdańsk

³ Gdański Uniwersytet Medyczny, Katedra Mikrobiologii Farmaceutycznej, Gdańsk

⁴ Polska Akademia Nauk, Pracownia Sekwencjonowania i Syntezy Oligonukleotydów, Warszawa

⁵ Gdański Uniwersytet Medyczny, Katedra Biochemii Farmaceutycznej, Gdańsk

malgorzata.waleron@ug.edu.pl, krzysztof.waleron@gumed.edu.pl

Rodzaj *Pectobacterium* badany jest jako czynnik wywołujący głównie choroby ziemniaków, podczas gdy gatunek *P. betavasculatorum* wywołuje martwicę naczyniową buraków cukrowych. Bakterie tego gatunku mogą również infekować inne rośliny uprawne, które odgrywają kluczowe role na rynku żywności i są wykorzystywane jako surowce do produkcji biopaliw czy bioplastików. Dotychczas nie opracowano metod wykrywania i identyfikacji *P. betavasculatorum* co niewątpliwie znacznie zaniża dane o jego faktycznym występowaniu i umniejsza znaczenie tego patogenu. W celu pozyskania jak najpełniejszej wiedzy o biologii *P. betavasculatorum*, przeprowadzono analizy fenomiczne, matabolomiczne i genomowe w celu zweryfikowania ich patogeniczności i zdolności adaptacyjnych. Genomika porównawcza *P. betavasculatorum* z innymi gatunkami *Pectobacterium* ujawniła kilka niezwykłych cech tego gatunku, które mogą wpływać na ich adaptację środowiskową. Wykryto geny unikalne dla *P. betavasculatorum*, które pozwoliły nam opracować metodę wykrywania i identyfikacji tego gatunku. W efekcie wykryto w Polsce, szczepy *P. betavasculatorum* w zbiornikach wodnych zlokalizowanych w pobliżu cukrowni. Profilowanie metaboliczne, genetyczne i analizy filogenomiczne wykazały, że izolaty z wody są identyczne ze szczepami z buraka cukrowego i najprawdopodobniej pochodzą z procesu produkcyjnego. Analizy pangenomiczne pozwoliły na wykrycie charakterystycznych cech dla szczepów *P. betavasculatorum* wyizolowanych z różnych roślin i wody. Unikalny skład genów korelował z rośliną żywicielską co można uznać za przykład adaptacji bakterii do roślin żywicielskich, umożliwiającą optymalne wykorzystanie składników odżywczych dostępnych w tkankach gospodarza. Przewidywana adaptacja do gospodarza została potwierdzona przez nieukierunkowaną metabolikę i profilowanie składu kwasów tłuszczowych. Wyniki analizy patogenomicznej korespondują z charakterystyką fenotypową. Testy patogeniczności potwierdziły przewidywania *in silico*, szczepy wyizolowane z wody mają zdolność wywoływania objawów chorobowych na różnych roślinach. Zatem dzięki dużej plastyczności metabolicznej bakterie z gatunku *P. betavasculatorum* mogą przenosić się z wodą, zmieniać roślinę żywicielską i dostosowywać do zmieniających się warunków środowiskowych, a tym samym są w stanie rozprzestrzeniać się w różnych regionach klimatycznych. Dlatego gatunek *P. betavasculatorum* należy uznać za ważny patogen w rolnictwie, zwłaszcza w dobie postępujących zmian klimatycznych i intensyfikacji międzynarodowego handlu roślinami, zwłaszcza na rynku spożywczym. Jest to istotny problem, ponieważ nie istnieją skuteczne metody zapobiegania i zwalczania tego patogenu.

Finansowanie: OPUS 18 – 2019/35/B/NZ9/01973

In the shadow of the potato - how sugar beet and sunflower made that *P. betavasculorum* evaded the attention of phytopathologists

Małgorzata Waleron¹, Joanna Jońca¹, Renata Wawrzyniak², Maria Borowska-Beszta¹, Magdalena Smoktunowicz³, Lidia Zacharek¹, Daria Horoszkiewicz¹, Michał Waleron¹, Jan Gawor⁴, Adriana Mika⁵, Tomasz Śledziński⁵, Krzysztof Waleron³

¹ University of Gdansk, Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Gdansk

² Medical University of Gdansk, Department of, Gdansk

³ Medical University of Gdansk, Department of Pharmaceutical Microbiology, Gdansk

⁴ Polish Academy of Sciences, DNA Sequencing & Synthesis Facility, Warsaw

⁵ Medical University of Gdansk, Department of Pharmaceutical Biochemistry, Gdansk

malgorzata.waleron@ug.edu.pl, krzysztof.waleron@gumed.edu.pl

Pectobacterium is known and studied mainly as the causative agent of soft rot and blackleg of potatoes, while *P. betavasculorum* is considered a causative agent of vascular necrosis in sugar beets. However, bacteria of this species can also infect other crops that play a crucial role in the food market and are used as raw materials, biofuels or bioplastics. So far, no rapid detection and identification methods have been developed. The identification difficulty undoubtedly significantly underestimates this pathogen's significance and global prevalence. To gain the broadest possible understanding of the biology of *P. betavasculorum*, extensive phenomic, metabolomic and genomic analyses were performed to verify their pathogenicity, virulence determinants, and adaptive capabilities. Comparative genomics of *P. betavasculorum* with other *Pectobacterium* species revealed several unusual features of this species that might influence their environmental faintness. Moreover, genes unique to *P. betavasculorum* allowed us to develop a qPCR method for detecting and identifying this species, which is not currently available. The newly designed primers enabled the detection of *P. betavasculorum* strains in the water reservoirs near a sugar factory in Poland. The fingerprinting and phylogenomic analyses revealed that these new isolates from water are identical to sugar beet strains and most likely come from the production process. Pangenomic analyses allowed the detection of common and unique features for *P. betavasculorum* strains isolated from different plants and water. The unique gene compositions correlated with the host plant from which strains were isolated and can be considered an adaptation of the bacteria to the host plants, enabling optimal use of the nutrients available in their host tissues. The predicted host adaptation was confirmed by untargeted metabolomics and fatty acid profiling. Pathogenomic analyses correspond well with the phenotypic characterisation. Strains isolated from water and plants have the same repertoire of virulence factors. Pathogenicity assays performed at laboratory conditions confirmed *in silico* predictions that strains isolated from water have ability to cause disease symptoms on various plants. However, thanks to their metabolic plasticity, bacteria can easily change the host plant and adapt to changing environmental conditions, and thus, they are able to spread on different climatic regions. Therefore, the species *P. betavasculorum* should be considered an important pathogen in agriculture, especially in the era of progressive climate change and intensification of international trade in plants, especially on the food market. This is a significant concern, as no effective preventive and eradication methods exist for this pathogen.

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

Acute Oak Decline – nowy czynnik związany z zamieraniem dębów w Polsce

Miłosz Tkaczyk, Katarzyna Sikora

Instytut Badawczy Leśnictwa, Zakład Ochrony Lasu, Sękocin Stary
m.tkaczyk@ibles.waw.pl

Proces wieloczynnikowej choroby spiralnej dębu od wielu lat interesuje naukowców z całego świata. W ostatnich publikacjach model ten został wzbogacony o nowe czynniki w tym zjawisko Acute Oak Decline wywoływane między innymi przez bakterie. W pracy przedstawiono badania tego zjawiska na obszarze największego kompleksu drzewostanów dębowych w Polsce, tzw. Płyty Krotoszyńskiej. Na terenie Nadleśnictwa Krotoszyn (zlokalizowanym w centralnej części Płyty Krotoszyńskiej) wytypowano fragment drzewostanu, w którym obserwuje się pogarszający stan zdrowotny drzew. Z pięćdziesięciu czterech osobników wykazujących objawy związane z Acute Oak Decline pobrano do inokulacji fragment tkanki, w którym potwierdzono obecność bakterii *Brenneria goodwinii* i *Gibbsiella quercinecans*. Uzyskane izolaty posłużyły do wykonania testów patogeniczności (w celu sprawdzenia postulatów Kocha) oraz do analiz biochemicznych dla polskich szczepów. Dodatkowo z tej samej powierzchni pobrano do analiz NGS (next-generation sequencing) fragmenty drewna z 5 drzew z widocznymi objawami oraz 5 drzew bezobjawowych. Materiał genetyczny izolowano z liofilizowanych fragmentów tkanek, a następnie region barkodowy V3-V4 podjednostki 16S rRNA poddano analizie metagenomowej na platformie MiSeq Illumina. Uzyskane wyniki poddano analizie bioinformatycznej, której wyniki wskazują na pewne różnice pomiędzy mikrobiomem drzew zdrowych i tych z objawami AOD. Uzyskane wyniki potwierdziły obecność bakterii i ich potencjał wywoływania martwicy u dębów, co wpisuje się w model choroby spiralnej. Powyższe wyniki wskazują, że proces osłabienia drzew na terenie Płyty Krotoszyńskiej jest zjawiskiem bardziej złożonym niż sądzono do tej pory.

Acute Oak Decline - a new agent associated with the dieback of oak in Poland

Miłosz Tkaczyk, Katarzyna Sikora

Forest Research Institute, Department of Forest Protection, Sękocin Stary
m.tkaczyk@ibles.waw.pl

The process of multifactorial oak spiral disease has been of interest to scientists from all over the world for many years. Recent publications have added new factors to this model, including the phenomenon of Acute Oak Decline caused by bacteria, among others. The study presents research on this phenomenon in the area of the largest complex of oak stands in Poland, the so-called Krotoszyńska plateau. In the Krotoszyn forest district (in the central part of the Krotoszyn plateau), a fragment of a forest stand was selected in which the deteriorating health of the trees was observed. From fifty-four specimens showing symptoms of Acute Oak Decline, a tissue fragment was taken for inoculation and the presence of *Brenneria goodwinii* and *Gibbsiella quercinecans* bacteria was confirmed. The isolates obtained were used for pathogenicity tests (to verify Koch's postulates) and for biochemical analyses of the Polish strains. In addition, wood fragments from 5 trees with visible symptoms and 5 asymptomatic trees from the same area were collected for NGS (Next Generation Sequencing) analyses. Genetic material was isolated from freeze-dried tissue fragments, and then the V3-V4 barcode region of the 16S rRNA subunit was subjected to metagenomic analysis on the MiSeq Illumina platform. The results obtained were subjected to bioinformatic analysis, the results of which indicated some differences between the microbiome of healthy trees and those with AOD symptoms. The results obtained confirmed the presence of bacteria and their potential to cause necrosis in oaks, which fits into the spiral disease model. The above results indicate that the process of tree weakening on the Krotoszyńska plate is a more complex phenomenon than previously thought.

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

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

¹ Zakład Ochrony I Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Gdański, Gdańsk

² Katedra i Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

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

⁴ Zakład Szczepionek Rekombinowanych, Uniwersytet Gdański, Gdańsk

daria.horoszkiewicz@phdstud.ug.edu.pl

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

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

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

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

¹ *Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, University of Gdansk, Gdansk*

² *Department of Pharmaceutical Microbiology, Medical University of Gdansk, Gdansk*

³ *DNA Sequencing & Synthesis Facility, Institute of Biochemistry & Biophysics PAS, Warsaw*

⁴ *Laboratory of Recombinant Vaccines, University of Gdansk, Gdansk*

daria.horoszkiewicz@phdstud.ug.edu.pl

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

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

***Kosakonia cowanii* jako nowy patogen bakteryjny infekujący soję (*Glycine max* Willd.)**

Krzysztof Krawczyk¹, Weronika Zenelt², Anna Hoffmann¹, Katarzyna Sadowska²

¹ Zakład Wirusologii i Bakteriologii, Instytut Ochrony Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

² Klinika Chorób Roślin i Bank Patogenów, Instytut Ochrony Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

k.krawczyk@iorpib.poznan.pl

Soja (*Glycine max* Willd.) jest jedną z najważniejszych gospodarczo roślin na świecie, a jej znaczenie stale rośnie. Badania przesiewowe pól soi w Polsce wskazały na wystąpienie nowej choroby soi, której objawy przypominają zarazę bakteryjną wywoływaną przez *Pseudomonas syringae* pv. *glycinae* i objawy wywołane przez *Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines*. Objawy choroby obserwowano na polu, na liściach badanych roślin.

Celem pracy była identyfikacja i charakterystyka czynnika sprawczego choroby. Wykluczono obecność wirusów i grzybów oraz wskazano bakterie jako potencjalny czynnik sprawczy choroby.

Identyfikacja w oparciu o testy biochemiczno-fizjologiczne (Biolog Gen III) i molekularne (sekwencjonowanie 16S rDNA i gyrB, startery specyficzne dla gatunku PCR) oraz spełnione postulaty Kocha wykazały, że czynnikiem sprawczym choroby soi jest bakteria *Kosakonia cowanii*. Szczepy *K. cowanii* występują powszechnie w środowisku. Część z nich jest patogeniczna dla roślin. Dlatego obecność tego typu patogenów w środowisku może stanowić poważne zagrożenie dla upraw i jest jednocześnie ostrzeżeniem, że w niedalekiej przyszłości możemy spotkać się z nowym typem patogenów bakteryjnych będących zarówno epi-, jak i endofitami i występujących powszechnie w środowisku.

Bakterie takie jak *K. cowanii* charakteryzują się dużym potencjałem metabolicznym i możliwością szybkiej kolonizacji nowych nisz ekologicznych i żywicieli. Są np. oportunistycznymi patogenami ludzi. Co ważne, patogeniczne dla roślin szczepy *K. cowanii* można odróżnić od tych niepatogenicznych dla roślin, dopiero post factum, w testach patogeniczności. Szczepy te są nie do odróżnienia lub bardzo trudne do rozróżnienia pod względem morfologicznym, biochemicznym czy molekularnym.

***Kosakonia cowanii* as a new bacterial pathogen infecting soybean (*Glycine max* Willd.)**

Krzysztof Krawczyk¹, Weronika Zenelt², Anna Hoffmann¹, Katarzyna Sadowska²

¹ Department of Virology and Bacteriology, Institute of Plant Protection - National Research Institute, Poznan

² Laboratory of the Plant Diseases Clinic and Pathogen Bank Institute of Plant Protection - National Research Institute, Poznan

k.krawczyk@iorpib.poznan.pl

Soybean (*Glycine max* Willd.) is one of the most important economic plants in the world, and its importance is constantly growing. Screening studies of soybean fields in Poland indicated the occurrence of a new soybean disease, the symptoms of which resemble bacterial blight caused by *Pseudomonas syringae* pv. *glycine* and symptoms caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *glycine*. Disease symptoms were observed in the field, on the leaves of the tested plants.

The aim of the study was to identify and characterize the causative agent of the disease. The presence of viruses and fungi was excluded and bacteria were indicated as a potential causative agent of the disease.

Identification based on biochemical-physiological tests (Biolog Gen III) and molecular tests (16S rDNA and *gyrB* sequencing, species-specific PCR primers) and fulfilled Koch's postulates showed that the causative agent of soybean disease is the bacterium *Kosakonia cowanii*, which strains are common in the environment, but some of them are pathogenic to plants. Therefore, the presence of such pathogens in the environment can pose a serious threat to crops and is at the same time a warning that in the near future we may encounter a new type of bacterial pathogen that is both epiphyte and endophyte and occurs commonly in the environment.

Bacteria such as *K. cowanii* are characterized by high metabolic potential and the ability to quickly colonize new ecological niches and hosts. They are, for example, opportunistic pathogens of humans. Importantly, plant-pathogenic strains of *K. cowanii* can only be distinguished from those that are non-pathogenic to plants, *post factum*, in pathogenicity tests. These strains are indistinguishable or very difficult to distinguish morphologically, biochemically or molecularly.

Wymagania fitosanitarne dla eksportu owoców na dalekie rynki

Monika Kałużna

Instytut Ogrodnictwa - Państwowy Instytut Badawczy, Skierniewice
monika.kaluzna@inhort.pl

Kontrola fitosanitarna towarów pochodzenia roślinnego, eksportowanych do krajów spoza Unii Europejskiej, od lat stanowi priorytetowe zadanie Państwowej Inspekcji Ochrony Roślin i Nasiennictwa (PIORiN) oraz Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi (MRiRW). W ramach dotacji celowej MRiRW zadania 5.1. pt: „Opracowywanie strategii zwalczania agrofagów na terenie kraju oraz wsparcie działań na rzecz pozyskiwania nowych rynków zbytu dla krajowych produktów pochodzenia roślinnego” Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy (PIB) od lat wspiera organy państwowe w działaniach na rzecz uzyskania dostępu do nowych rynków zbytu dla towarów pochodzenia roślinnego, poprzez opracowanie aktualnych raportów dotyczących oceny zagrożenia agrofagami (PRA) dla wybranych upraw roślin ogrodniczych. Działanie to jest ściśle powiązane z wymaganiami eksportowymi wyznaczanymi przez służby fitosanitarne potencjalnych odbiorców owoców i warzyw.

W ostatnich latach, w wymaganiach w ramach procedury analizy ryzyka (PRA), najczęściej określany jest wykaz agrofagów danej uprawy z uwzględnieniem organizmów kwarantannowych istotnych dla bezpieczeństwa fitosanitarnego, które mogłyby się przenieść w wraz z eksportowanym produktem pochodzenia roślinnego. Opracowane PRA musi zawierać:

- sprawcę choroby/objawów: jego nazwę naukową, pozycję taksonomiczną
- rozmieszczenie geograficzne/występowanie w Polsce
- biologia patogena
- objawy/szkodliwość w okresie wegetacji oraz straty gospodarcze podczas przechowywania owoców i warzyw
- zasady monitorowania agrofagów
- metody zapobiegania i zwalczania (profilaktyka, ochrona chemiczna i niechemiczna, naturalni wrogowie)
- możliwość przeniesienia z owocami/warzywami/roślinami ozdobnymi

Oprócz ściśle określonych agrofagów w przypadku niektórych państw wymagania obejmują także podanie:

- nazwy gatunku rośliny (naukowa i zwyczajowa).
- odmiany owoców wraz z charakterystyką owoców (kształt, wielkość, waga itp.)
- przedstawienie cech charakterystycznych i przeznaczenia produktu na wywóz
- obszary produkcji upraw (mapy)
- dane klimatyczne (temperatura, opady, wilgotność względna itp.) obszarów produkcji według pory roku
- fenologia upraw, termin siewu, rozwój wegetatywny, owocowanie i zbiór.

Wszystkie te działania mają na celu przygotowanie protokołów wymogów fitosanitarnych dla eksportu, które muszą zostać spełnione przez potencjalnych producentów/importerów, wysyłających materiał roślinny i/ lub wydanie świadectw fitosanitarnych. W ostatnich latach przygotowano kilkadziesiąt dokumentów procedur analizy ryzyka, z których większość przyczyniła się do otwarcia rynków państw trzecich i eksport polskich owoców i warzyw.

Badania prowadzone są w ramach zadania celowego 5.1 „Opracowywanie strategii zwalczania agrofagów na terenie kraju oraz wsparcie działań na rzecz pozyskiwania nowych rynków zbytu dla krajowych produktów pochodzenia roślinnego”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

Phytosanitary requirements for fruit export to distant markets

Monika Kałużna

The National Institute of Horticultural Research, Skierniewice

monika.kaluzna@inhort.pl

Phytosanitary control of products of plant origin exported to countries outside the European Union has for years been a priority task of the State Plant Health and Seed Inspection Service (PIORiN) and the Ministry of Agriculture and Rural Development (MRiRW).

As part of the MRiRW targeted subsidy, tasks 5.1. entitled: "Developing a strategy for pests control in the country and supporting activities aimed at obtaining new markets for domestic products of plant origin" The National Institute of Horticulture Research (PIB) has been supporting state authorities in activities aimed at gaining access to new markets for products of plant origin, by developing current reports on pest risk assessment (PRA) for selected horticultural crops. This activity is closely related to the export requirements set by phytosanitary services of potential recipients of fruit and vegetables.

In recent years, the requirements under the risk analysis procedure (PRA), most often specify a list of pests of a given crop, including quarantine organisms important for phytosanitary safety that could be transferred with the exported product of plant origin. The developed PRA must include:

- the causal agent of the disease/symptoms: its scientific name, taxonomic position
- geographical distribution/occurrence in Poland
- pathogen biology
- symptoms/damage during the growing season and economic losses during fruit and vegetable storage
- monitoring rules
- methods of prevention and control (prophylaxis, chemical and non-chemical protection, natural enemies)
- possible transfer with fruit/vegetables/ ornamental plants

In addition to specific pests, some countries also require the following:

- name of the plant species (scientific and common).
- fruit cultivars along with fruit characteristics (shape, size, weight, etc.)
- presentation of, characteristics and intended use of the product for export
- crop production areas (maps)
- climatic data (temperature, rainfall, relative humidity, etc.) of production areas by season
- crop phenology, sowing date, vegetative development, fruiting and harvesting.

All these activities aimed at preparing protocols of phytosanitary requirements for export, which must be met by potential producers/importers sending plant material and/or issuing phytosanitary certificates. In recent years, several dozen documents of risk analysis procedures have been prepared, most of which contributed to the opening of third-country markets and the export of Polish fruit and vegetables.

The research is conducted in the frame of the task 5.1 "Developing a strategy for combating pests in the country and supporting activities to acquire new markets for domestic products of plant origin", financed by the Ministry of Agriculture and Rural Development.

Nowe systemy wykrywania bakterii *Xanthomonas arboricola* pv. *corylina* sprawcy bakteryjnej zgorzeli leszczyny

Monika Kałużna¹, Andjelka Prokić², Aleksa Obradović², William A. Weldon³, Virginia Stockwell⁴, Joël F. Pothier⁵

¹ Instytut Ogrodnictwa - Państwowy Instytut Badawczy, Skierniewice,

² University of Belgrade, Faculty of Agriculture, Belgrade, Serbia

³ Valent BioSciences, Libertyville, IL, U.S.A.

⁴ United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service, Horticultural Crops Pests and Diseases Management Research Unit, Corvallis, OR, U.S.A.

⁵ Environmental Genomics and Systems Biology Research Group, Institute for Natural Resource Sciences, Zurich University of Applied Sciences (ZHAW), Wädenswil, Switzerland

monika.kaluzna@inhort.pl

Bakteria *Xanthomonas arboricola* pv. *corylina* (Xac) jest sprawcą bakteryjnej zgorzeli leszczyny, choroby powodującej straty ekonomiczne w produkcji orzechów laskowych na całym świecie. Przy dużym nasileniu straty mogą sięgać nawet 100%, szczególnie w szkółkach i na młodych plantacjach. Jednym z czynników ograniczających szkodliwość choroby jest jak najwcześniejsze jej wykrycie i podjęcie odpowiednich zabiegów.

W ramach realizacji zadań projektu Narodowego Centrum Nauki (NCN), pt.: „Zagrożenie roślin uprawnych przez *Xanthomonadaceae* ze szczególnym uwzględnieniem gatunków inwazyjnych *Xanthomonas arboricola* i *Xylella fastidiosa* oraz wektorów (UMO-2017/26/M/NZ9/01024) podjęto badania nad opracowaniem nowoczesnych systemów wykrywania bakterii *Xanthomonas arboricola* pv. *corylina* sprawcy bakteryjnej zgorzeli leszczyny. W pierwszym etapie badań przeprowadzono analizy porównawcze *in silico* genomów patowarów gatunku *X. arboricola* pozyskanych w ramach projektów sekwencjonowania genomów (WGS) wyselekcjonowano wysoce konserwatywne regiony. Na podstawie sekwencji tych regionów zaprojektowano startery do opracowania systemów wykrywania badanych bakterii z zastosowaniem: 1) konwencjonalnej reakcji PCR, 2) PCR w czasie rzeczywistym – (SYBR Green I i TaqMan) oraz 3) izotermicznej metody amplifikacji DNA (ang. Loop-Mediated Isothermal Amplification, LAMP). Następnie sprawdzono specyficzność zaprojektowanych starterów z DNA wszystkich typowych szczepów gatunku *X. arboricola*. Po wstępnych analizach skupiono się na walidacji i testowaniu starterów z genomowym DNA wyizolowanym ze szczepów *Xac*, patowarów gatunku *X. arboricola*, szczepów gatunków rodzaju *Xanthomonas* niedawno przeniesionych z poziomu patowaru do rangi gatunku, oraz innych izolatów bakterii i grzybów pozyskanych z leszczyny i orzecha włoskiego wykazujących objawy chorobowe. Wyniki badań potwierdziły specyficzność wybranych starterów tylko wobec *Xac*. Czułość testowanych metod i granica wykrywalności bakterii (limit of detection; LoD) DNA *Xac* różniła się nie tylko między opracowanymi systemami wykrywania, ale także w zależności od zastosowanych zestawów starterów. Jednak w każdym przypadku była ona bardzo wysoka nawet w obecności potencjalnych inhibitorów roślinnych, a czas oczekiwania na wynik waha się od 5 do 6 godzin w przypadku konwencjonalnej reakcji PCR, a ok. 1-2 godzin przy zastosowaniu metod qPCR i LAMP.

Jak dotąd opracowane metody identyfikacji *Xac* są pierwszymi dostępnymi tego typu narzędziami do szybkiego wykrywania sprawcy bakteryjnej zgorzeli leszczyny z wysoką czułością zarówno w czystej kulturze, jak i bezpośrednio w materiale roślinnym.

New detection systems of *Xanthomonas arboricola* pv. *corylina* the causal agent of bacterial blight of hazelnut

Monika Kałużna¹, Andjelka Prokić², Aleksa Obradović², William A. Weldon³, Virginia Stockwell⁴, Joël F. Pothier⁵

¹ *The National Institute of Horticultural Research, Skierniewice*

² *University of Belgrade, Faculty of Agriculture, Belgrade, Serbia*

³ *Valent BioSciences, Libertyville, IL, U.S.A.*

⁴ *United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service, Horticultural Crops Pests and Diseases Management Research Unit, Corvallis, OR, U.S.A.*

⁵ *Environmental Genomics and Systems Biology Research Group, Institute for Natural Resource Sciences, Zurich University of Applied Sciences (ZHAW), Wädenswil, Switzerland*

monika.kaluzna@inhort.pl

The bacterium *Xanthomonas arboricola* pv. *corylina* (Xac) is the causal agent of bacterial blight of hazelnut, a disease causing economic losses in hazelnut production around the world. At high intensity, losses can reach up to 100%, especially in nurseries and young plantations. One of the factors limiting the harmfulness of the disease is its earliest possible detection and appropriate treatment.

As part of the tasks of the National Science Center (NCN) project, entitled: "The threat of crop plants by *Xanthomonadaceae* with particular emphasis on the invasive species *Xanthomonas arboricola* and *Xylella fastidiosa* and vectors" (UMO-2017/26/M/NZ9/01024), research was undertaken to develop modern systems for detecting the bacteria *Xanthomonas arboricola* pv. *corylina*, the causal agent of bacterial blight of hazelnut.

In the first stage of the study, *in silico* comparative analyzes of the genomes of *X. arboricola* pathovars obtained as part of genome sequencing (WGS) projects were carried out, and highly conserved regions were selected. Based on the sequences of these regions, primers were designed to develop detection systems for the tested bacteria using: 1) conventional PCR, 2) real-time PCR - (SYBR Green I and TaqMan) and 3) Loop-Mediated Isothermal DNA amplification method (LAMP). Then, the specificity of the designed primers was checked with the DNA of all typical strains of the species *X. arboricola*. After preliminary analyses, we focused on validating and testing primers with genomic DNA isolated from the strains DNA isolated from: Xac, pathovars of the species *X. arboricola*, strains of species of the *Xanthomonas* genus recently transferred from pathovar level to the species rank, and other isolates of bacteria and fungi obtained from hazelnut and walnut showing disease symptoms. The results confirmed the specificity of the selected primers only towards Xac. The sensitivity of the tested methods and the limit of detection (LoD) of Xac DNA differed not only between the developed detection systems, but also depending on the primer sets used. However, in each case it was very high even in the presence of potential plant inhibitors, and the time for the result ranges from 5 to 6 hours in the case of conventional PCR, and approximately 1-2 hours when using qPCR and LAMP methods.

The Xac identification methods developed so far are the first tools available for quick detection of the causal agent of bacterial blight of hazelnut with high sensitivity, both in pure culture and directly in plant material.

Zastosowanie nanocząstek srebra otrzymanych na drodze zielonej syntezy przeciwko kwarantannowym i regulowanym w Unii Europejskiej niekwarantannowym patogenom bakteryjnym

Michał Prusiński¹, Jakub Orłowski¹, Agata Motyka-Pomagruk¹, Weronika Babińska-Wensierska¹, Anna Dzimitrowicz², Piotr Jamróz², Paweł Pohl², Ewa Łojkowska¹, Wojciech Śledź²

¹ Uniwersytet Gdański, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG i GUMed, Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Gdańsk

² Politechnika Wroclawska, Wydział Chemiczny, Katedra Chemii Analitycznej i Metalurgii Chemicznej, Wrocław

michal.prusinski@phdstud.ug.edu.pl

Patogeny kwarantannowe oraz regulowane niekwarantannowe, takie jak *Ralstonia solanacearum*, *Clavibacter sepedonicus*, *Xanthomonas campestris* oraz *Erwinia amylovora*, powodują istotne straty w rolnictwie oraz łatwo rozprzestrzeniają się z uwagi na trudność w wykrywaniu infekcji latentnych. Występowanie tych patogenów na terenie Unii Europejskiej jest okresowo monitorowane, a materiał siewny czy sadzeniakowy pochodzący z gospodarstw, gdzie stwierdzono obecność tych czynników chorobotwórczych jest niszczone.

Celem tej pracy było zbadanie potencjału nanocząstek srebra, uzyskanych na bazie azotanu srebra zredukowanego z udziałem ekstraktów wodnych z powszechnie występujących ziół: *Artemisia absinthium*, *Artemisia vulgaris*, *Echium vulgare*, *Glechoma hederacea*, *Solidago canadensis* oraz *Urtica dioica*, do eradykacji szczepów powyższych fitopatogenów.

Nanostruktury srebra otrzymaliśmy metodą zielonej syntezy. Przy pomocy techniki Dynamic Light Scattering zdeteminowaliśmy ich wielkość na mieszczącą się w zakresie 10-100 nm, a ich dokładne rozmiary wyniosły dla ekstraktu z *A. absinthium* 26±10 nm, *A. vulgaris* 30±8 nm, *E. vulgare* 40±15 nm, *G. hederacea* 22±8 nm, *S. canadensis* 23±8 nm i dla *U. dioica* 26±9 nm, co oznaczono pod mikroskopem transmisyjnym z spektrometrią rentgenowską z dyspersją energii. By wykazać właściwości bakteriobójcze określiliśmy wartości minimalnego stężenia hamującego (MIC) i minimalnego stężenia bakteriobójczego (MBC). W toku badań wykazaliśmy, iż nanocząstki o najwyższej efektywności zsyntetyzowane zostały z wykorzystaniem ekstraktu z *S. canadensis*, gdyż w przypadku tych nanostruktur najniższe MIC wyniosło 1,3 ppm względem *C. sepedonicus* a najwyższe 3,7 ppm w odniesieniu do *X. campestris*. Co ciekawe, uzyskane w tym badaniu stężenia MIC i MBC dla nanostruktur srebra są niższe od tych podawanych w literaturze przedmiotu, gdyż Gulamnabi i in. (2020) raportował MIC dla *R. solanacearum* na poziomie 12,5 ppm, natomiast Johanna i in. (2024) wyznaczył MIC względem *E. amylovora* na poziomie 50 ppm.

Planujemy w toku dalszych badań zwiększyć wydajność metody syntezy nanocząstek, zoptymalizować procedurę ich oczyszczania oraz zbadać ekotoksyczność nanostruktur względem naturalnie-występujących organizmów glebowych.

Praca naukowa dofinansowana ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Edukacji i Nauki pod nazwą Perły Nauki nr projektu PN/01/0050/2022.

Determining the usefulness of silver nanoparticles obtained *via* green synthesis against quarantine and regulated in European Union non-quarantine bacterial pathogens

Michał Prusiński¹, Jakub Orłowski¹, [Agata Motyka-Pomagruk](#)¹, Weronika Babińska-Wensierska¹, Anna Dzimitrowicz², Piotr Jamróz², Paweł Pohl², Ewa Łojkowska¹, Wojciech Śledź²

¹ *University of Gdańsk, Intercollegiate Faculty of Biotechnology UG & MUG, Department of Plant Protection and Biotechnology, Gdańsk*

² *Wrocław University of Science and Technology, Faculty of Chemistry, Department of Analytical Chemistry and Chemical Metallurgy, Wrocław*

michal.prusinski@phdstud.ug.edu.pl

Quarantine and regulated non-quarantine pathogens, such as *Ralstonia solanacearum*, *Clavibacter sepedonicus*, *Xanthomonas campestris* and *Erwinia amylovora*, cause significant losses in agriculture and spread easily due to difficult to detect latent infections. Their occurrence in the European Union is periodically monitored, and seed or planting material from farms where these pathogens have been found is destroyed.

The aim of this study was to investigate the potential of silver nanoparticles obtained on the basis of silver nitrate reduced using aqueous extracts from common herbs, represented in this study by *Artemisia absinthium*, *Artemisia vulgaris*, *Echium vulgare*, *Glechoma hederacea*, *Solidago canadensis* and *Urtica dioica* for eradication of strains of the above-mentioned species of regulated phytopathogenic bacteria.

Silver nanostructures were obtained *via* green synthesis. Using the Dynamic Light Scattering technique, we determined their size to enclose in 10-100 nm, and the exact sizes of nanoparticles equaled for the extract of *A. absinthium* 26±10 nm, for *A. vulgaris* 30±8 nm, for *E. vulgare* 40±15 nm, for *G. hederacea* 22±8 nm, for *S. canadensis* 23±8 nm and for *U. dioica* 26±9 nm, as determined by observation under a transmission microscope with X-ray spectrometry with energy dispersion. We determined bactericidal properties of the obtained nanoparticles by establishment of the minimum inhibitory concentration (MIC) and the minimum bactericidal concentration (MBC). In the course of our research, we showed that the nanoparticles of the highest efficiency were synthesized using *S. canadensis* extract, because in the case of these nanostructures, the lowest MIC amounted 1.3 ppm towards *C. sepedonicus* and the highest MIC was 3.7 ppm against *X. campestris*. The MIC and MBC of silver nanostructures revealed in this study are lower than these reported so far in the current literature by Gulamnabi et al. (2020), who reported 12.5 ppm MIC towards *R. solanacearum* or Johanna et al. (2024) that described 50 ppm MIC against *E. amylovora*

In the course of further research, we hope to increase the efficiency of the nanoparticles synthesis methods, optimize the purification process and study their ecotoxicity against naturally occurring soil organisms.

Funding: Polish Ministry of Education and Science, Pearls of Science granted to MSc Michał Prusiński project no. PN/01/0050/2022.

Zastosowanie aktywowanego zimną plazmą atmosferyczną roztworu płynu Lugola względem bakterii przynależących do różnych patowarów *Pseudomonas syringae*

Jakub Orłowski¹, Agata Motyka-Pomagruk¹, Weronika Babińska-Wensierska¹, Anna Dzimitrowicz², Dominik Terefinko², Piotr Jamróz², Paweł Pohl², Ewa Łojkowska¹, Wojciech Śledź¹

¹ Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, Uniwersytet Gdański, Gdańsk

² Katedra Chemii Analitycznej i Metalurgii Chemicznej, Politechnika Wrocławska, Wrocław
jakub.orlowski@phdstud.ug.edu.pl

Realia dzisiejszego rolnictwa naznaczone są wieloma wyzwaniami, z których najpewniej największym jest sukcesywny wzrost liczebności populacji ludzkiej. Co najmniej 10% rocznych plonów jest tracona z powodu chorób roślin. Dostępne środki ochrony roślin nie są idealne i między innymi dlatego w dążeniu do zrównoważonego rolnictwa kluczowe jest poszukiwanie nowych rozwiązań w hodowli roślin. Jedynym z nich może być użycie zimnej plazmy atmosferycznej, jako ekologicznej, fizycznej metody dedykowanej do zwalczania fitopatogenów. Po kontakcie z zimną plazmą roztwory zyskują nowe właściwości m.in. zmienia się ich pH, przewodnictwo, potencjał redoks, a także profil reaktywnych form tlenu i azotu.

W poniższych badaniach wykorzystano aktywowany zimną plazmą płyn Lugola w celu eradykacji różnych szczepów patogenicznej bakterii z gatunku *Pseudomonas syringae* (na przykładzie przedstawicieli patowarów *lachrymans*, *phaseolicola*, *maculicola*, *glycinea*, *tomato*). Aktywowany roztwór został otrzymany z zastosowaniem stałoprądowego wyładowania jarzeniowego typu dc-APGD, generowanego pod ciśnieniem atmosferycznym w kontakcie z przepływającą ciekłą katodą (FLC), którą była woda wodociągowa z płynem Lugola (0.0174%, w tym jodek potasu KI – 0,908 mg/l; jod I – 0,0454 mg/l). W celu określenia antybakteryjnych właściwości roztworu, zdefiniowane zostały wartości najmniejszego stężenia hamującego (ang. *Minimal Inhibitory Concentration*; MIC) oraz najmniejszego stężenia bakteriobójczego (ang. *Minimal Bactericidal Concentration*; MBC). Dodatkowo, zbadano wpływ aktywowanego zimną plazmą płynu Lugola na kiełkowanie i wczesny wzrost roślin (kapusty, ogórka, fasoli mung i pomidora) oraz zdeterminowano ekotoksyczność roztworu poprzez analizę zmiany masy dżdżownic (zgodnie z europejską normą PN-EN ISO 11268-1:2015).

Uzyskane wyniki wykazały, iż 50% i 25% rozcieńczenie aktywowanego plazmą dc-APGD roztworu działa bakteriobójczo (MBC) na przedstawicieli 4 patowarów *P. syringae*. Również zaobserwowano działanie hamujące wzrost bakterii *P. syringae* pv. *phaseolicola* przy aplikacji 50% roztworu. Co więcej, aplikacja tego roztworu nie miała negatywnego wpływu na kiełkowanie nasion badanych roślin oraz na długość kiełków większości analizowanych gatunków roślin. Wyjątek stanowiły kiełki pomidora, które po traktowaniu roztworem były krótsze średnio o 35,76%. Również, test ekotoksyczności nie wykazał negatywnego wpływu aplikacji roztworu aktywowanego plazmą na masę dżdżownic. Aktywowany zimną plazmą roztwór płynu Lugola okazał się być skuteczny do eradykacji badanych fitopatogenów. W połączeniu z neutralnym wpływem na tkanki roślinne oraz środowisko może potencjalnie być rozważany w przyszłości jako ekologiczny środek ochrony roślin. Wyniki przedstawionych badań zostały zgłoszone w Urzędzie Patentowym RP – Zgłoszenie patentowe nr. P.448656 z dnia 2024-05-23.

Application of cold plasma-activated Lugol's solution for eradication of various representatives of *Pseudomonas syringae* pathovars

Jakub Orłowski¹, [Agata Motyka-Pomagruk](#)¹, Weronika Babińska-Wensierska¹, Anna Dzimitrowicz², Dominik Terefinko², Piotr Jamróz², Paweł Pohl², Ewa Łojkowska¹, Wojciech Śledź¹

¹ *Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Intercollegiate Faculty of Biotechnology University of Gdansk and Medical University of Gdansk, University of Gdansk, Gdansk*

² *Department of Analytical Chemistry and Chemical Metallurgy, Wrocław University of Science and Technology, Wrocław*

jakub.orlowski@phdstud.ug.edu.pl

The realities of today's agriculture are marked by many challenges, the greatest of which is likely the successive growth of the human population. At least 10% of annual crops are lost due to plant diseases. The available plant protection methods are not ideal, and among other reasons, this is why seeking alternatives in plant breeding is crucial in the pursuit of sustainable agriculture. One of these approaches could be the use of cold atmospheric plasma, as an ecological, physical method dedicated to combating phytopathogens. After contact with cold plasma, the activated solutions gain new properties, including changes in pH, conductivity, redox potential, as well as formation of reactive oxygen and nitrogen species.

In the following research, Lugol's solution activated by cold plasma was used to eradicate the strains belonging to diverse pathovars of *Pseudomonas syringae* (pv. *lachrymans*, *phaseolicola*, *maculicola*, *glycinea*, *tomato*). The solution was obtained by exposure to direct current atmospheric pressure glow discharge (dc-APGD) in contact with a flowing liquid cathode (FLC). Its formulation was based on tap water with Lugol's solution (0.0174%, including potassium iodide KI - 0.908 mg/l; iodine I - 0.0454 mg/l). To determine the antibacterial properties of the solution, the values of the minimum inhibitory concentration (MIC) and the minimum bactericidal concentration (MBC) were defined. Additionally, the effect of Lugol's solution activated by cold plasma on the germination and early growth of plants (cabbage, cucumber, mung bean, tomato) was examined, as well as the ecotoxicity of the solution by analysis of the mass of earthworms (based on European Standard PN-EN ISO 11268-1:2015).

The obtained results showed that 50% and 25% dilutions of the solution had a bactericidal effect (MBC) on 4 strains of *P. syringae*. Also growth-inhibiting activity of the 50% solution was observed against *P. syringae* pv. *phaseolicola*. Moreover, the solution had no negative impact on the germination of the tested plants' seeds and on the length of sprouts of majority of the investigated plant species. A sole exception was tomato, whose sprouts were shorter by approx. 35.76% after treatment of the seeds with the activated Lugol's solution. Also, ecotoxicity tests showed no negative impact on the biomass of the tested earthworms. Cold plasma-activated Lugol's solution proved to be effective for eradication of the tested phytopathogens. Combined with its neutral effect on the plant tissues and the environment, it may be a potential ecological plant protection agent in the future. The presented results were submitted to the Polish Patent Office – Patent Application No. P.448656 dated 2024-05-23.

Fenotypowa i genotypowa charakterystyka szczepów bakterii pektynolitycznych z rodziny *Pectobacteriaceae* wyizolowanych ze środowiska wodnego

Weronika Babińska-Wensierska^{1,2,3}, Agata Motyka-Pomagruk^{1,2}, Kacper Smorawiński¹, Wojciech Śledź^{1,2}, Ewa Łojkowska^{1,2}

¹ Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

² Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowe, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

³ Pracownia Biochemii Fizycznej, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

weronika.babinska-wensierska@ug.edu.pl

Bakterie pektynolityczne z rodziny *Pectobacteriaceae* powodują poważne straty ekonomiczne na różnych roślinach uprawnych, warzywach i roślinach ozdobnych. Na szczególną uwagę zasługują bakterie z rodzajów *Pectobacterium* i *Dickeya*, które stanowią znaczne zagrożenie dla produkcji ziemniaków, gdyż wywołują choroby takie jak czarna nóżka i mokra zgnilizna. Do tej pory bakterie te izolowano z różnych środowisk, przykładowo zgniłych lub bezobjawowych roślin, gleby czy cieków wodnych. Podczas gdy wiele badań koncentruje się na bakteriach izolowanych z zakażonych roślin, mniej uwagi poświęca się tym pochodzącym ze zbiorników wodnych, pomimo tego, że zmiany klimatyczne i praktyki nawadniania zwiększają ryzyko rozprzestrzeniania się drobnoustrojów chorobotwórczych tą drogą. Dlatego celem projektu była identyfikacja i charakterystyka szczepów pektynolitycznych pochodzących z cieków wodnych na poziomie fenotypowym i genotypowym.

W tym badaniu przeanalizowano 70 wcześniej zidentyfikowanych do gatunku szczepów pektynolitycznych pochodzących z wód Polski, Wielkiej Brytanii, Francji, Finlandii i Izraela, a także 46 niezidentyfikowanych dotąd izolatów pozyskanych z monitoringu cieków wodnych w Polsce w 2013 roku. Wstępną identyfikację przeprowadzono przy użyciu pożywki CVP, multipleks PCR (Potrykus et al., 2014) i PCR specyficznego dla *Pectobacterium* (Darrasse et al., 1994). Kolejno przeprowadzono profilowanie genomowe 74 szczepów za pomocą BOX i ERIC PCR, a 28 szczepów wybrano do sekwencjonowania genów metabolizmu podstawowego (*recA* i *dnaX*) oraz testów fenotypowych. Badania wykazały obecność *D. chrysanthemi*, *D. aquatica*, *D. zae* i *P. aquaticum* w polskich ciekach wodnych. Ponadto wszystkie zidentyfikowane szczepy bakterii pektynolitycznych wykazywały zdolność do wytwarzania enzymów degradujących ścianę komórkową roślin, takich jak pektynazy, celulazy, proteazy, a także były zdolne do maceracji tkanki ziemniaka w warunkach laboratoryjnych.

W związku z częstszym nawadnianiem pól ziemniaka sadzeniaka, wynikającym z postępujących zmian klimatycznych, istotne jest monitorowanie występowania potencjalnych czynników chorobotwórczych w ciekach wodnych.

Phenotypic and genotypic characterization of pectinolytic bacterial strains from the family *Pectobacteriaceae* isolated from aquatic environments

Weronika Babińska-Wensierska^{1,2,3}, Agata Motyka-Pomagruk^{1,2}, Kacper Smorawiński¹, Wojciech Śledź^{1,2}, Ewa Łojkowska^{1,2}

¹ *Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Intercollegiate Faculty of Biotechnology, University of Gdańsk and Medical University of Gdańsk, Gdańsk*

² *Research and Development Laboratory, Intercollegiate Faculty of Biotechnology, University of Gdańsk and Medical University of Gdańsk, Gdańsk*

³ *Laboratory of Physical Biochemistry, Intercollegiate Faculty of Biotechnology, University of Gdańsk and Medical University of Gdańsk, Gdańsk*

weronika.babinska-wensierska@ug.edu.pl

Pectinolytic bacteria from the family *Pectobacteriaceae* cause high economic losses in various crops, vegetables, and ornamentals. Of particular note are *Pectobacterium* spp. and *Dickeya* spp., which pose a significant threat to potato production by causing blackleg and soft rot diseases. Thus far, these strains have been isolated from various environments *e.g.* rotten or asymptomatic plants, soil or waterways. While a substantial number of studies focused on bacteria isolated from infected plants, less attention has been attributed to the strains originating from the waterways, even though climate change and irrigation practices increase the risk of disease spread from this source. Therefore, the aim of this project was to identify and characterize pectinolytic strains originating from the waterways both at the phenotypic and genotypic levels.

In this study, we analyzed 70 previously identified to the species level pectinolytic strains from waters of Poland, UK, France, Finland, and Israel, along with 46 unidentified strains collected in 2013 during monitoring of waterways in Poland. The preliminary identification was done using CVP medium, Multiplex PCR (Potrykus et al., 2014), and *Pectobacterium*-specific PCR (Darrasse et al., 1994). Genomic profiling of 74 strains was performed using BOX and ERIC PCR, and 28 strains were selected for sequencing of housekeeping genes (*recA* and *dnaX*) and phenotypic assays. The conducted research has shown the presence of *D. chrysanthemi*, *D. aquatica*, *D. zea* and *P. aquaticum* in Polish waterways. Moreover, all the identified strains of pectinolytic bacteria showed the ability to produce plant-cell-wall-degrading enzymes, such as pectinases, cellulases, proteases, and were capable of macerating potato tissue under laboratory conditions.

In view of more frequent irrigation of seed potato fields, resulting from the ongoing climate warming, it is important to monitor the occurrence of potential disease-causing agents in waterways.

Analiza pęcherzyków zewnątrzkomórkowych pośredniczących w interakcji pomiędzy *Pectobacterium* i *Arabidopsis*

Małgorzata Waleron¹, Maria Borowska-Beszta¹, Joanna Jońca¹, Paulina Czaplewska², Krzysztof Waleron³

¹ Uniwersytet Gdański, Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin

² Uniwersytet Gdański, Laboratorium Spektrometrii mas-Core Facility

³ Gdański Uniwersytet Medyczny, Wydział Farmaceutyczny, Katedra i Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej

krzysztof.waleron@gumed.edu.pl

Rośliny i bakterie są uwalniają do środowiska pęcherzyki zewnątrzkomórkowe (EV), które przenoszą różne molekuły, kwasy nukleinowe, białka i lipidy. Roślinne pęcherzyki zewnątrzkomórkowe zawierają białka związane z obroną, które mogą zmniejszać zjadliwość patogenów. Bakteryjne EV zawierają efekторы, które biorą udział w patogeniczności i modulują odporność roślin.

W badaniu tym przeanalizowano pęcherzyki błonowe powstałe podczas interakcji między *Pectobacterium* i *Arabidopsis*. W celu identyfikacji ładunku EV przeprowadzono analizę MALDI-TOF/TOF-MS. Korzystając z mikroskopii elektronowej, wykazaliśmy, że zarówno *Pectobacterium*, jak i *Arabidopsis* wydzielają niewielkie ilości EV, gdy były hodowane oddzielnie w płynnym podłożu MS. Zaszczepienie kultury *Arabidopsis* bakteriami spowodowało zwiększoną produkcję EV. Analiza proteomiczna zawartości EV wykazała, że rośliny hodowane w obecności bakterii wydzielają trzy razy więcej białek niż w monokulturze. Spośród 394 białek zidentyfikowanych w EV wyizolowanych z roślin zaszczepionych bakteriami, 126 zidentyfikowano także w monokulturze *Arabidopsis*. Tylko 36 białek było unikalnych dla kultur roślin nie zainokulowanych bakteriami. Wśród białek roślinnych najliczniej występowały te związane z reakcją na stres, syntezą białek i różnymi transporterami. W przypadku białek bakteryjnych wykryto czynniki zjadliwości. Nasze wyniki wskazują, że EV pośredniczą w interakcji między roślinami i bakteriami, a ich ładunek składa się z białek, które odgrywają rolę w zjadliwości i pozyskiwaniu składników odżywczych.

Finansowanie: OPUS18-2019/35/B/NZ9/01973.

The analysis of extracellular vesicles mediating the interaction between *Pectobacterium* and *Arabidopsis*

Malgorzata Waleron¹, Maria Borowska-Beszta¹, Joanna Jońca¹, Paulina Czaplewska², Krzysztof Waleron³

¹ University of Gdansk, Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Gdansk

² University of Gdansk, Laboratory of Mass Spectrometry-Core Facility Laboratories, Gdansk

³ Medical University of Gdansk, Department of Pharmaceutical Microbiology, Gdansk

krzysztof.waleron@gumed.edu.pl

Plants and bacteria release extracellular vesicles (EVs) that carry various molecules, nucleic acids, proteins, and lipids. Plant EVs contain defence-related proteins that may reduce the virulence of pathogens. Bacterial EVs contain effectors that participate in pathogenicity and modulate plant immunity.

In our study we analysed the EVs produced during the interaction between *Pectobacterium* and *Arabidopsis*. The MALDI-TOF/TOF-MS analysis was conducted to identify the cargo of EVs. Using electron microscopy, we showed that both *Pectobacterium* and *Arabidopsis* secreted small amounts of EVs when they were cultivated separately as monocultures in a liquid MS medium. The inoculation of *Arabidopsis* culture with bacteria resulted in increased production of EVs. Proteomics analysis of the EVs content showed that three times more proteins were secreted when plants were cultivated in the presence of bacteria than alone. Among 394 proteins identified in EVs isolated from plants inoculated with bacteria, 126 were also recognised for the monoculture of *Arabidopsis*. Only 36 proteins were unique for the non-inoculated plants. Among the plant proteins, the most abundant were those related to the stress response, protein synthesis and various transporters. In the case of bacterial proteins, virulence factors were detected. Our results indicate that EVs mediate the interaction between plants and bacteria, and their cargo consists of proteins that play a role in virulence and nutrient acquisition.

Funding: OPUS18-2019/35/B/NZ9/01973.

***Rouxiella badensis* jako nowy patogen cebuli w Polsce**

Artur Mikiciński, Joanna Puławska

Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy, Skierniewice
artur.mikicinski@inhort.pl

W 2023 roku na plantacji towarowej cebuli odmiany Rijnsburger zlokalizowanej w północnej Polsce (Lidzbark Warmiński) zaobserwowano zmiany chorobowe objawiające się więdnieniem i wysychaniem liści. Dodatkowo następował rozkład tkanek cebul, których zewnętrzne części zmieniły kolor na ciemnożółty lub brązowy i sprawiały wrażenie uwodnionych.

Z pogranicza chorych i zdrowych tkanek izolowano bakterie, które posiewano na pożywkę NAS (agar odżywczy z 5% sacharozą). W kolejnym etapie wybrano reprezentatywne bakterie, pod względem morfologii kolonii, i ponownie posiano je na pożywkę NAS, w celu uzyskania czystych kultur. Dla wybranych bakterii przeprowadzono testy nadwrażliwości na tytoniu (HR) (Klement 1963) oraz zdolności do rozkładu tkanek ziemniaka (Mikiciński i in., 2010). Wszystkie izolaty dały wynik negatywny, w związku z czym przeprowadzono test patogeniczności na łuskach czerwonej cebuli (Zhao i in., 2022). Dwa izolaty: C40A i C46B dały wynik pozytywny, powodując zmiany chorobowe objawiające się mięknieniem i odbarwieniem tkanek wokół miejsc wprowadzenia bakterii do tkanek cebuli na powierzchni łusek. Jako kontrolę pozytywną do badania włączono patogenny szczep *Pantoea ananatis* T5/1 z kolekcji własnej.

Obydwa izolaty były bakteriami Gram-ujemnymi, nie posiadały zdolności do wytwarzania przetrwalników, były fakultatywnie beztlenowe, miały zdolność wytwarzania kwasu z glukozy, nie wykorzystywały argininy.

Aby spełnić postulaty Kocha, z porażonych tkanek cebuli wyizolowano bakterie, a ich tożsamość potwierdzono za pomocą sekwencji 16S rRNA.

Obydwa patogenne izolaty zidentyfikowano na podstawie analizy sekwencji genu 16S rRNA (Weisburg i in., 1991) (nr dostępu GenBank PP069279-80) i porównanie go z bazą danych EzTaxon (www.ezbiocloud.net) i metodą analizy filogenetycznej. Na podstawie analiz sklasyfikowano je jako *Rouxiella badensis* z 99,93% podobieństwem sekwencji do sekwencji 16S rRNA szczepu typowego tego gatunku.

Jest to pierwsze doniesienie w Polsce dokumentujące porażenie cebuli przez bakterie *Rouxiella badensis*.

Literatura:

Klement Z. (1963) Method for rapid detection of the pathogenicity of phytopathogenic *Pseudomonas*. Nature (Lond.) 199: 299-300

Mikiciński A, Sobiczewski P, Puławska J, Treder J. (2010) Involvement of *Paenibacillus polymyxa* in the etiology of bacterial soft rot of calla lily. J Plant Pathol 92(2):365-370

Weisburg WG, Barns SM, Pelletier DA, Lane DJ (1991) 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study. J Bacteriol 173(2):697-703

Zhao M, Tyson C, Gitaitis R, Kvitko B, Dutta B (2022) *Rouxiella badensis*, a new bacterial pathogen of onion causing bulb rot. Front Microbiol DOI 10.3389/fmicb.2022.1054813

***Rouxiella badensis* as a new onion pathogen in Poland**

Artur Mikiciński, Joanna Puławska

The National Institute of Horticultural Research, Skierniewice
artur.mikicinski@inhort.pl

In 2023, disease lesions visible with wilting and drying of leaves were observed on a commercial plantation of the Rijnsburger variety of onions located in northern Poland (Lidzbark Warmiński). Additionally, the bulb tissues decomposed, the outer parts turning dark yellow or brown and looked water-soaked.

Bacteria were isolated from the border of diseased and healthy tissues and spread onto NAS medium (nutrient agar with 5% sucrose). In the next step, representative bacteria were selected as a criterion colony morphology and re-inoculated onto NAS medium to obtain pure cultures. Tobacco hypersensitivity (HR) tests (Klement 1963) and the ability to degrade potato tissues (Mikiciński et al., 2010) were performed for selected bacteria. All isolates were negative, so a pathogenicity test was performed on red onion skins (Zhao et al., 2022). Two isolates: C40A and C46B gave positive results, causing lesions manifested by softening and discoloration of tissues around the places where the bacteria were introduced into the onion tissues on the surface of the scales. The pathogenic *Pantoea ananatis* T5/1 strain from our collection was included in the study as a positive control.

Both isolates were Gram-negative bacteria, could not produce spores, were facultatively anaerobic, had the ability to produce acid from glucose, and did not use arginine.

To fulfill Koch's postulates, bacteria were isolated from infected onion tissues, and their identity was confirmed using 16S rRNA sequences.

Both pathogenic isolates were identified based on 16S rRNA gene sequence analysis (Weisburg et al., 1991) (GenBank accession no. PP069279-80) and comparison with the EzTaxon database (www.ezbiocloud.net) and phylogenetic analysis. Based on the analyses, they were classified as *Rouxiella badensis* with 99.93% sequence similarity to the 16S rRNA sequence of the type strain of this species.

This is the first report in Poland documenting onion infection by *Rouxiella badensis*.

Literature:

Klement Z. (1963) Method for rapid detection of the pathogenicity of phytopathogenic *Pseudomonas*. Nature (Lond.) 199: 299-300

Mikiciński A, Sobiczewski P, Puławska J, Treder J. (2010) Involvement of *Paenibacillus polymyxa* in the etiology of bacterial *soft* rot of calla lily. J Plant Pathol 92(2):365-370

Weisburg WG, Barns SM, Pelletier DA, Lane DJ (1991) 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study. J Bacteriol 173(2):697-703

Zhao M, Tyson C, Gitaitis R, Kvitko B, Dutta B (2022) *Rouxiella badensis*, a new bacterial pathogen of onion causing bulb rot. Front Microbiol DOI 10.3389/fmicb.2022.1054813

Wysokoprzepustowa analiza fenotypowa szczepów typowych dla bakterii z rodziny *Pectobacteriaceae*

Kamil Dąbrowski¹, Marcin Pitek¹, Anna Skrobińska¹, Jan Kretowicz¹, Adrianna Sołtysiak¹, Klaudia Kochanowicz¹, Mateusz Musiejuk^{1,2}, Agata Motyka-Pomagruk³, Weronika Babińska Wensierska³, Natalia Kaczyńska³, Ewa Łojkowska³, Wojciech Śledź³

¹ *Biuro Techniczno-Prawne Adam Turczyński, Laboratorium Badań i Rozwoju, Olsztyn*

² *Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Katedra Chemii, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa, Olsztyn*

³ *Uniwersytet Gdański, Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowe Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego*

kdabrowski97@gmail.com

Bakterie z grupy Soft Rot *Pectobacteriaceae* (SRP) to pektynolityczne, Gram-ujemne fitopatogenne pałeczki, wywołujące m.in. takie choroby roślin, jak mokra zgnilizna i czarna nóżka ziemniaka. Szczepy sklasyfikowane do SRP są rozpowszechnione na różnych szerokościach geograficznych i występują w niejednakowych środowiskach. Co ciekawe, drobnoustroje te charakteryzują się szerokim zróżnicowaniem cech fenotypowych, co stanowi wyzwanie w ich klasyfikacji i identyfikacji. Detekcja ich występowania oraz właściwa identyfikacja do gatunku może przysparzać szczególnych problemów w związku z współdzieleniem niszy (a co za tym idzie, często cech fenotypowych) z innymi gatunkami fitopatogennych bakterii, szczególnie z rodzaju *Pseudomonas*.

Celem przeprowadzonego badania było szczegółowe określenie właściwości fenotypowych szczepów typowych dla gatunków z grupy SRP oraz ich analiza porównawcza. Przeprowadzono kompleksowe profilowanie fenotypowe 31 szczepów z rodzajów *Pectobacterium* i *Dickeya* oraz niedawno wyodrębnionych grup taksonomicznych *Musicola* oraz *Alcorniella*. Korzystając z narzędzia Phenotype MicroArray (BIOLOG, USA) oznaczono zdolność do utylizacji i kinetykę rozkładu 190 źródeł węgla, 95 źródeł azotu, 59 źródeł fosforu, 35 źródeł siarki, 95 dodatków odżywczych, oraz 285 peptydowych źródeł azotu. Pomiary kinetyczne posłużyły również do określenia zdolności do wzrostu w obecności związków osmotycznie czynnych, tolerowanego zakresu pH oraz oporności na szereg substancji o działaniu bakteriostatycznym lub bakteriobójczym. Uzyskane wyniki wskazują na znaczące zróżnicowanie fenotypowe wśród badanych przedstawicieli gatunków SRP, co odzwierciedla ich możliwości adaptacji do środowiska i wywoływania chorób w szerokim zakresie nosicieli. Zaobserwowano zarówno unikalne cechy, specyficzne dla poszczególnych gatunków, jak i wspólne właściwości charakterystyczne dla większych podgrup w obrębie SRP, takie jak na przykład zdolność do efektywnego wykorzystywania jako źródła węgla nie tylko pektyny, ale też D-asparagianinu, arbutyny czy salicyny, a także stymulację tempa multiplikacji komórek w obecności czerwieni rutenowej. Analiza danych pozwoliła na wyodrębnienie kluczowych markerów fenotypowych, które mogą służyć do wsparcia przyszłych badań nad identyfikacją i klasyfikacją szczepów z tej grupy. Badanie to dostarcza nowych informacji na temat różnorodności fenotypowej w grupie SRP, co może mieć znaczenie dla zrozumienia mechanizmów adaptacyjnych oraz przysłużyć się do opracowania bardziej precyzyjnych metod diagnostycznych, między innymi przez opracowywanie nowych składów podłoży selekcyjnych.

High-throughput phenotype analysis of type strains bacteria belonging to the *Pectobacteriaceae* family

Kamil Dąbrowski¹, Marcin Pitek¹, Anna Skrobińska¹, Jan Kretowicz¹, Adrianna Sołtysiak¹, Klaudia Kochanowicz¹, Mateusz Musiejuk^{1,2}, Agata Motyka-Pomagruk³, Weronika Babińska Wensierska³, Natalia Kaczyńska³, Ewa Łojkowska³, Wojciech Śledź³

¹ *Biuro Techniczno-Prawne Adam Turczynski, Research and Development Laboratory, Olsztyn*

² *University of Warmia and Mazury, Department of Chemistry, Faculty of Agriculture and Forestry, Olsztyn*

³ *University of Gdansk, Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Research and Development Laboratory, Intercollegiate Faculty of Biotechnology University of Gdansk and Medical University of Gdansk*

kdabrowski97@gmail.com

Bacteria referred to as Soft Rot *Pectobacteriaceae* (SRP) are pectinolytic, Gram-negative phytopathogenic rods, causing plant diseases such as soft rot and potato blackleg. These pests are widely distributed in various geographical regions and tend to be detected in diverse environments. It is a challenge to detect and properly classify these bacteria as they cause indistinguishable disease symptoms. Furthermore, they often share multiple phenotypic traits, due to inhabitation of the same environmental niche, with other species of phytopathogenic bacteria, especially from the genus *Pseudomonas*.

This study aimed to comprehensively characterize the phenotypic properties of type strains belonging to the SRP group and to conduct a comparative analysis. Extensive phenotypic profiling was conducted for 31 strains from the genera *Pectobacterium* and *Dickeya*, as well as the newly distinguished taxa *Musicola* and *Alcorniella*. Here, using Phenotype MicroArrays (BIOLOG, USA) we examined the ability and kinetics of utilizing 190 carbon sources, 95 nitrogen sources, 59 phosphorus sources, 35 sulfur sources, 95 nutritional additives, and 285 peptide nitrogen sources. Kinetic measurements were also used to determine the growth capacity in the presence of osmotically active compounds, the tolerated pH range, and resistance to a range of bacteriostatic or bactericidal substances.

The results indicate significant phenotypic diversity among the studied SRP species, reflecting their ability to adapt to the environment and cause diseases in a wide range of hosts. We observed some unique features specific to the representatives of individual species and characteristics that are commonly shared by most SRP strains, such as preference toward not only pectin but also D-aspartic acid, salicin, and arbutin utilization or growth acceleration in the presence of ruthenium red dye. Data analysis allowed us to identify key phenotypic markers that can serve as a basis for future studies on the identification and classification of strains within this group. This research provides new insights into the phenotypic diversity within the SRP group, which can be crucial for understanding adaptive mechanisms and for the development of more precise diagnostic methods, including formulations of novel selective media.

Badania nad chorobami podsuszkowymi jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)

Elżbieta Mielniczuk¹, Elżbieta Patkowska¹, Karolina Job²

¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Katedra Ochrony Roślin, Lublin

² Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o. o. Grupa IHAR, Strzelce

elzbieta.mielniczuk@up.lublin.pl

Jęczmień (*Hordeum vulgare* L.) jest jednym z głównych zbóż uprawianych w krajach o klimacie umiarkowanym i zajmuje czwarte miejsce na świecie pod względem wielkości produkcji. W 2019 roku wyprodukowano ok. 159 mln ton ziarna jęczmienia, które jest wykorzystywane głównie jako pasza i do produkcji piwa. Ziarno jęczmienia jest wykorzystywane także do wyrobu kasz, płatków, otrębów i mąki. Przetwory jęczmienne charakteryzuje duża zawartość błonnika pokarmowego, a zwłaszcza frakcji rozpuszczalnej, zatem polecane są konsumentom jako środki profilaktyczne w walce z chorobami cywilizacyjnymi.

Problem porażania korzeni i podstawy źdźbła zbóż przez patogeny grzybowe nabiera w ostatnich latach szczególnego znaczenia, zwłaszcza w związku z coraz szerszą uprawą roślin zbożowych w monokulturach, z pominięciem tradycyjnego płodozmianu, jak również z wprowadzaniem uproszczonych systemów uprawy gleby.

Prezentowane badania przeprowadzono w latach 2020–2022 na polach Hodowli Roślin Strzelce Sp. z o. o. Grupa IHAR (woj. łódzkie). Objęto nimi 10 odmian jęczmienia jarego: Adwokat, Farmer, Mecenias, Oberek, Podarek, Skarb, Suweryn, Radek, Ramzes i Teksas. W każdym roku badań, w fazie dojrzałości woskowej twardej ziarna (87 BBCH) oceniano porażenie korzeni i dolnych międzywęźli źdźbeł.

Odsetek źdźbeł wykazujących objawy chorobowe w postaci nekrozy korzeni oraz dolnych międzywęźli wynosił od 12 do 55% w 2020 roku, od 24 do 63% w 2021 roku i od 19 do 54% w 2022 roku. Analiza mykologiczna porażonych roślin wykazała, że główną przyczyną chorób podsuszkowych jęczmienia były grzyby rodzaju *Fusarium*, a w szczególności gatunki *F. culmorum*, *F. equiseti* i *F. sporotrichioides* oraz *Bipolaris sorokiniana*.

Investigation on root and stem rot diseases of spring barley (*Hordeum vulgare* L.)

Elżbieta Mielniczuk¹, Elżbieta Patkowska¹, Karolina Job²

¹ *University of Life Sciences in Lublin, Department of Plant Protection, Lublin*

² *Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o. o. Grupa IHAR, Strzelce*

elzbieta.mielniczuk@up.lublin.pl

Barley (*Hordeum vulgare* L.) is one of the main cereals grown in temperate countries and ranks fourth in the world in terms of production volume. In 2019, approximately 159 million tons of barley grain were produced, which is mainly used as feed and for beer production. Barley grain is also used to the production of groats, flakes and flour. Barley products are characterized by a high content of dietary fiber, especially the soluble fraction, so they are recommended to consumers as preventive measures in the fight against lifestyle diseases.

Due to the increasingly common cultivation of cereal crops in monocultures, without traditional crop rotation, as well as the introduction of simplified soil cultivation systems (minimum tillage system), diseases of cereal roots and stem bases are a major problem.

The investigations were carried out in 2020-2022 on the fields of Breeding Company - Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o. o. Grupa IHAR (Łódź Voivodeship). They covered 10 cultivars of spring barley: Adwokat, Farmer, Mecenas, Oberek, Podarek, Skarb, Suveren, Radek, Ramzes and Teksas. Disease symptoms were recorded in each vegetation season at the hard dough stage (87 BBCH -scale).

The percentage of barley stems with necrosis symptoms on lower internodes and on roots ranged from 12 to 55% in 2020, from 24 to 63% in 2021 and from 19 to 54% in 2022. The results of mycological analysis of diseased plants showed that *Fusarium* spp., especially *F. culmorum*, *F. equiseti*, *F. sporotrichioides* and *Bipolaris sorokiniana* were the main pathogens infecting the roots and stem base of barley.

Rozprzestrzenianie grzybów przez zwierzęta w ekosystemach leśnych

Marta Bełka¹, Kathrin Blumenstein²

¹ *Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Leśny i Technologii Drewna, Katedra Entomologii Leśnej i Fitopatologii*

² *Pathology of Trees, Institute of Forestry, Faculty of Environment and Natural Resources, University of Freiburg, Freiburg, Niemcy*

marta.belka@up.poznan.pl

Grzyby są kluczowymi komponentami funkcjonowania wszelkich ekosystemów, pełniąc w nich role destruentów, symbiontów, patogenów oraz stanowiąc źródło pożywienia. Podczas gdy wiele gatunków grzybów rozprzestrzenia się za pomocą wiatru, wody lub bezpośredniego kontaktu, znaczący, lecz często niedoceniany wpływ na ten proces mają zwierzęta. Ssaki, ptaki, owady i stawonogi zostały zidentyfikowane jako skuteczne wektory, umożliwiają grzybom dyspersję na znaczne odległości i do różnorodnych siedlisk. Taka dyspersja grzybów może przyczyniać się do zwiększenia bioróżnorodności i odporności ekosystemów. Na przykład grzyby mikoryzowe odgrywają kluczową rolę w cyklu biogeochemicznym składników odżywczych i wzroście roślin, a ich dyspersja przez zwierzęta może zwiększać różnorodność roślinności i zdrowie ekosystemów. Dodatkowo, zwierzęta mogą działać jako wektory patogenów grzybowych, rozprzestrzeniając choroby, które wpływają na populacje dzikich zwierząt. Aby efektywnie chronić ekosystemy, niezbędne jest zrozumienie mechanizmów i wzorców dyspersji grzybów przez zwierzęta. Identyfikacja kluczowych gatunków zwierząt zaangażowanych w ten proces, wraz z analizą ich wzorców ruchu i interakcji ekologicznych, pozwoli na opracowanie ukierunkowanych strategii, które mogą ograniczyć rozprzestrzenianie się szkodliwych patogenów oraz wspierać korzystne symbiozy grzybowe.

Badania nad wpływem zmian środowiskowych, takich jak fragmentacja siedlisk i zmiany klimatyczne, na interakcje grzybów ze zwierzętami mogą dostarczyć cennych informacji na temat potencjalnych zmian w dynamice dyspersji grzybów i wzorcach przenoszenia chorób. Niniejsze opracowanie podsumowuje aktualny stan wiedzy na temat dyspersji grzybów przez różne grupy zwierząt, kładąc nacisk na mechanizmy, zależności ekologiczne oraz potencjalne konsekwencje dla zdrowia ekosystemów leśnych.

Fungal dispersal by animals in forest ecosystems

Marta Bełka¹, Kathrin Blumenstein²

¹ *Department of Forest Entomology and Pathology, Faculty of Forestry and Wood Technology, Poznań University of Life Sciences, Poland*

² *Pathology of Trees, Institute of Forestry, Faculty of Environment and Natural Resources, University of Freiburg, Freiburg, Germany*

marta.belka@up.poznan.pl

Fungi are integral to ecosystem function, serving as decomposers, symbionts, pathogens, and a food source. While the dispersal of many fungal species is often attributed to wind, water, or direct contact, the role of animals in fungal spread is a significant yet underappreciated factor. Mammals, birds, insects, and arthropods have been identified as effective vectors, enabling fungi to travel long distances and into varied habitats. This animal-mediated dispersal can enhance biodiversity and ecosystem resilience. Mycorrhizal fungi, for instance, are crucial for nutrient cycling and plant growth, and their animal-facilitated spread can boost plant diversity and overall ecosystem health. Additionally, animals can act as vectors for fungal pathogens, spreading diseases that impact wildlife populations. To effectively manage and conserve ecosystems, it is essential to understand the mechanisms and patterns of fungal dispersal via animals. By pinpointing the critical animal species involved and their movement behaviours and ecological interactions, we can develop targeted strategies to control the spread of harmful pathogens and encourage beneficial fungal relationships.

Research into how environmental changes, such as habitat fragmentation and climate change, affect fungal-animal interactions can shed light on shifts in fungal dispersal dynamics and disease transmission patterns. This work consolidates current knowledge on fungal dispersal by various animal groups, emphasising the mechanisms at play, ecological impacts, and the potential consequences for forest health.

Interakcje pomiędzy *Bipolaris sorokiniana* Sacc. a innymi grzybami zasiedlającymi nasiona zbóż

Barbara Wiewióra¹, Grzegorz Żurek¹, Katarzyna Gleń-Karolczyk²

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Bioenergetyki, Analiz Jakości i Nasiennictwa, Radzików

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Fitopatologii i Nasiennictwa, Poznań
b.wiewiora@ihar.edu.pl

Ochrona naturalna roślin przed chorobami, szkodnikami i stresami środowiskowymi jest kluczowym aspektem w zrównoważonej produkcji roślin. W obliczu zmian klimatycznych, zagrożenia dla upraw związane z występowaniem chorób powodowanych przez grzyby stają się coraz bardziej istotne. Jednym z głównych problemów w uprawach zbóż jest brunatna plamistość liści wywołana przez patogena *Bipolaris sorokiniana* Sacc, który atakuje wiele gatunków roślin uprawnych, zwłaszcza w cieplejszych obszarach wzrostu, powodując znaczne straty plonu. Jednocześnie pomiędzy grzybami zasiedlającymi rośliny czy nasiona mogą zachodzić różne interakcje. Wśród nich może występować konkurencja o zasoby, symbioza, mutualizm, pasożytnictwo, antagonizm czy neutralna koegzystencja. Te różnorodne interakcje między grzybami mogą mieć istotny wpływ na jakość i trwałość zbiorów, dlatego też są one ważnym obszarem badań w zakresie ochrony roślin i bezpieczeństwa żywności.

Celem przeprowadzonego badania była ocena wpływu wybranych grzybów mikroskopijnych na wzrost i rozwój *B. sorokiniana* poprzez eksperymenty z kulturą dwuskładnikową. Dodatkowo, badanie miało na celu identyfikację potencjalnych kandydatów do biologicznej kontroli plamistości liści spowodowanej przez tego patogena.

Wyniki eksperymentu wykazały, że tylko kilka testowanych grzybów miało istotny wpływ na wzrost *B. sorokiniana*. Obecność gatunków takich jak *Trichoderma viride*, *Fusarium graminearum* i *Botrytis cinerea* spowodowała redukcję wzrostu *B. sorokiniana* o co najmniej 50%. Inne grzyby, jak *Sordaria fimicola*, *Epicoccum purpurascens*, *Fusarium sporotrichioides*, *F. culmorum* i *Nigrospora oryzae*, spowodowały redukcję o co najmniej 40%. Większość (75%) testowanych gatunków grzybów ograniczyła wzrost kolonii *Bipolaris sorokiniana* poniżej 39%. Dzięki tym wynikom można wskazać potencjalne gatunki do dalszych badań nad biologiczną kontrolą tej groźnej choroby roślin uprawnych. Skuteczne wykorzystanie naturalnych antagonistów może stanowić alternatywę dla stosowania chemikaliów w produkcji roślin, przyczyniając się do zrównoważonego rolnictwa.

Interactions between *Bipolaris sorokiniana* Sacc. and other fungi colonizing cereal seeds

Barbara Wiewióra¹, Grzegorz Żurek¹, Katarzyna Gleń-Karolczyk²

¹ Plant Breeding and Acclimatization Institute – National Research Institute, Department of Bioenergetics, Quality Analysis and Seed Science, Radzików

² University of Agriculture in Kraków, Department of Microbiology and Biomonitoring, Kraków
b.wiewiora@ihar.edu.pl

Protecting plants naturally from diseases, pests, and environmental stresses is a key aspect of sustainable plant production. In the face of climate change, threats to crops related to fungal diseases are becoming increasingly significant. One of the main challenges in cereal cultivation is the leaf spot disease caused by the pathogen *Bipolaris sorokiniana* Sacc, which attacks many crop plant species, especially in warmer growing regions, leading to significant yield losses.

Various interactions can occur between fungi colonizing plants or seeds, including competition for resources, symbiosis, mutualism, parasitism, antagonism, or neutral coexistence. These diverse interactions among fungi can have a significant impact on the quality and durability of harvests, making them an important area of research in plant protection and food safety.

The aim of the conducted study was to assess the influence of selected microscopic fungi on the growth and development of *B. sorokiniana* through dual-culture experiments. Additionally, the study aimed to identify potential candidates for the biological control of leaf spot disease caused by this pathogen.

The results of the experiment showed that only a few tested fungi had a significant impact on the growth of *B. sorokiniana*. The presence of species such as *Trichoderma viride*, *Fusarium graminearum*, and *Botrytis cinerea* resulted in a reduction of *B. sorokiniana* growth by at least 50%. Other fungi, like *Sordaria fimicola*, *Epicoccum purpurascens*, *Fusarium sporotrichioides*, *F. culmorum*, and *Nigrospora oryzae*, caused a reduction of at least 40%. The majority (75%) of the tested fungal species limited the growth of *Bipolaris sorokiniana* colonies to below 39%. These promising results can point to potential species for further research on the biological control of this serious crop disease. The effective use of natural antagonists can serve as an alternative to chemical applications in plant production, contributing to sustainable agriculture.

Zastosowanie bio-AgNPs w ochronie siewek grochu siewnego (*Pisum sativum* L.) przed *Didymella pinodes* i *Fusarium avenaceum*

Karolina Stalanowska¹, Lesław B. Lahuta¹, Adam Okorski²

¹ Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Fizjologii, Genetyki i Biotechnologii Roślin, Olsztyn

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

karolina.stalanowska@uwm.edu.pl

Nanocząstki metali ze względu na swoje właściwości antybakteryjne i antygrzybowe, zyskują zainteresowanie w rolnictwie, szczególnie w kontekście ochrony roślin. Na ich właściwości mają wpływ takie czynniki jak ich wielkość, kształt, powierzchnia, ładunek czy metoda syntezy [1]. W związku z tym, celem badań było określenie fungistatycznych właściwości biologicznie syntetyzowanych nanocząstek srebra (bio-AgNPs) wobec *Didymella pinodes* i *Fusarium avenaceum* oraz możliwości ich wykorzystania w ochronie siewek grochu przed wspomnianymi patogenami. Fungistatyczne właściwości bio-AgNPs badano *in vitro* określając minimalne stężenie hamujące (*ang.* minimum inhibitory concentration; MIC) wobec zarodników grzybów stosując test z resazuryną na płytkach wielodołkowych oraz określając inhibicję liniowego wzrostu grzybni *D. pinodes* i *F. avenaceum* metodą zatrutych podłoży. Następnie, fungistatyczne stężenia bio-AgNPs określone w doświadczeniach *in vitro* zastosowano w doświadczeniach *in vivo*. 7-dniowe siewki grochu odm. Nemo krótko moczo w zawiesinach bio-AgNPs o stężeniu 100 i 200 mg/L oraz w wodzie i fungicydzie (kontrola). Po 24 godzinach siewki infekowano zarodnikami *D. pinodes* i *F. avenaceum*. Siewki inkubowano przez 14 dni w temp. 22°C (12h fotoperiod). Określono indeks porażenia [2], a także poziom infekcji metodą qPCR z primerami specyficznymi dla *D. pinodes* [3] i *F. avenaceum* [4]. Wykazano, że dla zarodników obu grzybów MIC wynosiło 125 mg/L. Liniowy wzrost grzybni najsilniej hamowały bio-AgNPs zastosowane w stężeniu 200 mg/L. Po 7 i 14 dniach inkubacji wzrost grzybni *D. pinodes* został ograniczony o odpowiednio 49 i 50%, a *F. avenaceum* o 55 i 25%. Na podstawie uzyskanych wyników w badaniach *in vivo* zastosowano bio-AgNPs w stężeniu 100 i 200 mg/L. Nanocząstki w obu badanych stężeniach znacząco ograniczyły rozwój infekcji obu patogenów, w takim samym stopniu jak komercyjnie stosowane fungicydy. Co więcej, bio-AgNPs nie wpłynęły negatywnie na rozwój siewek grochu. Uzyskane wyniki potwierdziły fungistatyczne właściwości bio-AgNPs wobec *D. pinodes* i *F. avenaceum*. Krótkotrwałe traktowanie siewek grochu nanocząstkami ograniczyło rozwój infekcji obu grzybów. Prezentowane wyniki sugerują możliwość zastosowania bio-AgNPs wobec wybranych patogenów w ochronie grochu z efektywnością równą komercyjnie dostępnym fungicydom.

1. Cruz-Luna et al. 2021. J. Fungi 2021, 7, 1033. doi: 10.3390/jof7121033;
2. Hillstrand and Auld 1982. Crop. Sci. 22, 282–287. doi: 10.2135/cropsci1982.0011183X002200020020x;
3. Davidson et al. 2011. Plant Dis. 95, 1217–1223. doi: 10.1094/PDIS-01-11-0077;
4. Kulik et al. 2011. FEMS Microbiol. Lett. 314, 49–56. doi: 10.1111/j.1574-6968.2010.02145.x.

Application of bio-AgNPs in pea (*Pisum sativum* L.) seedlings protection against *Didymella pinodes* and *Fusarium avenaceum*

Karolina Stalanowska¹, Lesław B. Lahuta¹, Adam Okorski²

¹ University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Department of Plant Physiology, Genetics and Biotechnology, Olsztyn

² University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Department of Entomology, Phytopathology and Molecular Diagnostics, Olsztyn

karolina.stalanowska@uwm.edu.pl

Metal nanoparticles have antibacterial and antifungal properties. Due to that they are gaining interest in agriculture, especially in the context of plant protection. Their properties are determined by nanoparticle size, shape, surface, charge, and synthesis method [1]. Therefore, the aim of this study was to determine the fungistatic properties of biologically synthesized silver nanoparticles (bio-AgNPs) against *Didymella pinodes* and *Fusarium avenaceum*, and the possibility of their use in protecting pea seedlings against these pathogens. The fungistatic properties of bio-AgNPs were tested *in vitro* by determining the minimum inhibitory concentration (MIC) against fungal spores (resazurin test on multi-well plates) and by determining the inhibition of the linear growth of mycelia of both pathogens by the (poisoned media technique). The fungistatic concentrations determined *in vitro* were used in the *in vivo* experiments. 7-day-old pea seedlings cv. Nemo were short-time treated with bio-AgNPs suspensions at concentrations of 100 and 200 mg/L and with water and fungicide (controls). After 24 hours, the seedlings were infected with *D. pinodes* and *F. avenaceum* spores. Seedlings were incubated for 14 days at 22°C (12h photoperiod). The infection index according to Hillstrand and Auld [2] and the infection levels were determined using qPCR with primers specific for *D. pinodes* [3] and *F. avenaceum* [4]. We showed that for spores of both fungi, the bio-AgNPs MIC was 125 mg/L. The linear growth of mycelia was most strongly inhibited by bio-AgNPs at 200 mg/L. After 7 and 14 days of incubation, the mycelial growth of *D. pinodes* was reduced by 49 and 50%, respectively, and that of *F. avenaceum* by 55 and 25%, respectively. Based on these results, bio-AgNPs were used in the *in vivo* experiments at concentrations of 100 and 200 mg/L. Nanoparticles at both tested concentrations significantly reduced the infections of both pathogens, to the same extent as commercially used fungicides. Moreover, bio-AgNPs did not negatively affect the development of the pea seedlings. Our results confirmed the fungistatic properties of bio-AgNPs against *D. pinodes* and *F. avenaceum*. Short-term treatment of pea seedlings with nanoparticles limited the development of infection of both fungi. The presented results suggest that bio-AgNPs could be used against selected pathogens in pea protection with an effectiveness equal to commercially available fungicides.

1. Cruz-Luna et al. 2021. J. Fungi 2021, 7, 1033. doi: 10.3390/jof7121033;
2. Hillstrand and Auld 1982. Crop. Sci. 22, 282–287. doi: 10.2135/cropsci1982.0011183X002200020020x;
3. Davidson et al. 2011. Plant Dis. 95, 1217–1223. doi: 10.1094/PDIS-01-11-0077;
4. Kulik et al. 2011. FEMS Microbiol. Lett. 314, 49–56. doi: 10.1111/j.1574-6968.2010.02145.x.

Kwantyfikacja qPCR *Fusarium graminearum* i *F. culmorum* oraz DON w ziarnie pszenicy ozimej w różnych regionach klimatycznych Polski

Adam Okorski, Alina Milewska, Agnieszka Pszczółkowska

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

adam.okorski@uwm.edu.pl

Fusarium head blight (FHB) jest ważną ekonomicznie chorobą roślin. Infekcja ziarna przez grzyby *Fusarium* prowadzi do akumulacji mykotoksyn, co powoduje obawy o bezpieczeństwo żywności zarówno dla ludzi, jak i zwierząt. Szczególnie ważnymi grzybami produkującym mykotoksyny powodującym FHB są *Fusarium graminearum* i *F. culmorum*. Jednak, gatunki *Fusarium* tworzą kompleks chorobowy, w którym różne gatunki w obrębie tego rodzaju współwystępują w zakażonych zbożach [Nicolaisen i in. 2009, Shlberger i in. 2022, Wegi i Wolf-Hall 2013]. Badania obejmowały wykorzystanie techniki qPCR oraz HPLC do oceny poziomu występowania DNA grzybów *Fusarium* oraz mykotoksyny DON w ziarnie pszenicy ozimej odmian Artist i Kilimanjaro pochodzącym z różnych regionów klimatycznych na terenie Polski. Badanie wykazało, że próbki ziarna z cieplejszych regionów Polski, w tym Sulejowa i Tomaszowa Bolesławickiego były skolonizowane głównie przez *F. graminearum* i były najbardziej zanieczyszczone deoksynivalenolem (DON). Próbki z północno-wschodniej Polski, tj. z Ruskiej Wsi, która znajduje się w chłodniejszym regionie, charakteryzowały się przewagą gatunków *Fusarium* typowych dla zimnego klimatu, tj. *Fusarium poae* i *Penicillium verrucosum*. Analiza korelacji rang Spearmana wykazała, że na nasilenie porażenia ziarna przez *F. avenaceum*/*F. tricinctum* miała wpływ średnia dobową temperatura i wysoka wilgotność w maju, a odpowiednie wartości współczynnika korelacji określono na $R = 0,54$ i $R = 0,50$. Analizy matematyczne (ujemna korelacja) potwierdziły istnienie konkurencyjnych interakcji w kolonizacji ziarna pszenicy między genotypem *F. avenaceum*/*F. tricinctum* (*Esyn1*) a gatunkami *Fusarium* produkującymi DON: *F. culmorum* i *F. graminearum* (*EF1 α*) [Okorski i in. 2022].

1. Nicolaisen M, Suproniene S, Nielsen LK, Lazzaro I, Spliid NH, Justesen AF. Real-time PCR for quantification of eleven individual *Fusarium* species in cereals. J Microbiol Methods. 2009 Mar;76(3):234-40.
2. Okorski, A.; Milewska, A.; Pszczółkowska, A.; Karpiesiuk, K.; Kozera, W.; Dąbrowska, J.A.; Radwińska, J. 2022. Prevalence of *Fusarium* fungi and Deoxynivalenol Levels in Winter Wheat Grain in Different Climatic Regions of Poland. *Toxins*, 14, 102.
3. Sohlberg, E.; Virkajärvi, V.; Parikka, P.; Rämö, S.; Laitila, A.; Sarlin, T. 2022. Taqman qPCR Quantification and *Fusarium* Community Analysis to Evaluate Toxigenic Fungi in Cereals. *Toxins*, 14, 45.
4. Vegi A., Wolf-Hall C. 2013. multiplex real-time pcr marhod for detection and quantification of mycotoxigenic fungi belong to three different genera. journal of food science 78(1): 70-76.

Quantifying *Fusarium graminearum* and *F. culmorum* and DON in winter wheat grain from different regions of Poland using qPCR

Adam Okorski, Alina Milewska, Agnieszka Pszczółkowska

University of Warmia and Mazury Olsztyn, Department of Entomology, Phytopathology and Molecular Diagnostics, Olsztyn

adam.okorski@uwm.edu.pl

Fusarium head blight (FHB) is an economically important plant disease. The infection of cereals by *Fusarium* fungi leads to the accumulation of mycotoxins, which endanger food safety for humans and animals. Particularly important mycotoxin-producing fungi that cause FHB are *Fusarium graminearum* and *F. culmorum*. However, the *Fusarium* species form a disease complex in which different species within the genus occur together in infected cereals [Nicolaisen et al. 2009, Shlberger et al. 2022, Wegi and Wolf-Hall 2013]. In the study, qPCR and HPLC techniques were used to determine the levels of *Fusarium* fungal DNA and DON mycotoxin in winter wheat grains of the Artist and Kilimanjaro varieties from different climatic regions in Poland. The study showed that grain samples from warmer regions of Poland, including Sulejów and Tomaszów Bolesławicki, were mainly colonized by *F. graminearum* and most heavily contaminated with deoxynivalenol (DON). Samples from the north-east of Poland, i.e. from Ruska Wies, located in a colder region, were characterized by a predominance of *Fusarium* species typical of cold climates, i.e. *Fusarium poae* and *Penicillium verrucosum*. Spearman's rank correlation analysis showed that the severity of infestation of grains by *F. avenaceum*/*F. tricinctum* was influenced by the average daily temperature and high humidity in May, and the corresponding correlation coefficients were set at $R = 0.54$ and $R = 0.50$, respectively. Mathematical analyses (negative correlation) confirmed the presence of competitive interactions in wheat grain colonisation between the *F. avenaceum*/*F. tricinctum* genotype (*Esyn1*) and the DON-producing *Fusarium* species *F. culmorum* and *F. graminearum* (*EF1 α*).

1. Nicolaisen M, Suproniene S, Nielsen LK, Lazzaro I, Spliid NH, Justesen AF. Real-time PCR for quantification of eleven individual *Fusarium* species in cereals. *J Microbiol Methods*. 2009 Mar;76(3):234-40.
2. Okorski, A.; Milewska, A.; Pszczółkowska, A.; Karpiesiuk, K.; Kozera, W.; Dąbrowska, J.A.; Radwińska, J. 2022. Prevalence of *Fusarium* fungi and Deoxynivalenol Levels in Winter Wheat Grain in Different Climatic Regions of Poland. *Toxins*, 14, 102.
3. Sohlberg, E.; Virkajärvi, V.; Parikka, P.; Rämö, S.; Laitila, A.; Sarlin, T. 2022. Taqman qPCR Quantification and *Fusarium* Community Analysis to Evaluate Toxigenic Fungi in Cereals. *Toxins*, 14, 45.
4. Vegi A., Wolf-Hall C. 2013. multiplex real-time per marhod for detection and quantification of mycotoxigenic fungi belong to three different genera. *journal of food science* 78(1): 70-76.

Rośliny obce inwazyjne jako źródło nowych fitopatogenów

Katarzyna Patejuk¹, Marcin Piątek², Paweł Czachura², Wojciech Pusz¹

¹ Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii i Mykologii

² Instytut Botaniki im. W. Szafera, Polska Akademia Nauk, Kraków

katarzyna.patejuk@upwr.edu.pl

Inwazyjne gatunki obce (ang. Invasive Alien Species, w skrócie IAS) to szeroko dyskutowany temat w społeczności naukowej. Wraz z transportem obcych roślin, stało się oczywiste, że przenoszenie grzybów na IAS jest powszechnym zjawiskiem, przy czym IAS potencjalnie stanowią siedlisko wcześniej nieopisanych gatunków grzybów. Rodzi to obawy dotyczące potencjalnego rozprzestrzeniania się patogenów i ich przenoszenia na nowe obszary.

Klon jesionolistny (*Acer negundo*) jest jednym z najpospolitszych gatunków drzew z rodzaju *Acer*, naturalnie rosnącym w Ameryce Północnej. W XVII wieku *A. negundo* został sprowadzony do Europy, jako roślina ozdobna i od tego czasu rozpoczęła niekontrolowaną ekspansję na nowe terytoria, zagrażając lokalnym ekosystemom. Obecnie uważany jest za jedną z najgroźniejszych roślin inwazyjnych w Europie.

W trakcie naszych badań nad patogenami roślin zamieszkującymi klona jesionolistnego, prowadzonych w latach 2016–2024, wyizolowaliśmy kilka izolatów grzybów, które nie zostały wcześniej scharakteryzowane. Wśród nich wyizolowano z klona jesionolistnego dwa nowe gatunki dla nauki – *Colletotrichum acericola* i *Sarocladium* sp. nov. Poprzez wielomejscową analizę filogenetyczną określiliśmy ich umiejscowienie taksonomiczne i opisaliśmy ich cechy morfologiczne. Niniejszy poster prezentuje opisy wybranych patogenów roślin inwazyjnych oraz potencjalne zagrożenie jakie mogą stanowić dla natywnych krewnych klonów.

Novel fungal species residing in invasive alien plants in Europe

Katarzyna Patejuk¹, Marcin Piątek², Paweł Czachura², Wojciech Pusz¹

¹ Wrocław University of Environmental and Life Sciences, Department of Plant Protection, Division of Plant Pathology and Mycology, Poland

² W. Szafer Institute of Botany, Polish Academy of Sciences, Kraków, Poland

katarzyna.patejuk@upwr.edu.pl

Invasive Alien Species (IAS) is a highly debated topic within the scientific community. The transport of alien plants has increasingly led to the transfer of fungi to IAS, with these species potentially harboring previously undescribed fungal organisms. This raises significant concerns about the spread of pathogens and their introduction to new areas.

The boxelder maple (*Acer negundo*) is one of the most common tree species in the genus *Acer*, native to North America. Introduced to Europe in the 17th century as an ornamental plant, *A. negundo* has since expanded uncontrollably into new territories, posing a threat to local ecosystems. It is now considered one of the most dangerous invasive plants in Europe.

Between 2016 and 2024, our studies on plant pathogens inhabiting the boxelder maple led to the isolation of several previously uncharacterized fungal isolates. Among these, two new species, *Colletotrichum acericola* and *Sarocladium* sp. nov., were identified from the boxelder maple. Using multi-site phylogenetic analysis, we determined their taxonomic placement and described their morphological features. This poster presents descriptions of selected invasive plant pathogens and discusses the potential threats they may pose to native maple relatives.

Różnorodność zbiorowisk grzybów a miejsce odnowienia dębów

Jolanta Behnke-Borowczyk¹, Wojciech Szewczyk¹, Paweł Wolański², Dariusz Kaniuczak³, Natalia Kartawik¹, Rafał Podlaski⁴, Andrzej Bobiec²

¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Entomologii i Fitopatologii Leśnej, Poznań

² Uniwersytet Rzeszowski, Instytut Nauk Rolniczych, Ochrony i Kształtowania Środowiska

³ Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

⁴ Uniwersytet Jana Kochanowskiego w Kielcach, Instytut Biologii

jbehnke@up.poznan.pl

W Polsce *Quercus robur* L. jest jednym z najliczniej występujących gatunków drzew liściastych, Rozsiewanie żołądki przez ptaki ma kluczowe znaczenie dla tworzenia nowych stanowisk roślin, umożliwiając kolonizację różnych środowisk, w tym obszarów nieleśnych i tradycyjnych krajobrazów rolniczych. Kluczowym czynnikiem wpływającym na rozwój młodych drzewek i późniejszy ich wzrost jest mykobiota obejmująca grzyby mykoryzowe, endotrofy i organizmy chorobotwórcze. Celem badań było określenie związku pomiędzy różnymi stanowiskami młodych drzewek a różnorodnością zbiorowisk grzybów towarzyszących korzeniom. Biorąc pod uwagę funkcje pełnione przez poszczególne taksony w środowisku, postawiliśmy hipotezę, że obfitość poszczególnych grup troficznych w zbiorowiskach grzybów związanych z korzeniami młodych drzewek będzie się różnić w zależności od rodzaju środowiska w jakim wznoszą się. Materiałem badawczym były korzenie dwuletnich dębów pobrane z różnych środowisk (murawa, zapust oraz las), z których wyizolowano DNA. Identyfikację gatunkową zbiorowisk przeprowadzono w oparciu o region ITS1. Produkt PCR zsekwencjonowano z wykorzystaniem systemu Illumina, klasyfikację grup troficznych przeprowadzono z wykorzystaniem FungalTraits. Poszczególne taksony podzielono na grupy troficzne tj: saprotrof, patogen, grzyby mikoryzowe oraz inne. Grupa oznaczona jako "inne" została pominięta w dalszej analizie. Zaobserwowano, że względna obfitość grzybów saprotroficznych była najwyższa w próbach pochodzących z lasu, natomiast w przypadku patogenów i gatunków mykoryzowych udział ich był najwyższy w zapuście, a najniższy w lesie.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki, Grant UMO-2021/43/B/NZ9/01861.

Diversity of fungal communities and the regeneration site of oaks

Jolanta Behnke-Borowczyk¹, Wojciech Szewczyk¹, Paweł Wolański², Dariusz Kaniuczak³, Natalia Kartawik¹, Joanna Mucha¹, Rafał Podlaski⁴, Andrzej Bobiec⁴

¹ Faculty of Forestry and Wood Technology, Poznan University of Life Sciences, Poznań, Poland

² University of Rzeszów, Institute of Agricultural Sciences, Environmental Protection and Shaping

³ University of Agriculture in Kraków

⁴ Jan Kochanowski University in Kielce, Institute of Biology

jbehnke@up.poznan.pl

In Poland, *Quercus robur* L. (common oak) is one of the most abundantly occurring deciduous tree species. The dispersal of acorns by birds plays a crucial role in the formation of new plant sites, enabling the colonization of various environments, including non-forest areas and traditional agricultural landscapes. A key factor influencing the development of young oak trees and their subsequent growth is the mycobiota, which includes mycorrhizal fungi, endophytes, and pathogenic organisms. The aim of this study was to determine the relationship between different sites of young oak trees and the diversity of fungal communities associated with their roots. Considering the functions performed by individual taxa in the environment, we hypothesized that the abundance of specific trophic groups within the fungal communities associated with the roots of young oak trees would vary depending on the type of environment in which they grow. The research material consisted of the roots of two-year-old oaks collected from different environments (herb, grove, and forest), from which DNA was isolated. Species identification of the communities was based on the ITS1 region. The PCR product was sequenced using the Illumina system, and the classification of trophic groups was performed using FungalTraits. Individual taxa were divided into trophic groups: saprotrophs, pathogens, mycorrhizal fungi, and others. The group labeled "others" was excluded from further analysis. It was observed that the relative abundance of saprotrophic fungi was highest in samples from the forest, whereas the abundance of pathogens and mycorrhizal species was highest in the grove and lowest in the forest.

The study was supported by National Science Centre, Poland, Grant UMO-2021/43/B/NZ9/01861.

Ocena występowania rdzy jałowca na terenie kampusu Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu

Martyna Stawarska¹, Dominika Hennik¹, Diana Fiedorowicz¹, Grzegorz Musiał¹, Adam Jahimczyk¹, Stanisław Duczmal¹, Jolanta Behnke-Borowczyk²

¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Koło Naukowe Leśników, Sekcja Mykologiczna, Poznań

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Entomologii i Fitopatologii Leśnej, Poznań

Tusik2001@wp.pl

Rdze jałowca są powodowane przez grzyby rdzawnikowe z rodzaju *Gymnosporangium*. Są to zazwyczaj rdze dwudomowe, których drugim żywicielem są najczęściej rośliny z rodziny Rosaceae. W wyniku porażenia przez te patogeny powstają wrzecionowate nabrzmienia na pniach i gałęziach jałowca. W kwietniu i maju z tych nabrzmień wyłaniają się galaretowate, żółtawobrunatne struktury przypominające języki (telia). Grzyby z rodziny *Gymnosporangiaceae*, z biegiem lat, powodują stopniowe zamieranie gałęzi powyżej miejsca wniknięcia patogenu, co znacząco obniża walory estetyczne roślin, a w zaawansowanych stadiach choroby może prowadzić do ich obumarcia. Celem badań była ocena występowania rdzy jałowców porażających różne gatunki jałowców (*Juniperus* spp.) rosnących na terenie kampusu Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu oraz określenie stopnia porażenia roślin gospodarzy. Kampus uczelni charakteryzuje się bogactwem różnych odmian i gatunków jałowców, jak również roślin z rodziny Rosaceae. Obserwacje objawów przeprowadzono w kwietniu i maju 2024 roku, a ich rezultaty udokumentowano fotograficznie.

W wyniku przeprowadzonej analizy wykazano wysoki stopień porażenia jałowca sabińskiego (*Juniperus sabinensi*), jałowca wirginijskiego (*Juniperus virginiana*) oraz jałowca pospolitego (*Juniperus communis*) i brak objawów na jałowcu łuskowatym (*Juniperus squamata*).

Assessment of Juniper Rust Occurrence on the Campus of the University of Life Sciences in Poznań

Martyna Stawarska¹, Dominika Hennik¹, Diana Fiedorowicz¹, Grzegorz Musiał¹, Adam Jahimczyk¹, Stanisław Duczmal¹, Jolanta Behnke-Borowczyk²

¹ *University of Life Sciences in Poznań, Forestry Students' Scientific Circle, Mycology Section, Poznań*

² *University of Life Sciences in Poznań, Department of Forest Entomology and Pathology, Poznań*
Tusik2001@wp.pl

Juniper rusts are caused by rust fungi from the genus *Gymnosporangium*. These are usually heteroecious rusts, with the second host most often being plants from the Rosaceae family. As a result of infection by these pathogens, spindle-shaped swellings form on the trunks and branches of junipers. In April and May, jelly-like, yellowish-brown structures resembling tongues (telia) emerge from these swellings. Over the years, fungi from the *Gymnosporangiaceae* family cause gradual dieback of branches above the point of pathogen entry, significantly reducing the aesthetic value of the plants and, in advanced stages of the disease, can lead to their death. The aim of the study was to assess the occurrence of juniper rusts infecting various species of junipers (*Juniperus spp.*) growing on the campus of the University of Life Sciences in Poznań and to determine the degree of infection of host plants. The university campus is characterized by a wealth of different varieties and species of junipers, as well as plants from the *Rosaceae* family. Observations of symptoms were conducted in April and May 2024, and their results were documented photographically. The analysis showed a high degree of infection in savin juniper (*Juniperus sabina*), eastern red cedar (*Juniperus virginiana*), and common juniper (*Juniperus communis*) and no symptoms in flaky juniper (*Juniperus squamata*).

Agresywność izolatów *Phytophthora infestans* należących do czterech linii klonalnych ważnych w Europie

Sylwester Sobkowiak¹, Mirella Ludwiczewska¹, Paulina Paluchowska¹, Marta Janiszewska¹, Erik Lysøe², Simeon Lim Rossmann^{2,3}, Zhimin Yin¹, May Bente Brurberg^{2,3}, Jadwiga Śliwka¹

¹ IHAR-PIB, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Młochów

² NIBIO, Norwegian Institute of Bioeconomy Research, Ås, Norway

³ NMBU, Norwegian University of Life Sciences, Ås, Norway

s.sobkowiak@ihar.edu.pl

Zaraza ziemniaka, wywoływana przez patogen *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, jest jedną z najbardziej szkodliwych ekonomicznie chorób ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.) i pomidora (*Solanum lycopersicum* L.) występujących na całym świecie. *P. infestans* rozmnaża się zarówno płciowo, jak i bezpłciowo, co powoduje powstawanie i ciągły rozwój nowych linii klonalnych o różnej agresywności. W celu zdefiniowania linii klonalnej wykonuje się analizę markerów SSR (ang. Simple Sequence Repeat).

Celem badania była ocena agresywności dla wyselekcjonowanych 28 izolatów *P. infestans*. Izolaty *P. infestans* reprezentowały cztery linie klonalne EU13_A2, EU34_A1, EU37_A2 i EU41_A2, które są szeroko rozpowszechnione w Europie. W eksperymencie użyto trzech podatnych na *P. infestans* odmian ziemniaka Craigs Royal, Irys i Tarpan. Każdym izolatem *P. infestans* inokulowano pięć listków każdej odmiany ziemniaka w trzech powtórzeniach. Następnie mierzono trzy parametry: czas latencji (dni), średnicę zmiany chorobowej w kolejnych dniach po inokulacji (mm) i ostatniego dnia badano intensywność sporulacji (liczba zarodników/ml). Dla każdego izolatu wykonano również test wirulencji na zestawie testerów Blacka. Wyniki przeanalizowano przy pomocy testów statystycznych.

Z uzyskanych danych wynika, że najbardziej agresywne pod względem intensywności sporulacji, czasu latencji oraz wielkości zmiany chorobowej były izolaty o genotypie EU37_A2. Największą wirulencję wykazały izolaty z genotypu EU41_A2, a najbardziej podatną odmianą ziemniaka była odmiana Tarpan.

Badania finansowane w ramach Norweskiego Mechanizmu Finansowego 2014-2021, projekt DivGene: UMO-2019/34/H/NZ9/00559.

Aggressiveness of *Phytophthora infestans* isolates belonging to four clonal lineages important in Europe

Sylwester Sobkowiak¹, Mirella Ludwiczewska¹, Paulina Paluchowska¹, Marta Janiszewska¹, Erik Lysøe², Simeon Lim Rossmann^{2,3}, Zhimin Yin¹, May Bente Brurberg^{2,3}, Jadwiga Śliwka¹

¹ IHAR-PIB, Plant Breeding and Acclimatization Institute - National Research Institute, Młochów, Poland

² NIBIO, Norwegian Institute of Bioeconomy Research, Ås, Norway

³ NMBU, Norwegian University of Life Sciences, Ås, Norway

s.sobkowiak@ihar.edu.pl

Potato late blight, caused by the pathogen *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, is one of the most economically harmful diseases of potato (*Solanum tuberosum* L.) and tomato (*Solanum lycopersicum* L.) occurring worldwide. *P. infestans* reproduces both sexually and asexually, resulting in the emergence and continuous development of new clonal lineages of varying aggressiveness. In order to define a clonal lineage, SSR (Simple Sequence Repeat) marker analysis is performed.

The aim of the study was evaluate the aggressiveness of selected 28 isolates of *P. infestans*. The *P. infestans* isolates represented four clonal lineages EU13_A2, EU34_A1, EU37_A2 and EU41_A2, which are widely distributed in Europe. Three potato cultivars susceptible to late blight were used in the experiment: Craigs Royal, Irys and Tarpan. Five leaflets of each potato cultivar were inoculated per each of the *P. infestans* isolates in three replicates. Then, three parameters were measured: latency time (days), the size of the lesion on each day post-inoculation (mm) and on the last day the intensity of sporulation (number of sporangia/ml) was measured. A virulence test was also performed for each isolate on Black's differential set. The results were analyzed using statistical tests.

The obtained data show that the isolates with the EU37_A2 genotype were the most aggressive regarding sporulation intensity, latency time and lesion size. The isolates from the EU41_A2 genotype showed the greatest virulence, and the most susceptible was the potato cultivar Tarpan.

The research leading to these results has received funding from the Norwegian Financial Mechanism 2014-2021, project DivGene: UMO-2019/34/H/NZ9/00559

Zmienność *Puccinia komarovii* var. *komarovii* na *Impatiens parviflora* w Drawieńskim i Wigierskim Parku Narodowym

Anna Baturo-Cieśniewska¹, [Katarzyna Patejuk](mailto:katarzyna.patejuk@upwr.edu.pl)², Agata Kaczmarek-Pieńczyńska², Marta Jurga-Zotow²

¹ Politechnika Bydgoska, Katedra Biologii i Ochrony Roślin, Pracownia Mykologii Molekularnej, Fitopatologii i Entomologii, Bydgoszcz

² Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii i Mykologii, Wrocław

katarzyna.patejuk@upwr.edu.pl

Niecierpek drobnokwiatowy (*Impatiens parviflora* DC.), inwazyjna roślina pochodząca z Azji Środkowej, jest obecnie jedną z najpowszechniejszych roślin inwazyjnych w Europie Środkowej, w tym w Polsce. Jego ekspansja może wpływać na populacje rodzimych gatunków, takich jak niecierpek pospolity (*Impatiens noli-tangere*). Jest szczególnie niebezpieczny na obszarach prawnie chronionych, gdzie możliwości jego zwalczania są bardzo ograniczone. Istnieje pewna nadzieja na powstrzymanie jego ekspansji poprzez zastosowanie patogenów jako broni biologicznej. W tym przypadku użyteczny może być specyficzny dla gospodarza grzyb rdzawnikowy *Puccinia komarovii* var. *komarovii*. Nasze trzyletnie obserwacje nasilenia infekcji *I. parviflora* przez *P. komarovii* var. *komarovii* przeprowadzone w Polsce w Drawieńskim Parku Narodowym (DPN) i Wigierskim Parku Narodowym (WPN) wykazały wyższą częstość występowania rdzy na liściach w DPN, gdzie mediana pokrycia liści przez dwa lata wynosiła 51%. Natomiast przez trzy lata w WPN mediana pokrycia liści wynosiła tylko 25%. Najwyższe nasilenie objawów występowało w miesiącach letnich. Jednak procent pokrycia liści przez patogen wykazywał wahania w zależności od roku, co sugeruje wpływ warunków środowiskowych na infekcję w każdym sezonie. Analizy molekularne, oprócz potwierdzenia infekcji badanych roślin przez *P. komarovii* var. *komarovii*, umożliwiły charakterystykę jego populacji na podstawie analizy porównawczej sekwencji ITS i LSU. Zidentyfikowano wyraźne różnice między badanymi izolatami a *P. komarovii* z *I. glanduliferae* i *I. brachycentra*. Nie stwierdzono różnorodności wśród naszych izolatów, ale różniły się one od sekwencji polskich izolatów pochodzących z *I. parviflora* dostępnych w GenBanku, co wskazuje na pewną różnorodność rdzy na stosunkowo małym obszarze. Prawdopodobnie wynika to z rozmnażania płciowego i może umożliwić szybką adaptację patogenu do regionu lub rośliny gospodarza, lub wskazuje na pewne "punkty wejścia" do Polski, skąd izolaty dotarły z ich rodzimego miejsca występowania.

Variability of *Puccinia komarovii* var. *komarovii* isolates from *Impatiens parviflora* in the Drawa and Wigry National Parks

Anna Baturo-Cieśniewska¹, [Katarzyna Patejuk](mailto:katarzyna.patejuk@upwr.edu.pl)², Agata Kaczmarek-Pieńczywska², Marta Jurga-Zotow²

¹ Bydgoszcz University of Science and Technology, Department of Biology and Plant Protection, Laboratory of Molecular Mycology, Phytopathology and Entomology, Bydgoszcz

² Wrocław University of Environmental and Life Sciences, Department of Plant Protection, Division of Plant Pathology and Mycology, Wrocław

katarzyna.patejuk@upwr.edu.pl

Small balsam (*Impatiens parviflora* DC.), an invasive plant native to central Asia, is currently one of the most extensive invasive plants in Central Europe, including Poland. Its expansion may affect populations of native species, such as touch-me-not balsam (*Impatiens noli-tangere*). It is particularly dangerous in legally protected areas, where the possibilities of eradicating it are very limited. There is some hope for stopping its expansion by using pathogens as a biological weapon. In this case, useful may be host-specific rust fungus *Puccinia komarovii* var. *komarovii*. Our three-year observations of *I. parviflora* infection severity by *P. komarovii* var. *komarovii* carried out in Poland in Drawa National Park (DNP) and Wigry National Park (WNP) showed the higher incidence of rust on leaves in DNP, where the median blade infestation for two years was 51% of leaf coverage. In contrast, for three years in WNP, the median blade infestation amounted to only 25%. The most severe symptoms occurred during the summer months. However the percentage of leaf coverage by pathogen exhibited fluctuations depending on the year, implying an influence of environmental conditions that stabilized the infection each season. Molecular analyses, in addition to confirming the infection of the tested plants by *P. komarovii* var. *komarovii*, enabled the characterization of its population based on comparative analysis of ITS and LSU sequences. Clear differences were found between the studied isolates and *P. komarovii* from *I. glanduliferae* and *I. brachycentra*. There was no diversity among our isolates, but they differed from the sequences of Polish isolates originating from *I. parviflora* available in GenBank, which indicates some diversity of rust in a relatively small area. It probably results from sexual reproduction and may enable rapid adaptation of the pathogen to the region or host plant, or it may indicate certain “entry points” to Poland, where the isolates arrived from their native place of occurrence.

***Phomopsis lokoyae* i *Cytospora kunzei* jako sprawcy zamierania nowych nasadzeń daglezi zielonej**

Katarzyna Patejuk, Agata Kaczmarek-Pieńczewska

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii i Mykologii, Wrocław

agata.kaczmarek@upwr.edu.pl

Daglezia zielona (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco) jest gatunkiem obcym i stosunkowo rzadko wykazującym objawy chorobowe, a jej choroby są tematem mało poznanym w naszym kraju. Celem posteru jest zaprezentowanie charakterystycznych objawów i przybliżenie procesu chorobowego powodowanego przez dwa patogeny na daglezi w zieleni miejskiej.

Pod koniec lutego 2024 r. w dwóch lokalizacjach w Parku Grabiszyńskim we Wrocławiu zaobserwowano masowe zamieranie nowych nasadzeń daglezi zielonej, wykonanych jesienią poprzedniego roku. Na drzewach stwierdzono plamistości igieł na całej wysokości drzew, postępujące nekrozy strzał oraz skręcenie głównych i bocznych gałęzi. Zaobserwowane symptomy sugerowały infekcję wywołaną przez grzyby fitopatogeniczne.

Do analizy mykologicznej igieł i drewna daglezi zielonej użyto trzech drzew wykopanych z różnych stanowisk na całej długości nasadzeń. Nie zaobserwowano uszkodzeń systemu korzeniowego. Do badań laboratoryjnych wykorzystano igły oraz drewno z zewnętrznej części nekrozy pnia (na pograniczu tkanki żywej i martwej) oraz z wewnętrznej części nekrozy pnia. Kolonie grzybowe oznaczono technikami mikroskopowymi, przy użyciu kluczy taksonomicznych. Z zewnętrznej części nekrozy na pędzie obok saprotrofów i wtórnych patogenów uzyskano gatunki: *Phomopsis lokoyae* i *Cytospora kunzei*, które są sprawcami zrakowaceń i nekroz na pniach drzew iglastych. *P. lokoyae* jest typowym patogenem daglezi. Atakuje on przede wszystkim młode drzewa, powodując zamarcie ich strzał, a niekiedy całych drzew. Nekrozy mają silnie wyodrębnioną granicę pomiędzy tkanką zaatakowaną i żywą, niekiedy wyglądają na zapadnięte przez szybki wzrost kallusa. W przypadku młodszych pędów może dochodzić do ich pastorałowego wygięcia. W przypadku starszych, kilkuletnich okazów do pojawienia się nekroz dochodzi zimą. Infekcja jednak ma miejsce znacznie wcześniej, najczęściej wiosną oraz jesienią. *P. lokoyae* atakuje szczególnie często szkółki rok lub dwa lata po okresie suszy, kiedy drzewa są osłabione. Do rozprzestrzeniania się patogen ten potrzebuje wody, ponieważ jego zarodniki rozprzestrzeniają się z rozbryzgami deszczu. Jest to jeden z ważniejszych patogenów atakujących szkółki daglezi zielonej. *C. kunzei* to także patogen atakujący drzewa iglaste, osłabione przede wszystkim stresem wodnym, szkodnikami lub mechanicznymi uszkodzeniami. Jest on typowy na starszych okazach. Rozwija się wolniej niż *P. lokoyae*, jednak po kilku latach rozwoju i sukcesywnego niszczenia kory, a następnie drewna, doprowadza do śmierci nawet dorosłych drzew. Charakterystycznym objawem są intensywne wycieki żywicy z tkanek rośliny żywiciela.

Na podstawie przeprowadzonych badań, za główną przyczyną zamierania daglezi zielonej uznano *P. lokoyae* oraz *C. kunzei*. Ze względu na ich cykl życiowy, charakterystyczne doprowadzanie do nekroz w okresie zimy oraz długi czas potrzebny do rozwoju we wnętrzu tkanek, należy przypuszczać, że do ich infekcji doszło na kilka miesięcy przed wykonaniem analizy mykologicznej. Ponadto osłabione drzewa zostały zainfekowane przez grzyby z rodzaju *Mycosphaerella* spp., które doprowadziły dodatkowo do pojawienia się czerwonej plamistości igieł daglezi.

P. lokoyae nie doprowadza bezpośrednio do śmierci żywiciela, jednak zaatakowane drzewa tracą swój pokrój ze względu na zamarcie strzały głównej daglezi. Obecność *C. kunzei* na porażonych pędach i igliwiu daglezi zielonej daje niewielkie szanse na przetrwanie drzew w nasadzeniach poddanych analizie mykologicznej. Prawdopodobnie do ich całkowitego zamarcia dojdzie na przestrzeni najbliższych kilku lat..

***Phomopsis lokoyae* and *Cytospora kunzei* as the causes of dieback in new Douglas fir plantings**

Katarzyna Patejuk, [Agata Kaczmarek-Pieńczewska](mailto:agata.kaczmarek@upwr.edu.pl)

Wrocław University of Environmental and Life Sciences, Department of Plant Protection, Division of Planta Pathology and Mycology, Wrocław
agata.kaczmarek@upwr.edu.pl

Douglas fir (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco) is an exotic species that relatively rarely shows disease symptoms, and its diseases are not well-known in our country. The aim of this poster is to present the characteristic symptoms and to outline the disease process caused by two pathogens on Douglas fir in urban greenery.

At the end of February 2024, mass dieback of new Douglas fir plantings, carried out in the fall of the previous year, was observed in two locations in Grabiszyński Park in Wrocław. Needle spots were found on the trees along their entire height, progressing shoot necrosis, and twisting of the main and lateral branches. The observed symptoms suggested an infection caused by phytopathogenic fungi.

For the mycological analysis of the needles and wood of Douglas fir, three trees were excavated from various sites along the entire length of the plantings. No damage to the root system was observed. Needles and wood from the outer part of the trunk necrosis (at the border between living and dead tissue) and from the inner part of the trunk necrosis were used for laboratory tests. Fungal colonies were identified using microscopic techniques and taxonomic keys.

From the outer part of the necrosis on the shoot, alongside saprotrophs and secondary pathogens, the species *Phomopsis lokoyae* and *Cytospora kunzei* were obtained, which cause cankers and necrosis on conifer trunks. *P. lokoyae* is a typical pathogen of Douglas fir. It primarily attacks young trees, causing the death of their shoots and sometimes entire trees. Necrosis has a well-defined boundary between affected and living tissue, sometimes appearing sunken due to the rapid growth of callus. Younger shoots may bend in a shepherd's crook shape. In older specimens, necrosis appears in winter. However, the infection occurs much earlier, usually in spring and autumn. *P. lokoyae* particularly attacks nurseries one or two years after a drought period when the trees are weakened. This pathogen requires water to spread, as its spores are dispersed by rain splashes. It is one of the most important pathogens attacking Douglas fir nurseries. *C. kunzei* is also a pathogen that attacks conifers, primarily those weakened by water stress, pests, or mechanical damage. It is typical on older specimens. It develops more slowly than *P. lokoyae* but, after several years of development and the successive destruction of the bark and then the wood, it leads to the death of even mature trees. A characteristic symptom is intense resin exudation from the tissues of the host plant.

Based on the conducted studies, *P. lokoyae* and *C. kunzei* were identified as the main causes of Douglas fir dieback. Due to their life cycle, characteristic necrosis formation in winter, and the long time needed to develop within tissues, it is assumed that their infection occurred several months before the mycological analysis was performed. Additionally, the weakened trees were infected by fungi of the genus *Mycosphaerella* spp., which further caused the appearance of red needle spot on Douglas fir.

P. lokoyae does not directly lead to the death of the host, but the attacked trees lose their form due to the death of the main shoot. The presence of *C. kunzei* on the infected shoots and needles of Douglas fir gives little chance of survival for the trees in the plantings subjected to mycological analysis. It is likely that their complete dieback will occur within the next few years.

Etiologia zamierania pędów maliny – obserwacje prowadzone na plantacjach w obecnym sezonie

Anna Poniatowska, Monika Michalecka, Hubert Głós

*Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy w Skierniewicach, Zakład Ochrony Roślin,
Pracownia Fitopatologii*
anna.poniatowska@inhort.pl

Polska jest jednym z czołowych producentów owoców maliny na świecie. W ostatnich latach zainteresowanie tą uprawą spadło, co jest związane z niską opłacalnością produkcji w przypadku tradycyjnej uprawy maliny z przeznaczeniem na przetwórstwo. Z kolei uprawa malin pod osłonami wymaga dużych nakładów finansowych, a jej powodzenie zależy w dużej mierze od zdrowotności roślin, która przekłada się na produkowanie najwyższej jakości owoców. Na obniżenie wysokości plonu i jakości owoców może mieć wpływ wiele czynników zarówno abiotycznych, jak i biotycznych, w tym grzyby wywołujące choroby pędów.

Z literatury wynika, że czynnikami sprawczymi zamierania pędów maliny są głównie *Didymella applanata* (zamieranie przypąkowe), *Leptosphaeria coniothyrium* (zamieranie podstawy pędów), *Botrytis cinerea* (szara pleśń), *Elsinoë veneta* (antraknoza) oraz grzyby z rodzaju *Verticillium* (wertycylioza) i *Fusarium* (fuzarioza) (Martin i in., 2017). W zmieniających się warunkach klimatycznych sprawcami zamierania mogą być też inne gatunki grzybów dotychczas niespotykane w uprawie maliny, występujące sporadycznie lub lokalnie. Identyfikacja czynników sprawczych chorób pędów jest konieczna, aby opracować skuteczne sposoby ich zwalczania, a w konsekwencji ograniczyć straty ekonomiczne.

Celem pracy jest ocena występowania grzybów, sprawców zamierania pędów na plantacjach maliny prowadzonych w różnych systemach uprawy. Lustracje są prowadzone w bieżącym sezonie od początku wegetacji na plantacjach zlokalizowanych w różnych regionach kraju, skąd pobierane są pędy z nekrozami. Sprawcy objawów są izolowani na pożywki mikrobiologiczne, a w kolejnym etapie zostanie przeprowadzona identyfikacja uzyskanych kultur grzybów z wykorzystaniem technik biologii molekularnej (PCR ze starterami uniwersalnymi do grzybów i sekwencjonowanie produktów reakcji, a następnie porównywanie uzyskanych wyników z sekwencjami dostępnymi w bazach sekwencji DNA).

Wstępne wyniki badań wskazują, że na początku bieżącego sezonu doszło do licznych uszkodzeń pędów spowodowanych przez mróz na plantacjach maliny letniej uprawianej w systemie tradycyjnym zlokalizowanych w województwach mazowieckim i lubelskim. Rany powstałe na skutek przemrożenia były wtórnie zasiedlone przez grzyby z rodzaju *Ulocladium* i *Cladosporium*. Z kolei z pędów z objawami przypąkowego zamierania pobranych do badań na początku czerwca z plantacji zlokalizowanych w województwie łódzkim wyizolowano grzyba *Didymella applanata*.

1. Martin R. R., Ellis M. A., Williamson B., Williams R. N. (2017). Compendium of raspberry and blackberry diseases and pests, second edition, ISBN:978-0-89054-572-0.

Badania prowadzone są w ramach zadania celowego 6.5 „Monitorowanie zagrożeń upraw ogrodnictwa ze strony agrofagów”, finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

Etiology of raspberry shoot dieback – observations conducted on plantations in the current season

Anna Poniatowska, Monika Michalecka, Hubert Głós

*The National Institute of Horticultural Research, Skierniewice, Plant Protection Department,
Laboratory of Phytopathology*
anna.poniatowska@inhort.pl

Poland is one of the leading producers of raspberries in the world. In recent years, interest in this crop has fallen, which is related to the low profitability of production in the case of traditional raspberry cultivation for processing. In turn, raspberry cultivation under cover requires large financial outlays, and its success depends to a large extent on the health of the plants, which translates into the production of the highest quality fruit. Many factors, both abiotic and biotic, can affect the reduction in yield and fruit quality, including fungi causing shoot diseases.

The literature shows that the causal agents of raspberry shoot dieback are mainly *Didymella applanata* (spur blight), *Leptosphaeria coniothyrium* (cane blight), *Botrytis cinerea* (cane Botrytis), *Elsinoë veneta* (anthracnose) and fungi of the genera *Verticillium* (Verticillium wilt) and *Fusarium* (Fusarium wilt) (Martin et al., 2017). In changing climatic conditions, the causes of dieback may also be other species of fungi previously not reported in raspberry cultivation, occurring sporadically or locally. Identification of the causal agents of shoot diseases is necessary to develop effective methods of their control and, consequently, to reduce economic losses.

The aim of the study is to assess the occurrence of fungi, the causal agents of shoot dieback in raspberry plantations cultivated in various cultivation systems. Inspections are conducted in the current season from the beginning of vegetation on plantations located in different regions of the country, from where shoots with necrosis are collected. The pathogens are isolated on microbiological media, and then the obtained fungal cultures will be identified using molecular biology techniques (PCR with universal primers for fungi and sequencing, then the obtained results will be compared with sequences available in DNA sequence databases).

Initial study results indicate that at the beginning of the current season, numerous frost cracks on shoots on summer-fruiting raspberry plantations cultivated in the traditional system located in the Mazovian and Lublin provinces were observed. The wounds caused by frost were secondarily colonized by fungi of the genera *Ulocladium* and *Cladosporium*. In turn, the fungus *Didymella applanata* was isolated from shoots with symptoms of spur blight collected for testing at the beginning of June from plantations located near Skierniewice.

1. Martin R. R., Ellis M. A., Williamson B., Williams R. N. (2017). Compendium of raspberry and blackberry diseases and pests, second edition, ISBN:978-0-89054-572-0.

The research is conducted in the frame of the task 6.5 “Monitoring threats to horticultural crops from pests”, financed by the Ministry of Agriculture and Rural Development.

Wpływ wody ozonowanej na rozwój grzybów strzępkowych

Marta Jurga-Zotow, Krzysztof Matkowski, Elżbieta Płaskowska, Agata Kaczmarek-Pieńczyńska

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii i Mykologii, Wrocław

marta.jurga-zotow@upwr.edu.pl

Ozonowanie od dawna znane jest jako skuteczne narzędzie do dezynfekcji. Coraz większe znaczenie ma na rynku spożywczym. Przedłużenie trwałości produktów, szczególnie w czasie przechowywania artykułów krótko przydatnych do spożycia, jest obiektem zainteresowań wśród producentów. Jednym z czynników powodującym straty w przechowywalnictwie są mikroorganizmy. Ich obecność prowadzi do pogorszenia plonu jakościowego, a co za tym idzie znaczących strat finansowych. Ograniczenie liczebności mikroorganizmów w okresie magazynowania pozwala na wydłużenie czasu dostępności produktu, ograniczenie strat oraz zapewnienie stabilności dostaw. Doniesienia literaturowe wskazują na możliwość wykorzystania ozonu do ograniczania szkodliwości ze strony mikroorganizmów, w tym grzybów. Celem badań była ocena możliwości zastosowania wody ozonowanej do ograniczenia wzrostu grzybów strzępkowych.

W doświadczeniu laboratoryjnym wykonano testy szalkowe z udziałem *Fusarium oxysporum* (2 różne szczepy), *Aternaria alternata* i *Penicillium* sp. Hodowle założono na podłożu Sabourauda. Po 48 h od założenia hodowli rosnące kultury grzybów zalano wodą ozonowaną w stężeniu 5, 10 i 13 ppm na 30 minut. Przez 7 dni prowadzono obserwacje wzrostu i rozwoju grzybów w porównaniu do hodowli zalewanych wodą sterylną bez ozonu, stanowiących kontrolę. Uzyskane wyniki wskazują na brak efektywnego oddziaływania wody ozonowanej na badane grzyby.

The impact of ozonated water on the growth of filamentous fungi

Marta Jurga-Zotow, Krzysztof Matkowski, Elżbieta Płaskowska, Agata Kaczmarek-Pieńczewska

Wroclaw University of Environmental and Life Sciences, Department of Plant Protection, Division of Plant Pathology and Mycology, Wroclaw

marta.jurga-zotow@upwr.edu.pl

Ozonation has long been known as an effective disinfection tool and is gaining increasing importance in the food market. Extending the shelf life of products, particularly those with a short consumption period, is a key area of interest among producers. One of the factors causing storage losses is microorganisms. Their presence leads to a deterioration in qualitative yield and, consequently, significant financial losses. Reducing the number of microorganisms during storage allows for an extended product availability period, reduced losses, and ensured supply stability. Literature reports indicate the potential use of ozone to mitigate the harmful effects of microorganisms, including fungi. The aim of the study was to assess the possibility of using ozonated water to reduce the growth of filamentous fungi.

In a laboratory experiment, plate tests were conducted with *Fusarium oxysporum* (two different strains), *Alternaria alternata* and *Penicillium* sp. cultures were grown on Sabouraud agar. Forty-eight hours after the cultures were established, the growing fungal cultures were treated with ozonated water at concentrations of 5, 10, and 13 ppm for 30 minutes. Observations of fungal growth and development were conducted over seven days, compared to cultures treated with sterile water without ozone, which served as the control. The results indicate a lack of effective impact of ozonated water on the tested fungi.

Wpływ wybranych olejków eterycznych na kiełkowanie, wigor i zdrowotność nasion cebuli (*Allium cepa* L.)

Dorota Szopińska, Hanna Dorna, Paulina Drobnikowska

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Fitopatologii i Nasiennictwa, Poznań
dorota.szopinska@up.poznan.pl

Zasiedlenie przez grzyby jest jednym z głównych czynników wpływających na jakość nasion. Szczególnie groźnymi patogenami przenoszonymi z nasionami cebuli są grzyby rodzaju *Botrytis*, zwłaszcza *B. allii* (Munn) i *B. cinerea* Pers. Do ich zwalczania wykorzystuje się najczęściej syntetyczne fungicydy, jednak rozwój rolnictwa ekologicznego, rosnąca świadomość społeczna oraz polityka Unii Europejskiej skłaniają do poszukiwania metod bezpieczniejszych dla człowieka i środowiska. Celem doświadczenia było określenie wpływu lotnych związków olejków goździkowego, z trawy cytrynowej i tymiankowego na kiełkowanie, wigor i zdrowotność nasion cebuli. Badano dwie próby nasion, odm. Sopelek i Wolska. W szklanym pojemniku o objętości 50 cm³ umieszczano 1 g nasion i zawieszano nad nimi bibułę filtracyjną (2x2 cm) nasączoną olejkami w ilości 10, 20 lub 30 µl. Pojemnik szczelnie zamykano i umieszczano w temp. 20°C w ciemności na 24 h. Kontrolę stanowiły nasiona nietraktowane. Ocenę kiełkowania przeprowadzono zgodnie z metodyką Międzynarodowego Związku Oceny Nasion (ISTA) dla 300 nasion z każdej kombinacji (6 powtórzeń po 50 nasion). Nasiona inkubowano na bibule nasączonej wodą destylowaną, w ciemności, w temp. 20°C. Po 6 dniach określano energię kiełkowania, natomiast po 12 dniach zdolność kiełkowania, procent siewek anormalnych, nasion martwych i zdrowych niekiełkujących. W takich samych warunkach oceniano wigor nasion z tym, że nasiona kiełkujące liczono i usuwano z płytek codziennie przez 12 dni a następnie obliczano parametry określające szybkość i wyrównanie kiełkowania, tj. średni czas kiełkowania jednego nasienia (MGT), oraz czas potrzebny do wykiełkowania od 25 do 75% nasion z ogólnej liczby nasion kiełkujących (U₇₅₋₂₅). Zdrowotność oceniano za pomocą testu agarowego dla 200 nasion z każdej kombinacji (4 powtórzenia po 50 nasion). Nasiona umieszczano na zestalonej pożywce dekstrozowo-ziemniaczanej (PDA) z dodatkiem streptomycyny (100 ppm) i inkubowano w temp. 20°C przy przemiennym oświetleniu światłem NUV (12/12 h). Po 10 dniach na podstawie wyglądu kolonii i analizy mikroskopowej określano zasiedlenie nasion przez poszczególne grzyby.

Olejki goździkowy i z trawy cytrynowej w ilości 10, 20 i 30 µl oraz tymiankowy w ilości 20 i 30 µl poprawiały istotnie kiełkowanie nasion odm. Wolska ale nie miały wpływu na kiełkowanie nasion odmiany Sopelek. U tej odmiany obserwowano natomiast pogorszenie kiełkowania nasion po ich traktowaniu olejkami tymiankowym w ilości 30 µl. Olejki eteryczne na ogół nie wpływały znacząco na szybkość i równomierność kiełkowania nasion. Poprawę MGT obserwowano tylko u odm. Wolska po traktowaniu nasion olejkami goździkowym w ilości 10 i 20 µl. Pogorszenie MGT i U₇₅₋₂₅ stwierdzono natomiast u nasion obu prób traktowanych olejkami tymiankowym w ilość 30 µl. Na nasionach obu prób dominowały grzyby rodzajów *Alternaria*, *Botrytis*, *Fusarium*, *Penicillium* i *Stemphylium*. Zastosowane olejki nie miały na ogół istotnego wpływu na występowanie grzybów rodzaju *Alternaria* i *Stemphylium*. Wszystkie warianty traktowania zmniejszały zasiedlenie nasion obu odmian przez *Botrytis* spp., choć na ogół nie były to różnice istotne statystycznie. Traktowanie nasion odm. Wolska olejkami goździkowym (20 i 30 µl) i z trawy cytrynowej (10, 20 i 30 µl) zmniejszało istotnie ich zasiedlenie przez grzyby rodzaju *Fusarium*. U odm. Sopelek tylko największe dawki wszystkich trzech olejków ograniczały występowanie tych grzybów. Traktowanie olejkami goździkowym i z trawy cytrynowej, bez względu na zastosowaną ilość, zmniejszało istotnie zasiedlenie nasion odm. Sopelek przez *Penicillium* spp. W przypadku odm. Wolska istotnie mniej nasion zasiedlonych przez te grzyby stwierdzano po traktowaniu olejkami goździkowym w ilości 20 i 30 µl, olejkami z trawy cytrynowej w ilości 30 µl i olejkami tymiankowym w ilości 10 µl.

The effect of selected essential oils on germination, vigour and health of onion (*Allium cepa* L.) seeds

Dorota Szopińska, Hanna Dorna, Paulina Drobnikowska

Poznań University of Life Sciences, Department of Phytopathology, Seed Science and Technology,
Poznań

dorota.szopinska@up.poznan.pl

Seed infestation with fungi is one of the main factors affecting seed quality. Dangerous seed-transmitted pathogens of onion are fungi from the genus *Botrytis*, especially *B. allii* (Munn) and *B. cinerea* Pers. They are usually controlled by synthetic fungicides, however the development of ecological farming, growing public awareness and the European Union policy encourage the search for methods that are safer for humans and the environment. The aim of the experiment was to determine the effect of volatile compounds of clove, lemon grass and thyme essential oils on germination, vigour and health of onion seeds. Two samples of onion seeds, cv. Sopelek and Wolska, were tested. For treatment 1 g of seeds was placed in 50 cm³ glass container and filter paper (2x2 cm) soaked with oil in the amount of 10, 20 or 30 µl was hung over them. The container was sealed and placed at 20°C in darkness for 24 h. Control included untreated seeds. Seed germination was evaluated according to the International Seed Testing Association (ISTA) rules on 300 seeds from each combination (6 replications of 50 seeds). Seeds were incubated on blotters soaked with distilled water, in darkness, at 20°C. After 6 days energy of seed germination was evaluated, and germination capacity, the percentages of abnormal seedlings, dead seeds and fresh seeds were determined after 12 days. Seed vigour was tested under the same conditions, but germinating seeds were counted daily for 12 days and removed from plates. Then the parameters describing the germination rate and uniformity, i.e. the mean germination time (MGT), and the time needed to germinate from 25 to 75% of the total number of germinating seeds (U_{75-25}) were calculated. Agar test was used to evaluate seed health. For each combination 200 seeds (4 replicates of 50 seeds) were tested. The seeds were placed on solidified potato dextrose agar (PDA) with an addition of streptomycin (100 ppm) and incubated at 20°C under alternating cycle of NUV light and darkness (12/12 h). After 10 days seed infestation with individual fungi was determined on the base of colony appearance and microscopic analysis.

Clove and lemon grass oils in the amount of 10, 20 and 30 µl and thyme oil in the amount of 20 and 30 µl significantly improved cv. Wolska seed germination but did not affect germination of cv. Sopelek seeds. In the case of this cultivar, deterioration of seed germination was observed after treatment with thyme oil in the amount of 30 µl. Essential oils generally did not affect the rate and uniformity of seed germination. Improvement of MGT was observed only in cv. Wolska seeds treated with clove oil in the amount of 10 and 20 µl. While deterioration of MGT and U_{75-25} was observed in both samples after treatment with thyme oil in the amount of 30 µl.

The fungi from genera *Alternaria*, *Botrytis*, *Fusarium*, *Penicillium* and *Stemphylium* prevailed on tested seeds. Applied oils generally did not affect the presence of *Alternaria* and *Stemphylium* on the seeds. All applied treatments decreased seed infestation with *Botrytis* spp. in both cultivars, but in general these differences were not statistically significant. Treating cv. Wolska seeds with clove (20 and 30 µl) and lemon grass (10, 20 and 30 µl) oils resulted in the significant decrease in seed infestation with fungi from *Fusarium* genus. In the case of cv. Sopelek only the highest amount of all three oils reduced the presence of these fungi. Treatments with clove and lemon grass oils, regardless of the amount, decreased infestation of cv. Sopelek seeds with *Penicillium* spp. In the case of cv. Wolska less seeds infested with these fungi was observed after treatments with clove oil in the amount of 20 and 30 µl, lemon grass oil in the amount of 30 µl and thyme oil in the amount of 10 µl.

Struktura zbiorowisk grzybów drewna sosnowego w drzewostanie pohuraganowym

Natalia Kartawik¹, Radosław Witkowski¹, Bogna Zawieja², Klaudia Ziemblińska⁴, Piotr Łakomy¹, Magdalena Woźniak³, Izabela Ratajczak³, Jolanta Behnke-Borowczyk¹

¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu Katedra Entomologii i Fitopatologii Leśnej, Poznań

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Poznań

³ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu Katedra Chemii, Poznań

⁴ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu Katedra Budownictwa i Geoinżynierii, Poznań

natalia.kartawik@up.poznan.pl

Zbiorowiska grzybów są skomplikowanym elementem przyrody i składają się z wielu, jednocześnie oddziałujących na siebie gatunków. Złożoność tych społeczności wzrasta proporcjonalnie wraz z pojawianiem się kolejnych taksonów i tworzeniem wzajemnych powiązań między gatunkami. Skład zbiorowisk grzybów zmienia się w czasie i przestrzeni, a zmiany te są napędzane przez działanie czynników abiotycznych oraz przez występującą w materii pulę potencjalnych gatunków kolonizujących. Wraz ze zmieniającymi się warunkami klimatycznymi i coraz częściej występującymi ekstremalnymi zjawiskami pogodowymi wzrasta częstość oraz rozmiar szkód powodowanych przez silne wiatry. Cele pracy to: (I) jakościowa i ilościowa analiza składu zbiorowisk grzybów zasiedlających drewno sosen (a) rok oraz trzy i pięć lat od uszkodzenia; (b) sosen nieuszkodzonych i uszkodzonych (wiatrołomów, wiatrowałów) w wyniku wystąpienia huraganu, (II) analizie zmian udziału grup troficznych (patogeny, saprotrofy, endotrofy, mykoryzowe) zasiedlających drewno sosnowe, uszkodzone przez huragan sosen (a) rok oraz trzy i pięć lat od uszkodzenia; (b) nieuszkodzonych i uszkodzonych (wiatrołomów, wiatrowałów) w wyniku wystąpienia huraganu. Celem dodatkowym była analiza zmian zawartości pierwiastków biogennych (azot, węgiel, wodór) w drewnie sosnowym uszkodzonym przez huragan na początku procesu rozkładu. Powierzchnię badawczą wyznaczono w drzewostanie pohuraganowym w Nadleśnictwie Gniezno. Na każdym poletku badawczym, wytypowano trzy drzewa zróżnicowane pod względem sposobu uszkodzenia przez wiatr: drzewo nieuszkodzone, drzewo bez korony (wiatrołom) oraz drzewo leżące z systemem korzeniowym nad ziemią (wiatrował). W listopadzie w latach 2018, 2020, 2022 pobierano próby drewna w postaci odwiertów. Analizę zbiorowisk przeprowadzono w oparciu o region ITS1 przy użyciu sekwencjonowania systemem Illumina. Zbiorowiska grzybów na początku procesu rozkładu drewna sosnowego charakteryzowały się dużym bogactwem ilościowym i gatunkowym. Najliczniej występowały: *Armillaria* spp, *Coniophora arida*, *Diplodia* spp, *Postia* spp., *Trichoderma* spp, *Xylodon flaviporus* i *Xylodon* spp. Mimo że wykazano obecność różnych grup troficznych, zbiorowiska były zdominowane przez saprotrofy. Zaobserwowano, że każdym rokiem zwiększał się udział taksonów z gromady *Basidiomycota* powodujących brunatną zgniliznę drewna.

The structure of fungal communities in a pine wood stand after a hurricane

Natalia Kartawik¹, Radosław Witkowski¹, Bogna Zawieja², Klaudia Ziemblińska⁴, Piotr Łakomy¹, Magdalena Woźniak³, Izabela Ratajczak³, Jolanta Behnke-Borowczyk¹

¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu Katedra Entomologii i Fitopatologii Leśnej Poznań

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Poznań

³ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu Katedra Chemii, Poznań

⁴ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu Katedra Budownictwa i Geoinżynierii, Poznań

natalia.kartawik@up.poznan.pl

Fungal communities are intricate components of the natural world, comprising numerous species that interact simultaneously. The complexity of these communities increases proportionally with the emergence of additional taxa and the formation of mutual interactions among species. The composition of fungal communities changes over time and space, driven by the influence of abiotic factors and the pool of potential colonizing species available in the substrate. With shifting climatic conditions and the growing occurrence of extreme weather events, the frequency and magnitude of damages caused by strong winds are on the rise. The objectives of this study are: (I) qualitative and quantitative analysis of fungal community composition inhabiting pine wood (a) one year, three years, and five years after damage; (b) undamaged and damaged pine wood (due to windbreaks and windthrows) resulting from a hurricane (II) analysis of changes in the proportion of trophic groups (pathogens, saprotrophs, endotrophs, mycorrhizal fungi) inhabiting damaged pine wood (a) one year, three years, and five years after damage; (b) undamaged and damaged pine wood (due to windbreaks and windthrows) resulting from a hurricane. An additional objective was to analyze changes in the content of biogenic elements (nitrogen, carbon, hydrogen) in hurricane-damaged pine wood at the initial stages of decomposition. The research area was delineated in a forest stand in the Gniezno Forest District. In each research plot, three trees were selected, varying in the manner of wind-induced damage: undamaged trees, trees without crowns (windbreaks), and trees lying above ground with their root systems intact (windthrows). In November of the years 2018, 2020, and 2022, wood samples were collected in the form of drillings. Community analysis was conducted based on the ITS1 region using Illumina sequencing. Fungal communities at the initial stages of pine wood decomposition exhibited high quantitative and qualitative richness. The most abundant species included *Armillaria* spp, *Coniophora arida*, *Diplodia* spp, *Postia* spp., *Trichoderma* spp, *Xylodon flaviporus* and *Xylodon* spp. Although the presence of various trophic groups was demonstrated, saprotrophs dominated the fungal communities. Each year, there was an increasing representation of *Basidiomycota* taxa responsible for brown wood rot.

Grzyby chorobotwórcze występujące w ekologicznych uprawach grochu siewnego (*Pisum sativum* L.)

Diana Czarnecka, Anna Czubacka, Monika Mołdoch-Agacka, Jerzy Książak

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, Puławy
dczarnecka@iung.pulawy.pl

Spośród roślin bobowatych (*Fabaceae*) groch siewny (*Pisum sativum* L.) jest jedną z najchętniej i najbardziej powszechnie uprawianą rośliną wysokobiałkową. Duża różnorodność odmian sprawia, że wykorzystywany jest zarówno na cele spożywcze jak i do produkcji pasz. Zainteresowanie ekologicznymi uprawami tego gatunku wzrasta w ostatnich latach. Jednakże ten system gospodarowania stwarza większe ryzyko wystąpienia chorób grzybowych grochu oraz powoduje straty w plonie nasion. Dlatego podjęto badania mające na celu określenie przydatności wybranych odmian grochu siewnego do uprawy ekologicznej pod względem występowania chorób grzybowych powodowanych przez *Fusarium* spp.

Badania prowadzono w latach 2022 i 2023 na ekologicznych poletkach doświadczalnych w trzech lokalizacjach: w Grabowie nad Wisłą (woj. mazowieckie), w Osinach (woj. lubelskie) oraz Szepietowie (woj. podlaskie). Do doświadczenia wybrano następujące odmiany grochu siewnego: Astronaute, Batuta, Colin, Grot, Mandaryn, Mefisto, Nemo, Kazek, Tarchalska (tylko w roku 2022), Tytan (tylko w roku 2023). Materiałem badawczym były rośliny z objawami chorobowymi. Powierzchniowo odkażone fragmenty pędów wykładano na pożywkę PDA, a uzyskane grzybnie pasażowano kilkakrotnie w celu uzyskania czystych kultur. Tak otrzymane izolaty grzybowe poddano analizie makro- i mikroskopowej, która pozwoliła na wstępne wytypowanie izolatów należących do rodzaju *Fusarium*. Następnie grzybnie poddano analizie molekularnej przy użyciu gatunkowo specyficznych primerów.

W roku 2022 izolowano mniej grzybów *Fusarium* spp. w porównaniu z rokiem 2023. W 2022 roku wyizolowano łącznie sześć izolatów *Fusarium* spp. z 16 roślin pozyskanych z trzech lokalizacji. Z kolei w roku 2023 najwięcej izolatów z rodzaju *Fusarium* uzyskano z prób pochodzących z Grabowa, tj. 40, natomiast 26 izolaty z Szepietowa i 24 izolaty z Osin. W roku tym dominowało występowanie gatunku *F. oxysporum*, przy czym najwięcej izolatów pochodziło z Szepietowa, tj. 17, podczas gdy 15 było z Osin, a 11 z Grabowa nad Wisłą. Rzadziej identyfikowano *F. solani*, *F. avenaceum*, *F. poae* i *F. equiseti*. W 2023 r. stwierdzono, że odmiana Batuta była częściej porażana przez gatunki z rodzaju *Fusarium* niż inne odmiany grochu w trzech badanych lokalizacjach.

The presence of pathogenic fungi in organic pea (*Pisum sativum* L.) crops

Diana Czarnecka, Anna Czubacka, Monika Mołdoch-Agacka, Jerzy Księżak

Institute of Soil Science and Plant Cultivation, State Research Institute, Pulawy
dczarnecka@iung.pulawy.pl

Among the *Fabaceae*, pea (*Pisum sativum* L.) is one of the most popular and widely grown protein crops. The large variety of cultivars makes it suitable for both human and animal consumption. There has been a growing interest in organic cultivation of this species in recent years. However, this farming system poses a greater risk of fungal diseases of peas and causes losses in seed yield. A study was therefore conducted to determine the suitability of selected pea varieties for organic cultivation in terms of the incidence of fungal diseases caused by *Fusarium* spp.

The research was conducted at the ecological plots of IUNG-PIB, namely in Grabów nad Wisłą (Mazowieckie Voivodeship), Osiny (Lubelskie Voivodeship) and Szepietowo (Podlaskie Voivodeship) in 2022 and 2023. The following pea varieties were selected for the experiment: Astronaute, Batuta, Colin, Grot, Mandaryn, Mefisto, Nemo, Kazek, Tarchalska (only in 2022), Tytan (only in 2023). The test material was plants with disease symptoms. Surface-disinfected shoot fragments were plated on PDA medium and the obtained mycelia were passaged several times to obtain pure cultures. The fungal isolates obtained in this way were subjected to macro- and microscopic analysis, which made it possible to preliminarily select isolates belonging to the genus *Fusarium*. The mycelium was then subjected to molecular analysis using species-specific primers.

In 2022, fewer *Fusarium* spp. were isolated compared to 2023. In 2022, a total of six isolates of *Fusarium* species were isolated from 16 plants collected from three locations. In 2023, the highest number of isolates belonging to the genus *Fusarium* was obtained from samples from Grabów nad Wisłą, i.e. 40, while 26 isolates were obtained from Szepietowo and 24 isolates from Osiny. The year was dominated by the occurrence of the species *F. oxysporum* with the greatest number of isolates coming from Szepietowo, i.e. 17, while 15 were from Osiny, and 11 from Grabów nad Wisłą. *F. solani*, *F. avenaceum*, *F. poae* and *F. equiseti* were identified less frequently. In 2023, the Batuta variety of pea plants was found to be more frequently infested by species of the genus *Fusarium* than other varieties at three sampled locations.

Monitoring występowania grzybów chorobotwórczych w ekologicznej uprawie łąbinu żółtego (*Lupinus luteus* L.)

Diana Czarnecka, Anna Czubačka, Jerzy Księżak

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, Puławy
dczarnecka@iung.pulawy.pl

Łubin żółty (*Lupinus luteus* L.) jest rośliną należącą do rodziny bobowatych (*Fabaceae*), a jego nasiona stanowią wartościową i wysokobiałkową paszę dla zwierząt. Dodatkową zaletą wynikającą z jego uprawy w zmianowaniu jest poprawa właściwości mechanicznych oraz fizykochemicznych gleby dzięki wiązaniu azotu atmosferycznego. Może być uprawiany na glebach lekkich i kwaśnych, które przeważają w Polsce. Łubin stanowi także cenny pożytek dla owadów zapylających, wzbogacając tym samym bioróżnorodność lokalnej fauny. Sukces związany z uprawą łąbinu w dużej mierze uzależniony jest od warunków atmosferycznych, a zwłaszcza opadów, które mają wpływ na nasilenie chorób grzybowych i mogą być przyczyną otrzymania gorszej jakości nasion, a w konsekwencji znacznych strat w otrzymanym plonie.

Z uwagi na duże zainteresowanie ekologiczną uprawą roślin bobowatych, w tym łąbinów, podjęto próby oceny występowania grzybów z rodzaju *Fusarium* powodujących fuzariozy łąbinu. W niniejszej pracy określano występowanie tych grzybów w trzech lokalizacjach upraw ekologicznych łąbinu żółtego, tj. w Osinach (woj. lubelskie), w Szepietowie (woj. podlaskie) oraz w Grabowie nad Wisłą (woj. mazowieckie). W roku 2022, na przełomie czerwca i lipca ocenie poddano siedem odmian łąbinu żółtego (Baryt, Goldeneye, Diament, Salut, Mister, Bursztyn, Puma). Materiał badawczy stanowiły korzenie i liście roślin z objawami chorób grzybowych. Powierzchniowo odkazone fragmenty roślin wykładano na pożywkę PDA, a uzyskane grzybnie pasażowano kilkakrotnie, aby otrzymać czyste kultury grzybowe. Tak uzyskane izolaty poddano analizie mikroskopowej w celu wytypowania tych należących do rodzaju *Fusarium*. Następnie zidentyfikowano je molekularnie przy użyciu gatunkowo specyficznych primerów.

W roku 2022 otrzymano 42 izolaty *Fusarium* spp. z roślin uprawianych w Osinach, 17 izolatów z roślin uprawianych w Grabowie i 5 z roślin uprawianych w Szepietowie. Najczęściej zidentyfikowano następujące gatunki: *Fusarium solani* (22 izolaty), *Fusarium sambucinum* (21 izolatów) i *Fusarium oxysporum* (17 izolatów). Ponadto stwierdzono występowanie gatunku *Fusarium equiseti*, do którego przypisano 4 uzyskane izolaty grzybowe. W Osinach najwięcej, bo 14 izolatów *Fusarium* spp. izolowano z odmiany Baryt, natomiast w Grabowie nad Wisłą najliczniej porażały się rośliny odmian Mister i Bursztyn, z których uzyskano po 5 izolatów *Fusarium* spp. Z kolei w Szepietowie nieznaczne porażenie wykazały odmiany Salut i Mister, z których uzyskano odpowiednio 3 i 2 izolaty grzybów z rodzaju *Fusarium*.

Fungal pathogen monitoring in the organic cultivation of yellow lupin (*Lupinus luteus* L.)

Diana Czarnecka, Anna Czubacka, Jerzy Książak

Institute of Soil Science and Plant Cultivation, State Research Institute, Pulawy
dczarnecka@iung.pulawy.pl

Yellow lupin (*Lupinus luteus* L.) is a plant belonging to the *Fabaceae* family. Its seeds provide valuable and high-protein fodder for animals. Additionally, the cultivation of yellow lupin in crop rotation improves the mechanical and physico-chemical properties of the soil due to the fixation of atmospheric nitrogen. Furthermore, yellow lupin can be grown on light and acid soils, which are predominant in Poland. Lupine also provides a valuable food for pollinating insects, thus enriching the biodiversity of local fauna. The success of lupine cultivation is largely dependent on atmospheric conditions, particularly precipitation, which affect the prevalence and severity of fungal diseases. This, in turn, may result in the production of low quality seed and consequently, significant yield losses.

Due to the great interest in the organic cultivation of bean crops, including lupins, attempts have been made to assess the occurrence of fungi of the genus *Fusarium* causing lupin fusariosis. In the present study, the occurrence of these fungi was determined in three locations of organic cultivation of yellow lupin, i.e. in Osiny (Lubelskie Voivodeship), in Szepietowo (Podlaskie Voivodeship) and in Grabów nad Wisłą (Mazowieckie Voivodeship). In 2022, at the end of June and the beginning of July, seven varieties of this species (Baryt, Goldeneye, Diament, Salut, Mister, Bursztyn, Puma) were evaluated. The test material consisted of plant roots and leaves with symptoms of fungal diseases. Surface-decontaminated plant fragments were plated on PDA medium, and the obtained mycelia were passaged several times to obtain pure fungal cultures. The isolates obtained were subjected to microscopic analysis to select isolates belonging to the genus *Fusarium*. They were then subjected to molecular analysis using species-specific primers.

In 2022, 42 isolates of *Fusarium* spp. were obtained from plants grown in Osiny, 17 isolates from plants grown in Grabów and Wisłą and 5 isolates from plants grown in Szepietowo. The following species were most frequently identified: *Fusarium solani* (22 isolates), *Fusarium sambucinum* (21 isolates) and *Fusarium oxysporum* (17 isolates). In addition, the species *Fusarium equiseti* was found, to which 4 of the fungal isolates obtained were attributed. In Osiny the greatest number of *Fusarium* spp. isolates, i.e. 14, were isolated from the cultivar Baryt, while in Grabów nad Wisłą the most numerous were plants of the cultivars Mister and Bursztyn, from which five *Fusarium* isolates of each were obtained. In Szepietowo, on the other hand, insignificant infestation was shown of the cultivars Salut and Mister, from which 3 and 2 isolates of *Fusarium* fungi were obtained, respectively.

Grzyby wyizolowane z chorych i zdrowych pędów *Pinus mugo* subsp. *mugo* w Tatrzańskim Parku Narodowym

Robert Jankowiak, Czesław Bartnik

Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kollątaja w Krakowie, Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Kraków

r.jankowiak@ur.edu.pl

W 2023 roku obserwowano zamieranie pędów kosodrzewiny (*P. mugo* subsp. *mugo*) w Tatrach Zachodnich. Na pędach dochodziło do zamierania wierzchołków oraz czerwono-brązowego przebarwienia igieł. Dodatkowo występowało ciemne przebarwienie w rdzeniu pędów oraz nekroza perydermy wewnętrznej. W badaniach opisano objawy chorobowe występujące na pędach *P. mugo* oraz ustalono skład gatunkowy grzybów w symptomatycznych i asymptomatycznych pędach *P. mugo* oraz w nasadach igieł wyrastających z pędów. Wykonano także analizy filogenetyczne w celu wyróżnienia potencjalnych gatunków kryptycznych dla *Sydowia polyspora*. Próbkę pobrano z czterech płatów kosodrzewiny rosnących na terenie Tatrzańskiego Parku Narodowego. Ogółem zidentyfikowano 128 taksonów grzybów. Wśród zidentyfikowanych taksonów, z pędów *P. mugo* najliczniej izolowano następujące gatunki: *Sydowia polyspora* crypt. sp. I, *Lachnellula calyciformis*, *Mollisia s. lato*, *Tympanis* sp., *Epicoccum mezzettii*, *E. nigrum*, *Infundichalara* sp., *Lophium mytilinum*, *Cytospora* sp., *Soosiella* sp., *Cladosporium westerdijkiae* i *Hendersonia pinicola*. W większości przypadków rodzaj tkanki i miejsce pobrania próbki znacząco wpływały na liczebność i skład gatunkowy grzybów. We wszystkich typach próbek konsekwentnie stwierdzano jedynie obecność *S. polyspora*, co sugeruje, że grzyb ten może być odpowiedzialny za zamieranie pędów *P. mugo*. Analizy filogenetyczne wykazały, że *S. polyspora* należy traktować jako kompleks gatunkowy obejmujący co najmniej cztery gatunki kryptyczne. Gatunki te są prawdopodobnie wysoce specyficzne względem żywicieli, tj. drzew iglastych. Pędy kosodrzewiny były także kolonizowane przez inne dobrze znane patogeny drzew tj. *Allantophomopsis pseudotsugae*, *Botrytis cinerea*, *Cytospora* sp., *Fusarium* sp., *Sirococcus conigenus* i *Tympanis* sp. Wśród nich jedynie *Cytospora* sp. i *Tympanis* sp. występowały w pędach stosunkowo często. Badania dofinansowano ze środków funduszu leśnego przekazanych przez Lasy Państwowe w 2023 r.

Fungi isolated from diseased and healthy-looking shoots of *Pinus mugo* subsp. *mugo* in the Tatra National Park

Robert Jankowiak, Czesław Bartnik

Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kollątaja w Krakowie, Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Kraków

r.jankowiak@ur.edu.pl

In 2023, extensive shoot decline was observed in the dwarf pine scrub (*P. mugo* subsp. *mugo*) in the West Tatra Mountains. Symptomatic shoots showed shoot tip dieback and red-brown needle discoloration. Symptoms included also dark discoloration of the core parenchyma and necrotic lesions in shoot periderms. In this study, we described the symptoms of *P. mugo* shoot dieback and surveyed the culturable fungi from asymptomatic and symptomatic *P. mugo* shoots, as well as the bases of needles growing from shoots. In addition, we conducted phylogenetic analyses to distinguish between potential cryptic species of *Sydowia polyspora*. The dwarf pine scrub shoots and needles were sampled from four patches in the Polish Tatra Mountains. In total, 128 distinct taxa were identified. Among the taxa identified, *Sydowia polyspora* crypt. sp. I, *Lachnellula calyciformis*, *Mollisia s. lato*, *Tympanis* sp., *Epicoccum mezzettii*, *E. nigrum*, *Infundichalara* sp., *Lophium mytilinum*, *Cytospora* sp., *Soosiella* sp., *Cladosporium westerdijkiae* and *Hendersonia pinicola* were most frequently isolated. In most cases, tissue type and sample site significantly affected the abundance and composition of colonizing fungi. Only *S. polyspora* was found consistently in all sample types, suggesting that this fungus may be responsible for shoot dieback of *P. mugo*. Phylogenetic analyses demonstrated that *S. polyspora* should be treated as a species complex containing at least four cryptic species, that are highly host-specific to different conifer species. We also found several other well-known pathogens, namely *Allantophomopsis pseudotsugae*, *Botrytis cinerea*, *Cytospora* sp., *Fusarium* sp., *Sirococcus conigenus*, and *Tympanis* sp., that may cause considerable damage to *Pinus* spp. shoots. Among them, only *Cytospora* sp., and *Tympanis* sp. were found often. The research was co-financed by the forest fund grant provided by the State Forests to the Tatra National Park in 2023.

Występowanie grzybów rodzaju *Fusarium* na samosiewie bukowym (*Fagus sylvatica*) porażonym przez *Phytophthora* spp.

Robert Jankowiak, Hanna Stępniewska

Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kollątaja w Krakowie, Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Kraków

r.jankowiak@ur.edu.pl

Choroby powodowane przez grzyby rodzaju z *Fusarium* w lasach, a szczególnie w odnowieniach naturalnych są słabo rozpoznane. Ostatnio w Polsce zaobserwowano gwałtowne zamieranie samosiewu bukowego spowodowane przez *Phytophthora* spp. Chore siewki buka były także infekowane przez grzyby rodzaju *Fusarium*. Celem pracy była izolacja i ustalenie roli *Fusarium* spp. w zamieraniu siewek buka. Z 450 symptomatycznych i asymptomatycznych siewek buka uzyskano łącznie 487 izolatów *Fusarium* spp.: 466 z siewek symptomatycznych i 21 z siewek asymptomatycznych. Na podstawie identyfikacji morfologicznej i molekularnej ustalono, że izolaty należały do czterech kompleksów gatunków (*Fusarium* S.C.), a mianowicie: *F. incarnatum-equiseti* (FIESC, *F. scirpi*), *F. nisikadoi* (FNESC, *F. commune*), *F. sambucinum* (FSAMSC, *F. sporotrichioides*, *F. graminearum*, *F. sambucinum*), *F. tricinctum* (FTSC, *F. avenaceum*, *F. campestre*, *F. paeoniae*, *F. reticulatum*, *Fusarium* sp. FTSC 15, *Fusarium* sp. FTSC 22, *Fusarium* sp. FTSC 23, *Fusarium* sp. A, *Fusarium* sp. D). Gatunkami najczęściej izolowanymi z części nadziemnych oraz korzeni siewek były *Fusarium avenaceum* i *F. paeoniae*. W badaniach patogeniczności najbardziej agresywnymi gatunkami dla siewek buka okazały się *F. avenaceum* i *F. sporotrichioides*. Jednakże izolaty *Fusarium* spp. były znacznie mniej agresywne w porównaniu do *Phytophthora × cambivora* (kontrola). Wyniki badań sugerują, że siewki buka w lasach są pospolicie kolonizowane przez różne gatunki z rodzaju *Fusarium* (14 taksonów). Najprawdopodobniej *Fusarium* spp. nie odgrywają istotnej roli w redukcji naturalnego odnowienia buka europejskiego ze względu na ich niską agresywność.

***Fusarium* species associated with naturally regenerated European beech (*Fagus sylvatica*) seedlings affected by *Phytophthora* spp.**

Robert Jankowiak, Hanna Stępniewska

Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kollątaja w Krakowie, Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Kraków

r.jankowiak@ur.edu.pl

Fusarium diseases in forests, especially in naturally regenerated seedlings are poorly recognized. Recently the rapid and severe decline of natural regeneration of European beech caused by *Phytophthora* spp. has been observed in Poland. The diseased beech seedlings were also co-infected by *Fusarium* species. The aim of this study was to isolate and identify the role of *Fusarium* species that may play a role in the decline of beech seedlings in Poland. A total of 487 *Fusarium* isolates were obtained from 450 symptomatic and asymptomatic beech seedlings: 466 from symptomatic plants and 21 from asymptomatic plants. Based on morphological and molecular identification, the isolated species were distributed into four *Fusarium* SC, namely the *F. incarnatum-equiseti* species complex (FIESC, *F. scirpi*), the *F. nisikadoi* species complex (FNESC, *F. commune*), the *F. sambucinum* species complex (FSAMSC, *F. sporotrichioides*, *F. graminearum*, *F. sambucinum*), and the *F. tricinctum* species complex (FTSC, *F. avenaceum*, *F. campestre*, *F. paeoniae*, *F. reticulatum*, *Fusarium* sp. FTSC 15, *Fusarium* sp. FTSC 22, *Fusarium* sp. FTSC 23, *Fusarium* sp. A, and *Fusarium* sp. D). *Fusarium avenaceum* and *F. paeoniae* were the most frequently isolated species from both above- and below-ground organs. In the pathogenicity trials, the most virulent species for beech seedlings were *F. avenaceum* and *F. sporotrichioides*. However, *Fusarium* isolates were significantly less aggressive compared to the *Phytophthora* × *cambivora* (control). Our results demonstrate that beech seedlings were commonly colonized by various *Fusarium* species (14 taxa). Probably *Fusarium* species do not play not important role in reduction of naturally regenerated European beech seedlings due to their low aggressiveness.

Wpływ wybranych substancji organicznych i preparatu Biosept 33 SL na jakość nasion marchwi (*Daucus carota* L.)

Magdalena Jarosz

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Fitopatologii i Nasiennictwa, Poznań
magdalena.jarosz@up.poznan.pl

Problemem w uprawach marchwi są jej choroby, których sprawcami są patogeny przenoszone z nasionami, do tej grupy zaliczają się *Alternaria dauci* i *A. radicina*. W praktyce do ich zwalczania powszechnie stosowane są syntetyczne środki chemiczne. Alternatywnym sposobem uszlachetniania nasion może okazać się ich traktowanie wodnym roztworem nadtlenu wodoru (H_2O_2), znanego ze względu na swoje właściwości przeciwbakteryjne i przeciwgrzybowe. Czy też zastosowanie kwasu mlekowego, stosowanego do konserwacji żywności. Popularne jest także stosowanie preparatów pochodzenia roślinnego jak np. preparat Biosept 33 SL na bazie wyciągu z miąższu i nasion grejpfruta (*Citrus paradisi* Macf). Zawiera on alifatyczne aldehydy, monotereny i nutkaton, 7-geranoxykumaryna, a także kemferol i naryngenina, które wykazują działanie antygrzybowe. Celem badań było określenie wpływu substancji organicznych i preparatu Biosept 33 SL (s.a. 33% ekstraktu z miąższu i nasion grejpfruta) na zdrowotność i kiełkowanie nasion dwóch prób marchwi Amsterdamska i Brerlikumer 2. Nasiona obu prób moczone przez 10, 20 i 30 min w 3% roztworze nadtlenu wodoru, roztworach kwasu mlekowego o stężeniu 5% oraz preparatu Biosept 33 SL o 0,5% stężeniu. Kontrolę stanowiły nasiona nietraktowane i moczone w wodzie destylowanej przez 10, 20 i 30 min. Zdrowotność nasion przeprowadzono za pomocą testu bibułowego z przemrażaniem. Analizowano po 200 nasion w każdej kombinacji (5 powtórzeń po 40 nasion) (ISTA). Nasiona inkubowano w płytkach Petriego, na sześciowarstwowej, nawilżonej wodą destylowaną, bibule filtracyjnej, po 20 nasion na płytce, przez trzy dni w temp. 20°C, w ciemności. Następnie płytki z nasionami przemrożono w temperaturze -20°C przez 20 h, po upływie tego czasu płytki umieszczono na sześć dni w pomieszczeniu o temperaturze 20°C, pod lampami NUV, w cyklu 12 h światła i 12 h ciemności. Po inkubacji dokonywano obserwacji wzrostu i zarodnikowania grzybów zasiedlających nasiona. Dodatkowo określono procent nasion wolnych od grzybów. Ocenę kiełkowania wykonano w temperaturze 20°C (ISTA). Badano po 300 nasion z każdej kombinacji (6 powtórzeń po 50 nasion). Nasiona inkubowano w płytkach Petriego, na nawilżonej wodą destylowaną bibule filtracyjnej, w ciemności. Po upływie 7 dni obliczono energię kiełkowania, a po 14 dniach określono zdolność kiełkowania nasion, odsetek siewek z objawami chorobowymi, siewek zniekształconych, nasion martwych oraz zdrowych niekiełkujących. Traktowanie nasion obu partii roztworami wymienionych substancji organicznych i preparatu Biosept 33 SL znacząco zmniejszyło ich zasiedlenie przez grzyby z rodzaju *Alternaria* i przyczyniło się do wzrostu odsetka nasion wolnych od grzybów. Traktowanie nasion próby I roztworami H_2O_2 przez 20 min i kwasu mlekowego przez 10 min poprawiło ich zdolność kiełkowania w stosunku do nasion nietraktowanych i moczonych w wodzie destylowanej przez 10 i 20 min. Nasiona próby II potraktowane wszystkimi sposobami odznaczały się wyższą energią i zdolnością kiełkowania niż nasiona nietraktowane.

The influence of selected organic substances and the Biosept 33 SL preparation on the quality of carrot seeds (*Daucus carota* L.)

Magdalena Jarosz

Poznań University of Life Sciences, Department of Phytopathology, Seed Science and Technology,
Poznań

[magdalena.jarosz@up.poznan.pl](mailto:magdalenajarosz@up.poznan.pl)

A problem in carrot cultivation are carrot diseases caused by seed-borne pathogens, including *Alternaria dauci* and *A. radicina*. In practice, synthetic chemicals are commonly used to combat them. An alternative way to refine seeds may be to treat them with an aqueous solution of hydrogen peroxide (H₂O₂), known for its antibacterial and antifungal properties. Or the use of lactic acid, used for food preservation. The use of preparations of plant origin is also popular, such as Biosept 33 SL based on grapefruit pulp and seed extract (*Citrus paradisi* Macf). It contains aliphatic aldehydes, monoterpenes and nutkatone, 7-geranoxycoumarin, as well as kaempferol and naringenin, which have antifungal properties. The aim of the study was to determine the effect of organic substances and the Biosept 33 SL preparation (a.s. 33% grapefruit pulp and seed extract) on the health and germination of seeds of two samples of Amsterdam carrot and Brerlikumer 2. The seeds of both samples were soaked for 10, 20 and 30 min in 3% hydrogen peroxide solution, lactic acid solutions with a concentration of 5% and Biosept 33 SL with a concentration of 0.5%. The control consisted of untreated seeds soaked in distilled water for 10, 20 and 30 min. Seed health was assessed using the deep-freeze blotter test. 200 seeds were analyzed in each combination (5 replicates of 40 seeds each) (ISTA). The seeds were incubated in Petri dishes, on six-layer filter paper moistened with distilled water, 20 seeds per plate, for three days at 20°C, in the dark. Then, the plates with seeds were frozen at -20°C for 20 hours, after which the plates were placed for six days in a room at 20°C, under NUV lamps, in a cycle of 12 hours of light and 12 hours of darkness. After incubation, the growth and propagation of fungi inhabiting the seeds were observed. Additionally, the percentage of fungi-free seeds was determined. Germination assessment was performed at 20°C (ISTA). 300 seeds from each combination were tested (6 repetitions of 50 seeds each). The seeds were incubated in Petri dishes, on filter paper moistened with distilled water, in the dark. After 7 days, the germination energy was calculated, and after 14 days, the germination capacity of the seeds, the percentage of seedlings with disease symptoms, deformed seedlings, dead seeds and healthy, non-germinating seeds were determined. Treating the seeds of both batches with solutions of the mentioned organic substances and the Biosept 33 SL preparation significantly reduced their colonization by fungi of the *Alternaria* genus and contributed to an increase in the percentage of seeds free from fungi. Treating the seeds of sample I with solutions of H₂O₂ for 20 min and lactic acid for 10 min improved their germination capacity compared to untreated seeds soaked in distilled water for 10 and 20 min. Seeds of trial II treated with all methods were characterized by higher energy and germination capacity than untreated seeds.

Udział sacharydów i jasmonianów w odpowiedzi obronnej kielkujących nasion łubinu (*Lupinus luteus* L.) na *Fusarium oxysporum* f. sp. *lupini*

Temiloluwa Praise Williams¹, Agnieszka Woźniak¹, Jacek Kęsy², Katarzyna Sadowska³, Zbigniew Karolewski⁴, Sławomir Świerczyński⁵, Jan Bocianowski⁶, Anielkis Batista^{1,7}, Iwona Morkunas¹

¹ Katedra Fizjologii Roślin, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Biotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

² Katedra Fizjologii Roślin i Biotechnologii, Wydział Nauk Biologicznych i Weterynaryjnych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

³ Klinika Chorób Roślin i Bank Patogenów, Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Poznań

⁴ Katedra Fitopatologii i Nasiennictwa, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Biotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

⁵ Katedra Roślin Ozdobnych, Dendrologii i Sadownictwa, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Biotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Kolegium Zembala

⁶ Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Biotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

⁷ Polytechnic Institute of Huila, Universidade Mandume ya Ndemufayo, Lubango; Angola
iwona.morkunas@up.poznan.pl

Obniżenie poziomu węglowodanów w osiach zarodkowych kielkujących nasion łubinu żółtego (*Lupinus luteus* L.) i infekcja hemibiotroficznym grzybem *Fusarium oxysporum* f.sp. *Schlecht lupini* może mieć niekorzystny wpływ na proces kiełkowania nasion, szczególnie w heterotroficznej fazie. W pracy podkreślono znaczenie węglowodanów rozpuszczalnych w regulacji poziomu cząsteczek sygnałowych zaangażowanych w mechanizmy obronne roślin w osiach zarodkowych łubinu żółtego, podczas heterotroficznej fazy kiełkowania nasion i podczas przejścia pomiędzy heterotroficzną, a autotroficzną fazą. Wykazano poinfekcyjny wzrost poziomu jasmonianów, tj. kwasu jasmonowego, (JA) i jasmonianu metylu (Me-JA) do 48 godz. eksperymentu. Ponadto od 72 godz. po infekcji *F. oxysporum* wykazano obniżenie zawartości jasmonianów w osiach zarodkowych łubinu żółtego. Dodatkowo stwierdzono, że stężenie węglowodanów rozpuszczalnych we wszystkich punktach czasowych po infekcji obniżało się, z wyjątkiem 48 godz.. Z kolei w osiach zarodkowych stężenie sacharozy i glukozy do 48 godz. eksperymentu było wyższe niż w osiach nieinfekowanych. W przeciwieństwie do powyższego, w 24-godzinnych infekowanych *F. oxysporum* osiach zarodkowych stężenie fruktozy było niższe niż w osiach zarodkowych nieinfekowanych. Poza tym patogeniczny grzyb *F. oxysporum* powodował ograniczony wzrost osi zarodkowych łubinu żółtego. Otrzymane wyniki wskazują, że w osiach zarodkowych łubinu żółtego we wczesnej fazie kiełkowania nasion, zwłaszcza w fazie heterotroficznej, występują zmiany stężenia jasmonianów i sacharydów w odpowiedzi na infekcję *F. oxysporum* f.sp. *lupini*.

Participation of saccharides and jasmonates in defense response of germinating yellow lupine (*Lupinus luteus* L.) seeds to *Fusarium oxysporum* f. sp. *lupini*

Temiloluwa Praise Williams¹, Agnieszka Woźniak¹, Jacek Kęsy², Katarzyna Sadowska³, Zbigniew Karolewski⁴, Sławomir Świerczyński⁵, Jan Bocianowski⁶, Anielkis Batista^{1,7}, Iwona Morkunas¹

¹ Department of Plant Physiology, Faculty of Agriculture, Horticulture and Biotechnology, Poznań University of Life Sciences, Poland

² Department of Plant Physiology and Biotechnology, Faculty of Biological and Veterinary Sciences, Nicolaus Copernicus University in Toruń, Poland

³ Plant Disease Clinic and Bank of Pathogens, Institute of Plant Protection - National Research Institute, Poznań, Poland

⁴ Department of Phytopathology, Seed Science and Technology, Faculty of Agriculture, Horticulture and Biotechnology, Poznań University of Life Sciences, Collegium Zembala, , Poland

⁵ Department of Ornamental Plants, Dendrology and Pomology, Faculty of Agriculture, Horticulture and Biotechnology, Poznań University of Life Sciences, Poland

⁶ Department of Mathematical and Statistical Methods, Faculty of Agriculture, Horticulture and Biotechnology, Poznań University of Life Sciences, Poland

⁷ Polytechnic Institute of Huila, Universidade Mandume ya Ndemufayo, Lubango; Angola
iwona.morkunas@up.poznan.pl

The decrease in the level of sugars in embryo axes of germinating seeds of yellow lupine (*Lupinus luteus* L.) and the infection caused by a hemibiotrophic fungus *Fusarium oxysporum* f.sp. *Schlecht lupini* may have an adverse effect on the seed germination process, particularly its heterotrophic phase. The study highlights the importance of soluble carbohydrates in regulating the level of signaling molecules involved in plant defense mechanisms in the embryo axes of yellow lupine, during the heterotrophic phase of seed germination and during the transition between the heterotrophic and autotrophic phase. It has been demonstrated postinfection increase in jasmonates, i.e. jasmonic acid (JA) and methyl jasmonate (Me-JA) level until 48h. Moreover, from 72h after infection with *F. oxysporum* in yellow lupine embryo axes decrease in the concentration of jasmonates was detected. Additionally, the concentration of soluble sugars at all-time points that apart from 48h for fructose decreased. In turn, in infected embryo axes, sucrose and glucose concentrations were higher than in non-infected embryo axes until 48h. In contrast to the above, in 24-h infected embryo axes, the concentration of fructose was lower than in the non-infected embryo axes. Besides, *F. oxysporum* caused limited the growth of embryo axes. These results indicate that in yellow lupine embryo axes during the early stage of seed germination, especially during heterotrophic phase, changes in jasmonates and saccharides occur in embryo axes in response to infection with *F. oxysporum* f.sp. *lupini*.

***Berkeleyomyces* sp. – patogen wywołujący czarną zgniliznę korzeni tytoniu**

Grażyna Korbecka-Glinka, Diana Czarnecka, Anna Trojak-Goluch

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Hodowli i Biotechnologii Roślin, Puławy

gkorbecka@iung.pulawy.pl

Czarna zgnilizna korzeni powoduje zahamowanie wzrostu, żółknięcie i więdnienie nadziemnych części roślin pomimo odpowiedniej dostępności wody. Przyczyną tych objawów jest gnicie systemu korzeniowego. Występowanie choroby odnotowano na całym świecie, na ponad 170 gatunkach roślin, w tym na wielu warzywach (np. pomidorze, marchwi, buraku), roślinach ozdobnych (np. begonii, eustomie, cyklamencie) i tytoniu. Porażenie roślin tytoniu prowadzi do zmniejszenia plonu na skutek spowolnienia wzrostu i zredukowania powierzchni oraz masy liści. Ponadto obserwuje się nierównomierne dojrzewanie roślin i niekorzystne zmiany w składzie chemicznym liści. Straty plonu tytoniu sięgają nawet 50% w przypadku uprawy odmian o wysokiej podatności na tę chorobę.

Czarna zgnilizna korzeni jest powodowana przez hemibiotroficzny patogen grzybowy przenoszony za pośrednictwem gleby i zaliczany wcześniej do gatunku *Thielaviopsis basicola* (Berk. & Broome) Ferraris (syn. *Chalara elegans* Nag Raj & W.B. Kendr.). W ciągu ostatnich 10 lat badania DNA patogena pozwoliły na wyróżnienie w obrębie *T. basicola* dwóch morfologicznie nierozróżnialnych gatunków: *Berkeleyomyces rouxiae* and *B. basicola*. W konsekwencji identyfikacja gatunkowa patogenów powodujących czarną zgniliznę korzeni w różnych rejonach świata jest teraz weryfikowana poprzez sekwencjonowanie regionów DNA, które różnicują dwa wyżej wymienione gatunki *Berkeleyomyces*.

W 2023 roku zebrano w dwóch lokalizacjach w województwie lubelskim rośliny tytoniu z łagodnymi objawami czarnej zgnilizny korzeni. Z fragmentów korzeni wyłożonych na krążki marchewki wyizolowano kultury grzybowe z charakterystycznymi dla *Berkeleyomyces* spp. strukturami morfologicznymi (fialidy, endokonidia i chlamydospory). Następnie otrzymano kultury jednozarodnikowe, które poddano izolacji DNA. Wykonano sekwencjonowanie trzech regionów (*Aktyna*, *RPBII* i *MCM7*) różnicujących dwa gatunki. Analiza BLAST otrzymanych sekwencji wykazała ich największe podobieństwo do sekwencji gatunku *B. rouxiae* zdeponowanych w bazie NCBI (Genbank).

1. Nel, W.J.; Duong, T.A.; de Beer, Z.W.; Wingfield, M.J. Black root rot: a long known but little understood disease. *Plant Pathol.* 2019, 68, 834-842, doi:10.1111/ppa.13011.
2. Trojak-Goluch, A. Aktualne i potencjalne możliwości uprawy tytoniu w warunkach występowania czarnej zgnilizny korzeni. *Studia i Raporty IUNG-PIB* 2008, 13, 63-73.

***Berkeleyomyces* sp. – pathogen causing black root rot of tobacco**

Grażyna Korbecka-Glinka, Diana Czarnecka, Anna Trojak-Goluch

Institute of Soil Science and Plant Cultivation – State Research Institute, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Pulawy

gkorbecka@iung.pulawy.pl

Black root rot results in growth inhibition, yellowing, and wilting of the aboveground plant parts, despite sufficient water being present. The cause of these symptoms is rotting of the root system. The disease was reported worldwide, affecting over 170 species including vegetables (e.g. tomato, carrot, beetroot), ornamental crops (e.g. begonia, lisianthus, cyclamen), and tobacco. Infection of tobacco plants leads to a decrease in crop yield due to reduced growth rate, leaf surface, and leaf mass. Moreover, uneven ripening of the plants and unfavourable changes in the chemical composition of the leaves are observed. Losses of the tobacco crops may reach up to 50% when cultivating varieties highly susceptible to this disease.

Black root rot is caused by a hemibiotrophic fungal pathogen that is soil-borne and previously was classified as the species *Thielaviopsis basicola* (Berk. & Broome) Ferraris (syn. *Chalara elegans* Nag Raj & W.B. Kendr.). In the past decade, DNA analysis enabled the discovery of two cryptic species within *T. basicola*, *Berkeleyomyces rouxiae* and *B. basicola*, which cannot be distinguished based on their morphology. Therefore, species identification of pathogens causing black root rot is being conducted by sequencing DNA regions that differentiate the two *Berkeleyomyces* species mentioned above.

In 2023, tobacco plants with mild symptoms of black root rot were sampled in two locations in Lubelskie province. Fungal cultures were obtained from the root fragments placed on the carrot bait. Microscopic observation revealed morphological structures typical for *Berkeleyomyces* spp. (phialides, endoconidia, chlamydospores). Subsequently, single spore cultures were obtained and subjected to DNA isolation. The sequencing of three regions (*Actin*, *RPBII* and *MCM7*) that differentiate the two *Berkeleyomyces* species was performed. BLAST analysis of the obtained sequences revealed a high similarity to the sequences of *B. rouxiae* deposited at the NCBI Genbank database.

1. Nel, W.J.; Duong, T.A.; de Beer, Z.W.; Wingfield, M.J. Black root rot: a long known but little understood disease. *Plant Pathol.* 2019, 68, 834-842, doi:10.1111/ppa.13011.
2. Trojak-Goluch, A. Aktualne i potencjalne możliwości uprawy tytoniu w warunkach występowania czarnej zgnilizny korzeni. *Studia i Raporty IUNG-PIB* 2008, 13, 63-73.

Toksyny fuzaryjne oraz związki bioaktywne w ziarnie zbóż jarych w uprawie konwencjonalnej i ekologicznej

Tomasz Góral¹, Kinga Stuper-Szablewska², Maciej Buśko²

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

² Katedra Chemii, Wydział Leśny i Technologii Drewna, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Poznań

t.goral@ihar.edu.pl

Do badań zostały wybrano reprezentatywne odmiany z 5 gatunków zbóż jarych: pszenicy zwyczajnej, jęczmienia: typ browarny oraz pastewny i owsa: nagi i zwyczajny oraz pszenicy twardej jarej. Wybrane odmiany zbóż różniły się pod względem cech morfologicznych, odporności na choroby oraz pochodzenia. Odmiany wybrano na podstawie znanej podatności na fuzariozę kłosów (pszenica, pszenica twarda) lub znaczenia odmiany w produkcji zbóż w Polsce (areal uprawy). Zboża uprawiane były w dwóch systemach: konwencjonalnym i ekologicznym. Odmiany wysiano w trzech powtórzeniach w trzech kombinacjach. Pierwszą stanowiła kontrola, niechroniona przed chorobami zbóż. Druga kombinacja chroniona była fungicydami zwalczającymi fuzariozę kłosów lub środkami stymulującymi odporność (pole ekologiczne) oraz inokulowana grzybem *Fusarium culmorum* wytwarzającym trichoteceny typu B. Trzecia kombinacja natomiast była jedynie inokulowana grzybem *F. culmorum*. Na obu polach (konwencjonalnym i ekologicznym) oceniano występowanie i nasilenie fuzariozy kłosów (indeks fuzariozy kłosów IFK). W zebranych ziarnie analizowano zawartość ergosterolu, toksyn fuzaryjnych (trichoteceny typu A i B), steroli, polifenoli, karotenów oraz kwasów fenolowych.

W przypadku 4 kombinacji inokulowanych IKF nie różniły się istotnie. Zastosowanie fungicydów lub stymulatorów odporności nie spowodowało spadku nasilenia objawów fuzariozy kłosów. Było natomiast skuteczne w obniżeniu zawartości ergosterolu w ziarnie. Oba typy środków nie różniły się istotnie. Suma toksyn trichotecenowych typu B była najwyższa w ziarnie inokulowanym z pola konwencjonalnego i istotnie niższa z pola ekologicznego. Oba typy środków zredukowały zawartość toksyn do poziomu nie różniącego się od stwierdzonego w ziarnie kontrolnym. Zawartość trichotecenów typu A była najwyższa w ziarnie prób kontrolnych z obu pól oraz w ziarnie inokulowanym z pola konwencjonalnego. Najwięcej trichotecenów obu typów znajdowało się w ziarnie owsa zwyczajnego i pszenicy twardej. Zawartość steroli była wyższa w ziarnie ze wszystkich kombinacji z pola ekologicznego niż z pola konwencjonalnego. W przypadku kwasów fenolowych ich zawartość była istotnie wyższa w ziarnie z obu kombinacji inokulowanych *Fusarium*. Dla pozostałych (w tym inokulowanych i chronionych) nie różniła się istotnie. Różnice te wynikały przede wszystkim z wysokiej zawartości kwasu ferulowego w próbach inokulowanych (niechronionych). Podobnie było w przypadku flawonoidów, z tym, że ich zawartość była istotnie wyższa w próbach inokulowanych z pola ekologicznego niż z pola konwencjonalnego. Różnice w zawartości flawonoidów wynikały przede wszystkim z wysokiej zawartości naringeniny w próbach inokulowanych (niechronionych) z pola ekologicznego. Wysoką zawartość tego związku stwierdzono również w próbach inokulowanych z pola konwencjonalnego oraz inokulowanych i traktowanych biostymulantami z pola ekologicznego. W przypadku karotenów nie stwierdzono istotnych różnic w zawartości w ziarnie pomiędzy poszczególnymi kombinacjami.

***Fusarium* toxins and bioactive compounds in the grain of spring cereals in conventional and organic cultivation**

Tomasz Góral¹, Kinga Stuper-Szablewska², Maciej Buśko²

¹ *Plant Breeding and Acclimatization Institute, National Research Institute, Radzików*

² *Department of Chemistry, Faculty of Forestry and Wood Technology, Poznań University of Life Sciences, Poznań*

t.goral@ihar.edu.pl

Representative varieties from 5 species of spring cereals were selected for the study: bread wheat, barley (both malting and feed type), oat (both naked and common), and durum wheat. The selected cereal varieties differed in morphological traits, disease resistance, and origin. The varieties were chosen based on their known susceptibility to *Fusarium* head blight (wheat, durum wheat) or the significance of the cultivar in cereal production in Poland (cultivation area). The cereals were grown in two systems: conventional and organic. The varieties were sown in three replicates in three combinations. The first combination was the control, unprotected against cereal diseases. The second combination was protected with fungicides controlling *Fusarium* head blight or agents stimulating resistance (organic field) and inoculated with *Fusarium culmorum* fungus which produces type B trichothecenes. The third combination was only inoculated with *F. culmorum*.

In both fields (conventional and organic), the occurrence and severity of *Fusarium* head blight (FHB) were assessed. The content of ergosterol, *Fusarium* toxins (type A and B trichothecenes), sterols, polyphenols, carotenes, and phenolic acids were analyzed in the harvested grain.

In the case of the four combinations inoculated, the FHB did not differ significantly. The application of fungicides or resistance stimulators did not reduce the severity of *Fusarium* head blight symptoms. However, it was effective in reducing the ergosterol content in the grain. Both types of agents did not differ significantly. The sum of type B trichothecene toxins was highest in grain inoculated from conventional fields and significantly lower in grain from organic fields. Both types of agents reduced the toxin content to levels similar to those found in the control grain. The content of type A trichothecenes was highest in control samples from both fields and inoculated grain from the conventional field. The highest amounts of both types of trichothecenes were found in common oat and durum wheat grains. The sterol content was higher in grains from all combinations of organic fields than in conventional fields. In the case of phenolic acids, their content was significantly higher in the grain of both combinations inoculated with *Fusarium*. For the remaining combinations (including inoculated and protected), it did not differ significantly. These differences were mainly due to the high content of ferulic acid in the inoculated (unprotected) samples. The same was true for flavonoids, with their content being significantly higher in the inoculated samples from organic fields than from conventional fields. The differences in flavonoid content were mainly due to the high content of naringenin in the inoculated (unprotected) samples from organic fields. The high content of this compound was also found in inoculated samples from conventional fields and inoculated samples treated with biostimulants from organic fields. In the case of carotenoids, no significant differences in grain content were found between the various combinations.

Wpływ wybranych hydrolatów na występowanie *Alternaria alternata* i *Botrytis* spp. na nasionach cebuli

Agnieszka Rosińska, Jean Claude Rukundo, Mary Kaiytesi

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Fitopatologii i Nasiennictwa, Poznań

agnieszka.rosinska@up.poznan.pl

Hydrolaty to produkty uboczne powstające w trakcie produkcji olejków eterycznych. Ze względu na właściwości przeciwutleniające oraz bakterio- i grzybobójcze są powszechnie stosowane w przemyśle farmaceutycznym, kosmetycznym i spożywczym. Nasiona cebuli są często zasiedlane przez grzyby, zwłaszcza *Alternaria alternata* oraz grzyby rodzaju *Botrytis*. Grzyby te przenoszone są wraz z materiałem siewnym i stanowią źródło inokulum, powodują zamieranie siewek, istotnie obniżając zdolność kiełkowania nasion. Celem doświadczenia była ocena wpływu czterech hydrolatów ziołowych z szałwii, krwawnika pospolitego, wrotyczu marokańskiego i pokrzywy na zdrowotność nasion cebuli. Wykorzystano dwie próbki nasion. Zdrowotność nasion oceniono metodą inkubacyjną na podłożu agarowym. Nasiona moczone przez 30 minut w 20, 50 i 100% roztworach hydrolatów. Następnie na przygotowanych wcześniej sterylnych płytkach Petriego wyłożono po 10 nasion cebuli. Dla każdej kombinacji doświadczalnej oceniono po 200 nasion. Nasiona inkubowano przez 10 dni w warunkach zmiennego oświetlenia, 12 godzin ciemności i 12 godzin światła NUV (360-420 nm). Kontrolę stanowiły nasiona niezaprawiane, zaprawiane fungicydem Dithane NeoTec 75 WG oraz moczone w wodzie destylowanej przez 30 minut. Wszystkie roztwory hydrolatów ograniczały występowanie *Alternaria alternata* na nasionach obu prób w takim samym stopniu jak fungicyd. Najmniej efektywny był hydrolat z wrotyczu marokańskiego w stężeniach 20 i 50%. Stwierdzono całkowite wyeliminowanie tego grzyba po moczeniu nasion próby I w 100% hydrolacie z pokrzywy. Nietraktowane nasiona próby I były w mniejszym stopniu opanowane przez grzyby rodzaju *Botrytis* spp. (9% *B. allii* i 1,5% *B. cinerea*), niż nasiona próby II (39,5% *B. allii* i 14% *B. cinerea*). W przypadku nasion próby I obserwowano istotnie zmniejszenie występowania lub wyeliminowanie *B. allii* oraz brak wpływu moczenia nasion w roztworach hydrolatów na zasiedlenie nasion przez *B. cinerea*. Roztwory hydrolatu z wrotyczu marokańskiego o stężeniach 50 i 100% nie wpłynęły na występowanie *Botrytis allii* na nasionach próby II. Pozostałe roztwory istotnie ograniczyły występowanie tego grzyba, a roztwory hydrolatów z szałwii w stężeniu 50 i 100% i krwawnika pospolitego w stężeniu 20 i 50% oraz 100% hydrolat z pokrzywy były równie efektywne jak zastosowany fungicyd. Zastosowanie fungicydu oraz 100% hydrolatu z szałwii całkowicie wyeliminowało *B. cinerea* z nasion próby II. Nie stwierdzono zmniejszenia zasiedlenia nasion przez *B. cinerea* po moczeniu nasion w 20% roztworze hydrolatu z szałwii, 50 i 100% roztworach hydrolatu z krwawnika pospolitego oraz 20 i 50% roztworach hydrolatu z pokrzywy. Moczenie nasion cebuli w roztworach hydrolatów, za wyjątkiem hydrolatu z wrotyczu marokańskiego, istotnie zwiększyło odsetek nasion wolnych od grzybów.

Effects of selected hydrolates on the incidence of *Alternaria alternata* and *Botrytis* spp. on onion seeds

Agnieszka Rosińska, Jean Claude Rukundo, Mary Kaiytesi

Poznań University of Life Sciences, Department of Phytopathology, Seed Science and Technology,
Poznań

agnieszka.rosinska@up.poznan.pl

Hydrolates are by-products of the essential oils production. They are widely used in the pharmaceutical, cosmetic and food industries for their antioxidant, bactericidal and fungicidal properties. Onion seeds are often colonised by fungi, particularly *Alternaria alternata* and fungi of the genus *Botrytis*. These fungi are carried with the seed and are a source of inoculum that causes seedling death and significantly reduces seed germination. The aim of the experiment was to evaluate the effects of four herbal hydrolates of sage, common yarrow, blue tansy and nettle on onion seed health. Two seed samples were used. Seed health was assessed by the incubation method on agar medium. Seeds were soaked for 30 minutes in 20, 50 and 100% hydrolate solutions. Subsequently, 10 onion seeds each were placed in pre-prepared sterile petri dishes. For each experimental combination, 200 seeds were evaluated. Seeds were incubated for 10 days under alternating light conditions, 12 hours of darkness and 12 hours of NUV light (360-420 nm). The untreated seeds, seeds treated with fungicide Dithane NeoTec 75 WG and seeds soaked in distilled water for 30 minutes were control. All hydrolate solutions reduced *Alternaria alternata* on seeds of both samples to the same extent as the fungicide. Blue tansy hydrolate at concentration of 20 and 50% was the least effective. Complete eradication of this fungus was found after soaking the seeds from sample I in 100% nettle hydrolate. The untreated seeds of sample I were less colonised by *Botrytis* spp. (9% *B. allii* and 1.5% *B. cinerea*), than the seeds of sample II (39.5% *B. allii* and 14% *B. cinerea*). A significant reduction of the occurrence or elimination of *B. allii* was observed in the seeds of sample I and there was no effect of soaking the seeds in hydrolate solutions on the seed colonisation by *B. cinerea*. Blue tansy hydrolate solutions at concentrations of 50 and 100% had no effect on the occurrence of *Botrytis allii* on the seeds of sample II. The other solutions significantly reduced the occurrence of this fungus, and solutions of sage hydrolate at the concentrations of 50 and 100% and common yarrow hydrolate at concentrations of 20 and 50% and 100% nettle hydrolate were as effective as the fungicide used. The application of the fungicide and 100% sage hydrolate completely eliminated the *B. cinerea* from the seeds of sample II. There was no reduction in seed colonisation by *B. cinerea* after soaking seeds in 20% sage hydrolate solution, 50 and 100% common yarrow hydrolate solutions and 20 and 50% nettle hydrolate solutions. Soaking onion seeds in hydrolate solutions, with the exception of blue tansy hydrolate, significantly increased the percentage of seeds free of fungi.

Ocena porażenia klonów *Acer platanoides* L. i *A. saccharinum* L. przez mączniaka prawdziwego rosnących na wybranych skwerach w Warszawie

Zuzanna Antosiewicz¹, Dominika Bocheńska¹, Emilia Czumaj¹, Weronika Kępka¹, Kamil Kostrzewa¹, Maja Kwerko¹, Mikołaj Pałubiński¹, Julia Płudowska¹, Justyna Przybylska¹, Wiktoria Rajm¹, Robert Reinke¹, Alicja Zielnik¹, Ewa Mirzwa-Mróż¹, Kinga Kimic² Elżbieta Paduch-Cichal¹, Marcin Wit¹, Wojciech Wakuliński¹

¹ Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Instytut Nauk Ogrodniczych, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii, Warszawa

² Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Instytut Inżynierii Środowiska, Katedra Architektury Krajobrazu, Warszawa

ewa_mirzwa-mroz@sggw.edu.pl

Celem badania była ocena porażenia przez mączniaka prawdziwego dwóch gatunków klonów: zwyczajnego (*Acer platanoides* L.) i srebrzystego (*A. saccharinum* L.). Badania przeprowadzono w 2023 roku na drzewach rosnących w niedużych terenach zieleni – 11 skwerach w Warszawie. Do oceny stopnia porażenia drzew wykorzystano pięciostopniową skalę Czyżewskiego (1975), która została do celów doświadczenia zmodyfikowana. Do identyfikacji mączniaków do gatunku wykorzystano klucze mykologiczne (Braun i Cook 2012, Marcinkowska 2012). Wyniki przeprowadzonych badań wykazały, że najsilniej porażone (stopień 5 w przyjętej skali) były klony zwyczajne rosnące na Skwerze Ronalda Reagana i Skwerze Adama Mickiewicza. Niski stopień porażenia drzew (2 stopień) odnotowano na Skwerze Batalionu AK „Zaremba-Piorun” i Skwerze Marka Edelmana. Na Skwerze M. Edelmana rosły również klony srebrzyste, w przypadku których słabe objawy choroby (1 stopień) odnotowano na jednym z siedmiu drzew tego gatunku. Uzyskane dane wskazują, że badane gatunki klonów są w różnym stopniu porażane przez mączniaka prawdziwego. Uzyskane wyniki są ważne zarówno dla decyzji związanych z pielęgnacją ww. gatunków służących eliminacji patogenu, jak i decyzji projektowych związanych z doбором gatunków klonów do nasadzeń wprowadzanych na skwerach.

1. Braun U, Cook RTA. 2012. Taxonomic manual of the *Erysiphales* (Powdery Mildews), CBS Biodiversity Series 11. Centraalbureau voor Schimmelcultures, Utrecht, The Netherlands
2. Czyżewski J. A. 1975. Choroby i szkodniki roślin ozdobnych, PWRiL, Warszawa: 54-56, 351-507
3. Marcinkowska J. 2012. Oznaczanie rodzajów grzybów *sensu lato* ważnych w fitopatologii [Identification of fungi genera *sensu lato* important in phytopathology], PWRiL, Warszawa

Degree of infection of powdery mildew of *Acer platanoides* L. and *A. saccharinum* L. growing in selected squares in Warsaw

Zuzanna Antosiewicz¹, Dominika Bocheńska¹, Emilia Czumaj¹, Weronika Kępka¹, Kamil Kostrzewa¹, Maja Kwerko¹, Mikołaj Pałubiński¹, Julia Płudowska¹, Justyna Przybylska¹, Wiktoria Rajm¹, Robert Reinke¹, Alicja Zielnik¹, Ewa Mirzwa-Mróż¹, Kinga Kimic², Elżbieta Paduch-Cichal¹, Marcin Wit¹, Wojciech Wakuliński¹

¹ Warsaw University of Life Sciences – SGGW, Institute of Horticultural Sciences, Department of Plant Protection, Section of Plant Pathology, Warsaw

² Warsaw University of Life Sciences – SGGW, Institute of Environmental Engineering, Department of Landscape Architecture, Warsaw

ewa_mirzwa-mroz@sggw.edu.pl

The aim of the study was to assess the infection by powdery mildew of two species of maples: Norway (*Acer platanoides* L.) and silver (*A. saccharinum* L.). The research was carried out in 2023 on trees growing in small green areas - 11 squares in Warsaw. To assess the degree of tree infection, the five-point scale by Czyżewski (1975) was used, which was modified for the purposes of the experiment. Mycological keys were used to identify powdery mildews to species (Braun and Cook 2012, Marcinkowska 2012). The results of the conducted research showed that the most severely infected (grade 5 on the adopted scale) were the Norway maples growing on Ronald Reagan Square and Adam Mickiewicz Square. A low degree of tree infection (2 degree) was recorded at the Batalion AK „Zaremba-Piorun” Square and Marek Edelman Square. There were also silver maples growing on M. Edelman Square, with weak disease symptoms (1 degree) recorded on one of the seven trees of this species. The obtained data indicate that the tested maple species are infected to different degrees by powdery mildew. The results obtained are important both for decisions related to the care of the above-mentioned species used to eliminate the pathogen, as well as design decisions related to the selection of maple species for planting in squares.

1. Braun U, Cook RTA. 2012. Taxonomic manual of the *Erysiphales* (Powdery Mildews), CBS Biodiversity Series 11. Centraalbureau voor Schimmelcultures, Utrecht, The Netherlands
2. Czyżewski J. A. 1975. Choroby i szkodniki roślin ozdobnych, PWRiL, Warszawa: 54-56, 351-507
3. Marcinkowska J. 2012. Oznaczenie rodzajów grzybów *sensu lato* ważnych w fitopatologii [Identification of fungi genera *sensu lato* important in phytopathology], PWRiL, Warszawa

Choroby róż rosnących na terenie Ogrodu Botanicznego PAN w Powsinie powodowane przez wybrane lęgniowce i grzyby

Natalia Orzechowska, Ewa Mirzwa-Mróz, Elżbieta Paduch-Cichał, Marcin Wit, Wojciech Wakuliński

Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Instytut Nauk Ogrodniczych, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii, Warszawa

ewa_mirzwa-mroz@sggw.edu.pl

Choroby róż wykazują negatywny wpływ na walory estetyczne roślin. Celem badań była wstępna ocena róż ogrodowych pod kątem występowania chorób powodowanych przez lęgniowce i grzyby. Badania przeprowadzono w latach 2022-2023 na terenie Rosarium Ogrodu Botanicznego Państwowej Akademii Nauk (PAN) w Powsinie. Stopień porażenia krzewów przez różne patogeny określano za pomocą pięciostopniowej skali. Wykonano także pomiary zarodników ważniejszych sprawców chorób i podjęto próbę znalezienia teleomorfy *Diplocarpon rosae*. W pracy przebadano 781 krzewów, na których odnotowano pięć chorób róż: czarna plamistość, mączniak prawdziwy, mączniak rzekomy, rdza i antraknoza róży. Najwcześniej i najczęściej na krzewach występowała czarna plamistość róż, a najrzadziej antraknoza róży. Nie odnotowano obecności teleomorfy *D. rosae* na krzewach w rozarium.

The occurrence of rose diseases caused by selected oomycota and fungi in the PAN Botanical Garden in Powsin

Natalia Orzechowska, Ewa Mirzwa-Mróz, Elżbieta Paduch-Cichal, Marcin Wit, Wojciech Wakuliński

Warsaw University of Life Sciences – SGGW, Institute of Horticultural Sciences, Department of Plant Protection, Section of Plant Pathology, Warsaw
ewa_mirzwa-mroz@sggw.edu.pl

Rose diseases have an adverse effect on the aesthetic values of these plants. The aim of this study was to provide a preliminary assessment of garden roses for the occurrence of the diseases caused by oomycetes and fungi. The research was carried out in 2022-2023 in the Rosarium of the Botanical Garden of the Polish Academy of Sciences (PAN) in Powsin. A five-point scale was used to determine the degree of infection of the plants by different pathogens. Measurements of the spores of the pathogens were also conducted. Moreover, an attempt was made to detect the *Diplocarpon rosae* teleomorph. In the study, 781 plants were examined in which five rose diseases were observed: black spot, powdery mildew, downy mildew, rust and anthracnose. Black spot was the earliest and most common rose disease, with anthracnose having been the least common. No presence of the *D. rosae* teleomorph was not found in the roses in the rosarium.

Etiologia fuzariozy kolb kukurydzy (*Zea mays* L.) w wybranych rejonach województw warmińsko-mazurskiego i podlaskiego

Marcin Wit¹, Szymon Rogowski¹, Maciej Krzywiński¹, Ireneusz Birycki¹, Piotr Ochodzki², Roman Warzecha², Tomasz Góral², Anna Rucińska^{3,4}, Barbara Wiewióra⁵, Elżbieta Mielniczuk⁶, Elżbieta Paduch-Cichal¹, Ewa Mirzwa-Mróż¹, Marek S. Szyndel¹, Wojciech Wakuliński¹

¹ Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Instytut Nauk Ogrodniczych, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii, Warszawa

² Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Biologii Stosowanej, Radzików, Błonie

³ Polska Akademia Nauk, Ogród Botaniczny – Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie, Warszawa

⁴ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Radzików, Błonie

⁵ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Bioenergetyki, Analiz Jakości i Nasiennictwa, Radzików, Błonie

⁶ Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii i Mykologii, Lublin

marcin_wit@sggw.edu.pl

Fuzarioza kolb kukurydzy (FER) należy do najważniejszych chorób w uprawie tego zboża. Wyżej wymieniony aspekt i zagrożenie związane z występowaniem mykotoksyn w porażonych kolbach *Zea mays* skłonił autorów do realizacji badań, celem których była analiza czynników sprawczych choroby. Materiał badawczy stanowiły porażone w warunkach naturalnych przez grzyby z rodzaju *Fusarium* kolby kukurydzy, z typowymi dla fuzariozy oznakami etiologicznymi, jak również kolby bez symptomów chorobowych. Materiał roślinny na potrzeby badań pozyskiwano z pól produkcyjnych zlokalizowanych w wybranych rejonach województwa warmińsko-mazurskiego (Jegłownik, Jezioro i Jesionno) i województwa podlaskiego (Nowiny, Orla, Łosinka, Wola Zambrowska, Kiersnówka, Kirejewszczyzna, Sadek i Jasionowo Dębowskie). Z każdej lokalizacji pobierano po 10 kolb kukurydzy. W trakcie analizy mikologicznej użyto podłoże Synthetic Nutrient Agar. Z każdego pola, na pożywece wykładano po 4 ziarniaki z 1. kolby. Następnie szalki z wyłożonymi ziarniakami inkubowano w temperaturze pokojowej (20°C). Po upływie 14 dni wyrosłe wokół ziarniaków kolonie grzybów o cechach *Fusarium* diagnozowano.

Wyniki badań zrealizowanych w 2023 roku, pokazują, że zasadniczą rolę w etiologii fuzariozy kolb *Zea mays* odgrywają *Fusarium subglutinans* sensu lato i *Fusarium verticillioides* (gatunki należące do kompleksu *Fusarium fujikuroi* species complex). Wyżej wymienione gatunki stanowiły odpowiednio 34,5% i 35,4% stwierdzonej populacji *Fusarium*. Szczególnie symptomatyczna była wysoka frekwencja *Fusarium poae* (18,6%). Udział gatunków *Fusarium culmorum* i *Fusarium graminearum* wyniósł odpowiednio 5,3% i 5,3%.

Szkodliwość i powszechnie występowanie *Fusarium* spp. wskazują na pilną potrzebę poszukiwania rozwiązań ograniczających porażenie kolb przez gatunki, w szczególności endofityczne.

Etiology of ear rot of maize (*Zea mays* L.) in selected regions of the Warmian-Masurian and Podlaskie voivodeships

Marcin Wit¹, Szymon Rogowski¹, Maciej Krzywiński¹, Ireneusz Birycki¹, Piotr Ochodzki², Roman Warzecha², Tomasz Góral², Anna Rucińska^{3,4}, Barbara Wiewióra⁵, Elżbieta Mielniczuk⁶, Elżbieta Paduch-Cichal¹, Ewa Mirzwa-Mróz¹, Marek S. Szyndel¹, Wojciech Wakuliński¹

¹ *Warsaw University of Life Science, Institute of Horticultural Sciences, Department of Plant Protection, Section of Plant Pathology, Warsaw*

² *Plant Breeding and Acclimatization Institute (IHAR) - National Research Institute, Department of Applied Biology, Radzikow, Blonie*

³ *Polish Academy of Sciences Botanical Garden - Center for Biological Diversity Conservation in Powsin, Warsaw*

⁴ *Plant Breeding and Acclimatization Institute (IHAR) - National Research Institute, National Centre for Plant Genetic Resources, Radzikow, Blonie*

⁵ *Plant Breeding and Acclimatization Institute (IHAR) - National Research Institute, Department of Bioenergetics, Quality Analysis and Seed Science, Radzikow, Blonie*

⁶ *University of Life Sciences in Lublin, Faculty of Horticulture and Landscape Architecture, Department of Plant Protection, Subdepartment of Phytopathology and Mycology, Lublin*
marcin_wit@sggw.edu.pl

Fusarium ear rot (FER) is one of the most important diseases in the cultivation of this cereal. The above-mentioned aspect and the risk associated with the occurrence of mycotoxins in infected *Zea mays* cobs prompted the authors to carry out research, aimed at analyzing the causative factors of the disease. The research material consisted of corn cobs infected under natural conditions by fungi of the *Fusarium* genus, with etiological signs typical of fusariosis, as well as cobs without disease symptoms. Plant material for the purposes of research was obtained from production fields located in selected regions of the Warmian-Masurian Voivodeship (Jegłownik, Jezioro and Jesionno) and the Podlaskie Voivodeship (Nowiny, Orla, Łosinka, Wola Zambrowska, Kiersnówka, Kirejewszczyzna, Sadek and Jasionowo Dębowski). 10 corn cobs were collected from each location. Synthetic Nutrient Agar was used during mycological analysis. From each field, 4 kernels from the 1. cob were placed on the medium. Then, the Petri dishes lined with kernels were incubated at room temperature (20°C). After 14 days, fungal colonies with *Fusarium* traits growing around the grains were diagnosed. The results of studies conducted in 2023 show that *Fusarium subglutinans* sensu lato and *Fusarium verticillioides* (species belonging to the *Fusarium fujikuroi* species complex) play an essential role in the etiology of *Fusarium* cob rot. The above-mentioned species constituted 34.5% and 35.4% of the identified *Fusarium* population, respectively. Particularly symptomatic was the high frequency of *Fusarium poae* (18.6%). The frequency of *Fusarium culmorum* and *Fusarium graminearum* species was 5.3% and 5.3%, respectively.

The harmfulness and widespread occurrence of *Fusarium* spp. indicate an urgent need to find solutions to limit the infection of cobs by species, especially endophytic fungi.

Grzyby zasiedlające rośliny *Reynoutria* Houtt. na terenie wybranych stanowisk aglomeracji Warszawy

Paulina Sztajerowska¹, Wojciech Wakuliński²

¹ Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Wydział Ogrodniczy

² Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Instytut Nauk Ogrodniczych, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii

wojciech_wakulinski@sggw.edu.pl

W Polsce opisane zostały trzy gatunki rdestowca: *Reynoutria japonica* Houtt., *Reynoutria sachalinensis* (F. Schmidt) Nakai oraz *Reynoutria ×bohemica* Chrtek & Chrtková. Rośliny te zasiedlają tereny ruderalne, obszary przydrożne, zbiorowiska łąkowe oraz brzegi rzek. Ze względu na szybki wzrost, zdolności regeneracyjne oraz plastyczność przystosowawczą, gatunki te są wysoce ekspansywne i negatywnie wpływają na rodzime ekosystemy.

Podjęte badania miały na celu określenie gatunków grzybów zasiedlających fyllosferę rdestowców. Próby liści i pędów wykazujące objawy chorobowe oraz materiał roślinny bez objawów chorobowych pobierano ze stanowisk zlokalizowanych w południowej części Warszawy. Identyfikację mykobioty przeprowadzano w oparciu o kultury akseniczne uzyskane z materiału roślinnego. Diagnostykę gatunków wykonano w oparciu o klasyczne metody mykologiczne bazujące na cechach fenotypowych oraz badania molekularne opierające się na analizie niekodujących sekwencji operonu rDNA (ITS 1 i ITS 2).

Na blaszkach liściowych z objawami nekroz stwierdzono występowanie gatunków z rodzaju *Alternaria* i *Colletotrichum*. Na pędach w obszarze węzłów i międzywęźli stwierdzono występowanie przedstawicieli rodzajów *Trichoderma*, *Ramularia*, *Colletotrichum*, *Botrytis* oraz grzybów z kompleksu Fly Speck. Niektóre z rozpoznanych grzybów to patogeny roślin uprawnych, co może mieć znaczący wpływ na rolnictwo i roślinne ekosystemy.

Fungi inhabiting *Reynoutria* Houtt plants in selected locations of Warsaw agglomeration

Paulina Sztajerowska¹, Wojciech Wakuliński²

¹ *Warsaw University of Life Sciences, Faculty of Horticulture*

² *Warsaw University of Life Sciences, Institute of Horticultural Sciences, Department of Plant Protection, Section of Phytopathology*

wojciech_wakulinski@sggw.edu.pl

Three species of knotweed have been described in Poland: *Reynoutria japonica* Houtt., *Reynoutria sachalinensis* (F. Schmidt) Nakai and *Reynoutria ×bohemica* Chrtek & Chrtková. These plants inhabit ruderal and roadside areas, riparian communities and river banks. Due to their rapid growth, regenerative abilities and adaptive plasticity, these species are highly expansive and negatively impact native ecosystems.

The aim of presented research was determining the mycobiota inhabiting the phyllosphere of knotweed. Samples of leaves and shoots showing disease symptoms and plant material without disease symptoms were collected from locations in the southern part of Warsaw. Identification of fungi was carried out using axenic cultures isolated from surface of plant material. Species identification was carried out according to classical mycological methods based on phenotypic characteristics and the barcode technique of non-coding sequences of the rDNA operon (ITS 1 and ITS 2).

On leaf blades with necrosis symptoms most abundantly were found species of *Alternaria* and *Colletotrichum* genera. Spectrum of fungi occupying shoots of plants were more complex and include representatives of *Trichoderma*, *Ramularia*, *Colletotrichum*, *Botrytis* as well as member of the Fly Speck fungal community. Some of these fungi are crop pathogens, and can have significant impacts on agriculture and ecosystem health.

Aktywność metaboliczna szczepów *Didymella pisi* i *D. pinodes* kolonizujących liście *Pisum sativum* L.

Jolanta Jaroszuk-Ścisel¹, Artur Nowak¹, Anna Słomka¹, Bożena Pawlikowska-Pawłęga², Jarosław Pawelec², Barbara Zarzyka², Witold Irzykowski³, Joanna Kaczmarek³, Małgorzata Jędrzycka³

^{1, 2} Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Instytut Nauk Biologicznych, ¹ Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, ² Katedra Anatomii Funkcjonalnej i Cytobiologii - Pracownia Mikroskopowa, Lublin; ³ Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin, Poznań

jolanta.jaroszuk-scisel@mail.umcs.pl

Czterotygodniowe siewki dwóch odmian grochu siewnego (*Pisum sativum* L.) podatnych na porażenie grzybami *Didymella pisi* i *D. pinodes* poddano inokulacji poprzez opryskiwanie zawiesinami zarodników o stężeniu $1 \times 10^7 \text{ ml}^{-1}$. Do inokulacji wykorzystano po dwa szczepy każdego z wymienionych gatunków. Inokulowane rośliny inkubowano w warunkach szklarniowych i fitotronowych (przy fotoperiodzie 14 h światło/10 h ciemność i temperaturze 20°C dzień/18°C noc). Liście o różnym stopniu porażenia obserwowano w mikroskopach świetlnych oraz elektronowych: skaningowym (SEM) i transmisyjnym (TEM). Stwierdzono zróżnicowany stopień kiełkowania zarodników i kolonizacji powierzchni liści przez grzybnie obu patogenów. W preparatach poddanych obserwacji techniką SEM stwierdzono obecność charakterystycznych dla gatunku i szczepu skupisk zarodników na powierzchni liści, tworzenie strzępek infekcyjnych oraz wnikanie tych strzępek poprzez naturalne otwory – aparaty szparkowe. Przy wykorzystaniu techniki mikroskopii świetlnej oraz elektronowej TEM w preparatach półciennych obserwowano strzępki obecne w tkankach wewnętrznych liści w przestrzeniach pomiędzy komórkami i w komórkach. Stopień kolonizacji liści grochu przez poszczególne gatunki i szczepy może wynikać z różnic w aktywnościach enzymatycznych: celulolitycznych, określanych odpowiednio na celulozie mikrokrystalicznej Avicel i karboksymetylocelulozie (CMC), amylolitycznych, proteolitycznych oraz zdolnościach do wytwarzania sideroforów i rozpuszczania fosforanów. Oba testowane szczepy *D. pinodes* charakteryzowały się znacznie większym tempem wzrostu na wszystkich testowanych podłożach (z wyjątkiem podłoża ze skrobią) oraz istotnie wyższą zdolnością wytwarzania sideroforów. Między czterema testowanymi szczepami nie stwierdzono statystycznie istotnych różnic ich aktywności amylolitycznej oraz rozkładu CMC. Natomiast szczep *D. pisi* 3 odznaczał się istotnie wyższą zdolnością rozkładu mikrokrystalicznej celulozy Avicel.

Badania finansowane z subwencji MNiE Instytutu Biologii Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie.

Metabolic activity of *Didymella pisi* and *D. pinodes* strains colonising the leaves of *Pisum sativum* L.

Jolanta Jaroszuk-Ścisel¹, Artur Nowak¹, Anna Słomka¹, Bożena Pawlikowska-Pawłęga², Jarosław Pawelec², Barbara Zarzyka², Witold Irzykowski³, Joanna Kaczmarek³, Małgorzata Jędrzycka³

^{1, 2}*Maria Curie-Skłodowska University, Institute of Biological Science, ¹Department of Industrial and Environmental Microbiology, ²Department of Functional Anatomy and Cytobiology - Microscopy Laboratory, Lublin;* ³*Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Department of Pathogen Genetics and Plant Resistance, Poznań*

jolanta.jaroszuk-scisel@mail.umcs.pl

Pea (*Pisum sativum* L.) plants obtained from a 4-week greenhouse cultivation of two varieties susceptible to *Didymella pisi* and *D. pinodes* were inoculated by spraying with spore suspensions, using two strains of each species. The concentration of spores used for the inoculation was 1×10^7 ml⁻¹. The inoculated plants were incubated under greenhouse and phytotron conditions (with a photoperiod of 14 h light/10 h dark and a temperature of 20°C day/18°C night). Disease symptoms were observed by light and scanning electron microscopy (SEM) and transmission electron microscopy (TEM). Different degrees of leaf surface colonisation as well as different levels of spore germination were found. SEM showed species- and strain-specific spore clusters on the leaf surface, formation of infection hyphae, and penetration of the hyphae through stomata. Using light microscopy and TEM electron microscopy techniques and semi-thin preparations it was possible to observe the mycelia in the inner tissues of leaves both between and within cells. The degree of colonisation of pea leaves by different species and isolates was attributed to differences in enzymatic activities: cellulolytic, determined on Avicel microcrystalline cellulose and carboxymethyl cellulose (CMC), amylolytic, proteolytic and siderophore production and phosphate solubilising capacity. Both strains of *D. pinodes* used for the inoculation showed significantly higher growth rates on all media (except starch medium); they also showed significantly higher siderophore production capacity. The amylolytic and CMC degradation activities of the four tested strains were similar and no statistical differences were found. In contrast, *D. pisi* 3 strain showed significantly higher degradability of Avicel microcrystalline cellulose.

Research financed by the Institute of Biological Sciences of the Maria Curie-Skłodowska University in Lublin.

Nowości w *Glomeromycota*

Piotr Niezgoda, Janusz Błaszowski

Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, Katedra Kształtowania Środowiska,
Szczecin

piotr.niezgoda@zut.edu.pl

Okolo 70% lądowych roślin naczyniowych współżyje w symbiozie z arbuskularnymi grzybami mykoryzowymi (AGM) z gromady *Glomeromycota*. Grzyby te m.in. (i) poprawiają strukturę gleby i produktywność oraz różnorodność roślin, (ii) wpływają na obieg węgla, azotu i fosforu oraz (iii) łagodzą szkodliwe oddziaływanie metali ciężkich, niedoboru wody, wysokich koncentracji soli i patogenicznych grzybów oraz nicieni. W zamian rośliny udostępniają AGM do 20% produktów fotosyntezy. Mimo tych faktów, stan poznania różnorodności taksonomicznej i rozmieszczenia AGM w świecie i przez to możliwości wykorzystania tych grzybów w praktyce są bardzo małe w porównaniu do innych grup grzybów. Głównymi przyczynami są (i) trudność hodowania AGM w kulturach, (ii) niewielka liczba ekspertów zajmujących się morfologicznym i molekularnym charakteryzowaniem AGM, (iii) liczne błędy zawarte w opisach poznanych gatunków, utrudniające/uniemożliwiające definiowanie nowych gatunków/taksonów, (iv) bardzo mała różnorodność fenotypowa zarodników tych grzybów, (v) dimorfizm, tj. produkowanie dwóch rodzajów zarodników przez jeden gatunek, co było przyczyną błędnego klasyfikowania wielu gatunków i (vi) wysoki odsetek niezsekwencjonowanych gatunków oraz gatunków zaopatrzonych w sekwencje o niskiej rozdzielczości taksonomicznej. Badania zapoczątkowane ponad 40 lat temu przez drugiego autora niniejszego streszczenia i obecnie kontynuowane wraz z pierwszym autorem wykazały, że rośliny różnych stanowisk w Polsce i za granicą utrzymują wiele gatunków nieopisanych i gatunków, których opisy morfologiczne są niekompletne oraz filogenetyczne stanowiska w *Glomeromycota* i naturalne pokrewieństwa z innymi przedstawicielami tej gromady są nieznanne lub niepewne. Dlatego celami prowadzonych badań są (1) zaopatrzyć dostępne gatunki gromady *Glomeromycota* w sekwencje regionu 18S-ITS-28S nuc rDNA i genu *rpb1*, aby (i) zweryfikować ich filogenezę zrekonstruowaną z analiz sekwencji tylko SSU, ITS i LSU, których rozdzielczość taksonomiczna często jest niska, na podstawie analiz filogenetycznych sekwencji *rpb1* i 18S-ITS-28S+*rpb1*, (ii) na nowo poznać filogenezę gatunków dotychczas niezsekwencjonowanych i (iii) umożliwić wiarygodne monitorowanie ich występowania w naturze, (2) zweryfikować, i w razie potrzeby, zdefiniować na nowo gatunki, które z dużą pewnością są błędnie scharakteryzowane pod względem morfologii i/lub filogenezy, na podstawie (i) analiz cech fenotypowych i histochemicznych składowych zarodników, używając okazów wyekstrahowanych z żywych kultur, (ii) badań cech struktur mykoryzowych, (iii) porównań cech morfologicznych tych gatunków z cechami gatunków spokrewnionych i (iv) filogenez 18S-ITS-28S, *rpb1* oraz 18S-ITS-28S+*rpb1* i (3) scharakteryzować morfologię oraz filogenezę nowych gatunków *Glomeromycota* hodowanych w Pracowni Ochrony Roślin Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie i nieopisanych gatunków znalezionych w czasie prowadzonych badań.

Autorzy zaprezentują najważniejsze osiągnięcia przeprowadzonych badań, w tym m.in. utworzenie nowego rzędu, nowych rodzajów i gatunków AGM oraz poinformują o innych pracach, których stan zaawansowania pozwala na wyrażenie potencjalnie wiarygodnych wniosków.

Novelties in *Glomeromycota*

Piotr Niezgoda, Janusz Błaszowski

West Pomeranian University of Technology in Szczecin, Department of Environmental Management, Szczecin

piotr.niezgoda@zut.edu.pl

About 70% of terrestrial vascular plants live in symbiosis with arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) of the phylum *Glomeromycota*. These fungi, e.g.,: (i) improve soil structure and plant productivity and diversity, (ii) influence the cycling of carbon, nitrogen and phosphorus, and (iii) alleviate the harmful effects of heavy metals, water shortages, high salt concentrations, and pathogenic fungi and nematodes. In return, plants reciprocate to fungi by providing them with up to 20% photosynthetic products. Despite these facts, the knowledge of the taxonomic diversity and distribution of AMF in the world and the possibilities of using these fungi in practice are very low compared to other groups of fungi. The main reasons are (i) the difficulty of growing AMF in cultures, (ii) the small number of experts dealing with the morphological and molecular characterization of AMF, (iii) numerous errors contained in the descriptions of known species, making it difficult to define new taxa, (iv) very low phenotypic diversity of spores, (v) dimorphism, i.e., the production of two types of spores by one species, which led to the misclassification of many species, and (vi) a high percentage of not sequenced species and species with sequences of low taxonomic resolution. Research initiated over 40 years ago by the second author of this summary and currently continued with the first author has shown that plants from various locations in Poland and abroad host many isolates suspected to be undescribed species and species whose morphological descriptions are incomplete and the phylogenetic positions in *Glomeromycota* and natural relationships with other members of this phylum are unknown or uncertain. Therefore, the aims of the research being conducted are: (1) to provide available species of *Glomeromycota* with sequences of the 18S-ITS-28S nuc rDNA region and the *rpb1* gene (i) to verify their phylogeny reconstructed from analyzes of only SSU, ITS and LSU sequences, whose taxonomic resolution is often low, based on phylogenetic analyzes of *rpb1* and 18S-ITS-28S+*rpb1* sequences, (ii) to newly recognize the phylogeny of previously not sequenced species and (iii) to enable reliable monitoring of their occurrence in nature, (2) to verify and, if necessary, redefine species that are suspected to be mischaracterized in morphology and/or phylogeny, based on (i) analyzes of phenotypic and histochemical properties of spore components, using specimens extracted from living cultures, (ii) studies of features of mycorrhizal structures, (iii) comparisons of morphological characters of these species with those of related species and (iv) 18S-ITS-28S, *rpb1* and 18S-ITS-28S+*rpb1* phylogenies, and (3) to characterize the morphology and phylogeny of new species of *Glomeromycota* grown in the Plant Protection Laboratory of the West Pomeranian University in Szczecin and undescribed species found during the research conducted.

The authors will present the most important achievements of the conducted research, including the creation of a new order, new genera and species of AMF, and will inform about other works, the state of advancement of which allows for the expression of potentially reliable conclusions.

Charakterystyka genomów *Plasmodiophora brassicae* z regionu północno-wschodniej Polski

Małgorzata Jędrzycka¹, Łukasz Pauksto², Adam Okorski³, Agnieszka Pszczółkowska³

¹ Zakład Genetyki Patogenów i Odporności Roślin, Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

² Katedra Botaniki i Ekologii Ewolucyjnej, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

³ Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

mjed@igr.poznan.pl

Plasmodiophora brassicae Wor. – patogen będący sprawcą kiły kapusty stanowi zagrożenie w uprawach roślin warzywnych z rodziny *Brassicaceae* oraz rzepaku jarego i ozimego w wielu krajach, także w Polsce. Rzepak ozimy (*Brassica napus* L.) jest ważną rośliną uprawną, a choroba powodowana przez ten patogen jest poważnym problemem dla plantatorów, ponieważ powoduje znaczące straty plonu nasion. Odporność na *P. brassicae* jest rasowo-specyficzna dlatego ważnym elementem diagnostycznym sprzyjającym prawidłowo prowadzonej ochronie roślin jest oznaczenie patotypu patogena. Do tego celu wykorzystywane są pracochłonne i czasochłonne testy biologiczne. Patotypy określane są na podstawie objawów chorobowych na zestawie żywicieli, na podstawie zdolności izolatu *P. brassicae* do infekowania różnych gatunków i genotypów roślin kapustowatych różniących się odpornością na kiłę kapusty.

Badania nad sekwencjami genomów umożliwiają analizy porównawcze między różnymi izolatami patogenów należących do tego samego gatunku. Celem niniejszych badań było porównanie sekwencji genomów dwóch izolatów *P. brassicae* uzyskanych z różnych stanowisk położonych w regionie północno-wschodniej Polski, zidentyfikowanych jako patotypy P1 i P3. Sekwencjonowanie przy użyciu urządzenia MiSeq (Illumina) pozwoliło na uzyskanie 12 042 690 odczytów. Następnie odczyty poddano procesowi kontroli jakości w programie Trimmomatic a następnie zmapowano programem STAR do referencyjnego genomu *P. brassicae*. W wyniku sekwencjonowania DNA uzyskano odpowiednio 4 652 154 oraz 7 390 536 odczytów sekwencji nukleotydowych dla szczepów reprezentujących różne patotypy. Odczyty mapowały się unikatowo do genomu referencyjnego od 46.90% do 66.47% wszystkich zsekwencjonowanych odczytów.

Największa liczba zmienności pojedynczych nukleotydów (SNV) została zaobserwowana na chromosomach OVEO01000001.1, OVEO01000003.1, OVEO01000004.1 oraz OVEO01000008.1. W wyniku analizy statystycznej uzyskano 3 707 zmienności o zróżnicowanej frekwencji allelu alternatywnego pomiędzy analizowanymi szczepami z obu stanowisk. Przewidujemy, iż analiza porównawcza znacznej liczby izolatów *P. brassicae* o określonej przynależności do patotypu pozwoli na wskazanie regionów genomu o sekwencjach unikalnych dla tych patotypów.

Badania wykonano w ramach programu Postęp Biologiczny 2020-2027 w ramach zadania badawczego nr 25 pt. „Odporność roślin rzepaku na choroby powodowane przez grzyby i pierwotniaki”.

Characterization of the genome of *Plasmodiophora brassicae* from the region of north-eastern Poland

Małgorzata Jędrzycka¹, Łukasz Pauksto², Adam Okorski³, Agnieszka Pszczółkowska³

¹ Pathogen Genetics and Plant Resistance Team, Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Poznań

² Department of Botany and Evolutionary Ecology, Faculty of Biology and Biotechnology, University of Warmia and Mazury, Olsztyn

³ Department of Entomology, Phytopathology and Molecular Diagnostics, Faculty of Agriculture and Forestry, University of Warmia and Mazury, Olsztyn

mjed@igr.poznan.pl

Plasmodiophora brassicae Wor. – the pathogen causing clubroot poses a threat to the cultivation of vegetable plants from the Brassicaceae family, including spring and winter oilseed rape in many countries, including Poland. Winter rapeseed (*Brassica napus* L.) is an important crop, and the disease caused by this pathogen is a serious problem for the growers. Resistance to *P. brassicae* is race-specific, therefore determining the pathotype of the pathogen is an important diagnostic element of plant protection. Laborious and time-consuming biological tests are used for this purpose. Pathotypes are determined based on disease symptoms on a set of hosts, identifying the ability of the *P. brassicae* isolate to infect various species and genotypes of Brassicaceae plants that differ in resistance to clubroot.

Genome sequence studies enable comparative analyses between different isolates of the pathogens belonging to the same species. The aim of this study was to compare the genome sequences of two *P. brassicae* isolates obtained from different sites located in the north-eastern part of Poland, identified as pathotypes P1 and P3. Sequencing using the MiSeq (Illumina) instrument resulted in 12,042,690 reads. Then, the readings were subjected to quality control using the Trimmomatic program and then mapped to the *P. brassicae* reference genome with the STAR program. As a result of DNA sequencing 4,652,154 and 7,390,536 nucleotide sequence reads were obtained for individual strains, representing different pathotypes. Reads mapped uniquely to the reference genome from 46.90% to 66.47% of all sequenced reads.

The highest number of single nucleotide variations (SNVs) were observed in chromosomes OVEO01000001.1, OVEO01000003.1, OVEO01000004.1 and OVEO01000008.1. As a result of the statistical analysis, 3,707 variations with different frequencies of the alternative allele were obtained between the analysed *P. brassicae* strains from both sites.

We anticipate that comparative analysis of a significant number of *P. brassicae* isolates with specific pathotype designation will help to identify the genomic regions with sequences unique to different pathotypes.

The research was carried out as a part of the Biological Progress 2020-2027 program, within the research task no. 25 entitled "Resistance of oilseed rape plants to diseases caused by fungi and protists".

Grzyby powodujące plamistości liści grochu siewnego w Polsce (2021-2023)

Witold Irzykowski, Joanna Kaczmarek, Magdalena Gawłowska, Małgorzata Jędrzycka

Institut Genetyki Roślin PAN, Poznań

jkac@igr.poznan.pl

Groch siewny (*Pisum sativum* L.) jest gatunkiem tradycyjnie uprawianym w celach konsumpcyjnych, paszowych, a także jako nawóz zielony. Podobnie jak inne bobowate grubonasienne, groch jest przedplonem, którego strukturotwórcze i fitosanitarne walory są bardzo cenne. W uprawie grochu wielkość strat spowodowanych występowaniem chorób szacuje się średnio na 15%. Celem badań było ustalenie składu gatunkowego grzybów chorobotwórczych wywołujących nekrozy liści i łodyg grochu siewnego w warunkach naturalnych w Polsce w latach 2021-2023 i ustalenie ich udziału w populacji grzybów odpowiedzialnych za objawy chorobowe. Rośliny grochu z objawami chorobowymi pobrano w Wielkopolsce (Wiatrowo i Przebędowo) i na Warmii i Mazurach (Łajsy, Tomaszkowo, Łazdoje). Fragmenty liści i łodyg z objawami makroskopowymi odkażano powierzchniowo, a następnie przenoszono na pożywkę PDA z dodatkiem siarczanu streptomycyny. Uzyskane kultury grzybów pasażowano na kolejne pożywki aż do uzyskania czystych izolatów wolnych od bakterii i innych patogenów. Następnie charakteryzowano je pod względem morfologicznym i oznaczano ich przynależność gatunkową na podstawie sekwencji ITS1 oraz ITS2.

W 2021 roku przebadano 50 prób; w woj. warmińsko-mazurskim plamistości liści wywoływał wyłącznie gatunek *Didymella pisi*, a w woj. wielkopolskim – pomimo odkażania powierzchniowego – z liści izolowano głównie gatunki *Fusarium avenaceum* (24%) i *Alternaria alternata* (18%). Mniej licznie identyfikowano inne gatunki rodzaju *Fusarium* (*F. acuminatum*, *F. culmorum*, *F. cerealis*, *F. avenaceum*). Wykazano także obecność gatunków odpowiedzialnych za askochytozę, w tym *Didymella pisi* (8%), *D. pinodella* (2%) oraz *D. pomorum* (2%).

W 2022 roku z prób pochodzących z terenu Warmii i Mazur uzyskano 69 izolatów, spośród których najliczniejsze były gatunki *D. pomorum* (32%), *D. lethalis* (19%) i *D. pinodella* (6%). Uzyskano także izolat *Ascochyta medicaginicola*, który wraz z grzybami rodzaju *Didymella* należy do kompleksu powodującego askochytozę. Wśród uzyskanych izolatów 26% stanowiły grzyby rodzaju *Fusarium*, w tym *F. avenaceum*, *F. cerealis*, *F. graminearum*, *F. oxysporum* i *F. sporotrichoides*. Otrzymano też izolaty grzyba *Alternaria alternata*. W 2022 roku izolaty pochodzące z roślin grochu z Wielkopolski należały do gatunków *A. alternata* (69%), *F. equiseti* (23%) i *D. pinodella* (8%).

W 2023 roku z prób pochodzących z terenu Warmii i Mazur uzyskano 36 izolatów, wśród których dominowały izolaty *A. alternata* (50%) oraz *D. pinodella* i *D. pomorum*. Wśród uzyskanych izolatów *Fusarium* wykazano obecność gatunków *F. equiseti* i *F. oxysporum* (8%). Natomiast z Wielkopolski uzyskano 37 izolatów, w których dominował gatunek *D. pinodella* (43%). Stwierdzono także obecność grzybów *A. alternata* (24%) i *F. equiseti* (24%).

Identyfikacja gatunkowa sprawców plamistości liści może być pomocna w wyborze skutecznej ochrony fungicydowej.

Badania prowadzono w ramach projektu Postęp Biologiczny (2020-2026) zadanie badawcze 21 „Identyfikacja genów związanych z odpornością grochu na askochytozę i jej wpływ na sprawność fotosyntetyczną roślin”, finansowanego przez MRiRW.

Fungi causing leaf spot of pea in Poland (2021-2023)

Witold Irzykowski, [Joanna Kaczmarek](mailto:jkac@igr.poznan.pl), Magdalena Gawłowska, Małgorzata Jędryczka

Institute of Plant Genetics, PAS, Poznań

jkac@igr.poznan.pl

Pea (*Pisum sativum* L.) is one of cultivated species traditionally grown for consumption, fodder and also as a green manure. Like other Fabaceae, pea is a forecrop with structural and phytosanitary advantages. The average yearly yield loss of pea caused by diseases is about 15%. The aim of the study was to determine the species of pathogenic fungi causing leaf and stem necrosis of pea plants under natural conditions in Poland in 2021-2023 and to determine their pincidence in the population of fungi responsible for disease symptoms. Pea plants with disease symptoms were sampled in two regions: Wielkopolska (Wiatrowo and Przebędowo) and in Varmia and Mazury (Łąjsy, Tomaszkowo, Łazdoje). Leaf and stem fragments with macroscopic symptoms of leaf spots were surface disinfected and transferred to PDA medium supplemented with streptomycin sulphate. The fungal cultures obtained in such way were placed on new media to obtain fungal cultures free from bacteria and other pathogens. The isolates were characterised morphologically and the species identification was based on ITS1 and ITS2 sequences.

In 2021, 50 samples were obtained; in Varmia and Mazury leaf spotting was caused exclusively by the species *Didymella pisi*, and in the Greater Poland region, mainly the species *Fusarium avenaceum* (24%) and *Alternaria alternata* (18%) were isolated from pea leaves. Other species of the genus *Fusarium* (*F. acuminatum*, *F. culmorum*, *F. cerealis*, *F. avenaceum*) were identified with lower incidence. Moreover, the species causing ascochyttosis, such as *Didymella pisi* (8%), *D. pinodella* (2%) and *D. pomorum* (2%) were found.

In 2022, 69 isolates were obtained from Varmia and Mazury, of which *D. pomorum* (32%), *D. lethalis* (19%) and *D. pinodella* (6%) were the most abundant species. An isolate of *Ascochyta medicaginicola* was also obtained, which, together with the fungi of the genus *Didymella*, belongs to the complex causing ascochyttosis. Out of isolates obtained, 26% belonged to the genus *Fusarium*, including *F. avenaceum*, *F. cerealis*, *F. graminearum*, *F. oxysporum* and *F. sporotrichoides*. Isolates of the fungus *Alternaria alternata* were also detected. In Wielkopolska the isolates were identified as *A. alternata* (69%), *F. equiseti* (23%) and *D. pinodella* (8%).

In 2023, 36 isolates were obtained from Varmia and Mazury, among which *A. alternata* (50%), *D. pinodella* and *D. pomorum* predominated. Among the *Fusarium* isolates obtained, *F. equiseti* and *F. oxysporum* were identified (8%). In Wielkopolska, out of 37 isolates obtained, the dominating species was *D. pinodella* (43%). The fungi *A. alternata* (24%) and *F. equiseti* (24%) were also found.

The identification of fungus species causing leaf spot can help in selecting the effective fungicide protection of pea plants.

The research was done within the framework of the project Biological Progress (2020-2026) research task 21 "Identification of genes associated with pea resistance to Ascochyta blight and its impact on the efficiency of plant photosynthesis", funded by the Ministry of Agriculture and Rural Development.

Rezultaty operacji grupy operacyjnej EPI Nova Trawa – Wprowadzenie na rynek innowacyjnej odmiany życicy trwałej zasiedlonej przez symbiotyczne grzyby endofityczne

Dariusz Pańka¹, Małgorzata Jeske¹, Aleksander Łukanowski¹, Anna Baturo-Cieśniewska¹, Roman Rolbiecki¹, Piotr Prus¹, Dariusz Rydzyński², Katarzyna Szwarc², Jean De Dieu Muhire², Barbara Wiewióra³, Grzegorz Żurek³, Natalia Narewska⁴, Robert Karczykowski⁵

¹ Politechnika Bydgoska, Wydział Rolnictwa i Biotechnologii, Kaliskiego7, 85-796 Bydgoszcz

² Hodowla Roślin Grunwald sp. z o.o. Grupa IHAR, Mielno 163, 14-107 Mielno

³ Instytut hodowli i Aklimatyzacji Roślin - PIB, Radzików, 05-870 Błonie

⁴ Kujawsko-Pomorski Ośrodek Doradztwa Rolniczego, Minikowo 1, 89-122 Minikowo

⁵ Indywidualne Gospodarstwo Rolne, Kronowo 46, 11-010 Barczewo

dariusz.panka@pbs.edu.pl

Celem operacji realizowanej przez konsorcjum NOVA TRAWA było wprowadzenie na rynek innowacyjnej odmiany życicy trwałej zasiedlonej przez symbiotyczne grzyby endofityczne rodzaju *Epichloë* o podwyższonej trwałości i odporności na czynniki stresowe, przede wszystkim na stres suszy. W toku realizacji projektu przeprowadzono badania, w których wprowadzono 2 wyselekcjonowane izolaty *Epichloë festucae* var. *lolii* do klonów życicy trwałej odmiany Bajka, Hodowli Roślin Grunwald z siedzibą w Mielnie. Oprócz badań w warunkach wazonowych przeprowadzono też badania polowe z wykorzystaniem systemu do precyzyjnego nawadniania (Deszczownia mostowa IRTEC Hippodrom z systemem VRI). Przeprowadzone badania potwierdziły przydatność wyselekcjonowanych izolatów do poprawy właściwości użytkowych życicy trwałej. Będą one wykorzystane przez HRG Grunwald do przeprowadzenia badań poprzedzających rejestrację i wprowadzenie na rynek nowej odmiany życicy trwałej. Potwierdzono również, że koszenie kosiarką rotacyjną dużej mocy wyposażoną w system dwóch noży rozdrabniających zwiększa zasiedlenie sąsiednich roślin. Opracowano także nową, wspólną dla członków konsorcjum strategię marketingową dotyczącą promocji uprawy oraz wprowadzania na rynek innowacyjnych odmian życicy trwałej zasiedlonych przez symbiotyczne grzyby endofityczne.

Projekt NOVA TRAWA był finansowany w ramach działania „Współpraca”, Program Rozwoju Obszarów Wiejskich na lata 2014-2020, Europejski Fundusz Rolny na rzecz Rozwoju Obszarów Wiejskich: Europa Inwestująca w obszary wiejskie.



„Europejski Fundusz Rolny na rzecz Rozwoju Obszarów Wiejskich:
Europa inwestująca w obszary wiejskie”

Results of the EPI Nova Trawa operational group operation – Introduction of an innovative variety of perennial ryegrass colonized by symbiotic endophytic fungi to the market

Dariusz Pańka¹, Małgorzata Jeske¹, Aleksander Łukanowski¹, Anna Baturó-Cieśniewska¹, Roman Rolbiecki¹, Piotr Prus¹, Dariusz Rydzyński², Katarzyna Szwarz², Jean De Dieu Muhire², Barbara Wiewióra³, Grzegorz Żurek³, Natalia Narewska⁴, Robert Karczykowski⁵

¹ Bydgoszcz University of Science and Technology, Faculty of Agriculture and Biotechnology, 7 Kaliskiego Av., 85-796 Bydgoszcz, Poland

² The Plant Breeding Company Grunwald Ltd., Group IHAR, Mielno 163, 14-107 Mielno, Poland

³ Plant Breeding and Acclimatization Institute - National Research Institute, Radzików, 05-870 Błonie, Poland

⁴ Kuyavian–Pomeranian Agricultural Advisory Centre, Minikowo 1, 89-122 Minikowo, Poland

⁵ Individual agricultural producer, Kronowo 46, 11-010 Barczewo, Poland

dariusz.panka@pbs.edu.pl

The aim of the operation carried out by the NOVA TRAWA consortium was to introduce to the market an innovative variety of perennial ryegrass colonized by symbiotic endophytic fungi of the *Epichloë* genus with increased durability and resistance to stress factors, primarily drought stress. During the project, research was conducted in which 2 selected isolates of *Epichloë festucae* var. *lolii* were introduced to clones of the Bajka variety of perennial ryegrass, Hodowla Roślin Grunwald based in Mielno. In addition to research in pot conditions, field research was also conducted using a precision irrigation system (Irtec Hippodrom bridge sprinkler with VRI system). The research confirmed the usefulness of the selected isolates for improving the functional properties of perennial ryegrass. They will be used by HRG Grunwald to conduct research preceding the registration and introduction to the market of a new variety of perennial ryegrass. It was also confirmed that mowing with a high-power rotary mower equipped with a system of two shredding knives increases the colonization of neighboring plants. A new, common marketing strategy for the consortium members was also developed for the promotion of cultivation and introduction to the market of innovative varieties of perennial ryegrass colonized by symbiotic endophytic fungi.

The NOVA TRAWA project was financed under the "Cooperation" action, Rural Development Programme for 2014-2020, European Agricultural Fund for Rural Development: Europe Investing in Rural Areas.



„Europejski Fundusz Rolny na rzecz Rozwoju Obszarów Wiejskich:
Europa inwestująca w obszary wiejskie”

Ekstrakt z owoców sumaka garbarskiego (*Rhus coriaria* L.): zastosowanie w ochronie roślin

Magdalena Wiejak-Kosidło, Alan Kępisty, Maciej Frydryszak

Cintamani Poland Majewscy i Koć Sp. J., Piaseczno

mwiejak-kosidlo@cintamani.pl

Ekstrakt z owoców sumaka garbarskiego (*Rhus Coriaria* L.) zyskuje coraz większe zainteresowanie w dziedzinie ochrony roślin jako naturalna alternatywa dla syntetycznych pestycydów. Przeprowadzone badania *in vitro* oraz na roślinach wykazują, że ekstrakt ten posiada silne właściwości przeciwgrzybicze i bakteriobójcze, co czyni go potencjalnie skutecznym środkiem w walce z różnorodnymi patogenami roślinnymi. Główne składniki aktywne ekstraktu to związki fenolowe, taniny i flawonoidy, które nie tylko zwalczają choroby, ale również mogą stymulować naturalne mechanizmy obronne roślin.

Opatentowany ekstrakt z sumaka produkowany przez Cintamani Poland został poddany szczegółowym badaniom w Zakładzie Fitopatologii Instytutu Ogrodnictwa w Skierniewicach. Celem było określenie jego skuteczności w zwalczaniu szeregu chorób roślinnych. Wyniki tych badań okazały się bardzo obiecujące, szczególnie w odniesieniu do patogenów powodujących fuzariozę, fytoftorozę, bakteriozę i plamistość liści.

Ekstrakt wykazał skuteczność porównywalną do referencyjnych środków ochrony roślin, co jest znaczącym osiągnięciem dla naturalnego preparatu. Te pozytywne rezultaty sugerują, że ekstrakt z sumaka garbarskiego ma duży potencjał do rejestracji jako ekologiczny środek ochrony roślin. Jest to szczególnie istotne w kontekście rosnącego zapotrzebowania na bezpieczne i przyjazne dla środowiska metody ochrony upraw.

Mimo obiecujących wyników, stosowanie ekstraktu z sumaka garbarskiego w ochronie roślin wymaga dalszych badań i optymalizacji. Skuteczność ekstraktu może się różnić w zależności od warunków środowiskowych, gatunku chronionej rośliny oraz rodzaju zwalczanych patogenów. Trwają prace nad określeniem optymalnych stężeń i metod aplikacji dla różnych upraw. Dodatkowo, badane są możliwości łączenia ekstraktu z innymi naturalnymi środkami ochrony roślin w celu zwiększenia jego efektywności. Rozwój tej dziedziny może przyczynić się do stworzenia bardziej zrównoważonych i przyjaznych dla środowiska metod ochrony roślin w przyszłości.

Extract from sumac fruits (*Rhus coriaria* L.): application in plant protection

Magdalena Wiejak-Kosidło, Alan Kępisty, Maciej Frydryszak

Cintamani Poland Majewscy i Koć Sp. J., Piaseczno
mwiejak-kosidlo@cintamani.pl

Extract from the fruits of sumac (*Rhus Coriaria* L.) is gaining increasing interest in the field of plant protection as a natural alternative to synthetic pesticides. In vitro and plant studies have shown that this extract has strong antifungal and antibacterial properties, making it a potentially effective agent in combating various plant pathogens. The main active ingredients of the extract are phenolic compounds, tannins, and flavonoids, which not only fight diseases but can also stimulate natural defense mechanisms in plants.

The patented sumac extract produced by Cintamani Poland has been subjected to detailed research at the Department of Phytopathology of the Institute of Horticulture in Skierniewice. The aim was to determine its effectiveness in combating a range of plant diseases. The results of these studies proved very promising, particularly in relation to pathogens causing Fusarium wilt, Phytophthora, bacterial diseases, and leaf spot.

The extract showed effectiveness comparable to reference plant protection products, which is a significant achievement for a natural preparation. These positive results suggest that the sumac extract has great potential for registration as an organic plant protection product. This is particularly important in the context of the growing demand for safe and environmentally friendly crop protection methods.

Despite promising results, the use of sumac extract in plant protection requires further research and optimization. The effectiveness of the extract may vary depending on environmental conditions, the species of protected plant, and the type of pathogens being controlled. Work is ongoing to determine optimal concentrations and application methods for various crops. Additionally, possibilities of combining the extract with other natural plant protection agents to increase its effectiveness are being explored. The development of this field may contribute to the creation of more sustainable and environmentally friendly plant protection methods in the future.

Nasilenie objawów suchej zgnilizny pieczarki w zależności od terminu infekcji i liczby zarodników *Lecanicillium fungicola*

Joanna Szumigaj-Tarnowska, Zbigniew Uliński

Instytut Ogrodnictwa - PIB, Zakład Uprawy i Nawożenia Roślin Ogrodniczych, Pracownia Uprawy Warzyw i Grzybów Jadalnych, Skierniewice

joanna.tarnowska@inhort.pl

Uprawa pieczarki dwuzarodnikowej, *Agaricus bisporus*, jako typowa monokultura narażona jest na infekcje pochodzenia grzybowego oraz bakteryjnego. Jedną z częściej pojawiających się chorób grzybowych jest sucha zgnilizna wywoływana przez *Lecanicillium fungicola*. Objawami suchej zgnilizny są zdeformowane, nieregularne twory powstałe z tkanki pieczarki, które pokrywa szary nalot zarodników grzyba. Owocniki nie różnicują się na trzon i kapelusz. Choroba może objawiać się też w postaci szarobrazowych, matowych, nekrotycznych plam na kapeluszu. Straty uprawowe w wyniku infekcji są bardzo duże, sięgające 30%. Skuteczna ochrona przed chorobami jest coraz trudniejsza, ze względu zmniejszającą się liczbę fungicydów dopuszczonych do stosowania w pieczarkarstwie. Ochrona pieczarki sprowadza się więc do przestrzegania rygorystycznych zasad higieny w zakładzie. Mimo to w uprawie sucha zgnilizna pojawia się bardzo często, a źródła infekcji często nie można jednoznacznie określić. Uważa się, że stopień nasilenia i termin pojawienia się objawów chorobowych zależy od źródła infekcji.

Przeprowadzone badania miały na celu określenie wpływu terminu infekcji zarodnikami grzyba *L. fungicola* oraz koncentracji zarodników na nasilenie objawów suchej zgnilizny, czas pojawienia się pierwszych objawów choroby, tempo szerzenia się choroby oraz plon owocników. Doświadczenia prowadzono w donicach, zawierających 1,7 kg podłoża pieczarkowego i przykrytego warstwą ziemi okrywowej. W badaniach uwzględniono wysoce patogeniczny izolat grzyba *L. fungicola*. Doświadczenie miało charakter dwuczynnikowy, gdzie obiektami pierwszego czynnika były terminy zakażenia ziemi okrywowej, tj.: infekcja okrywy czasie jej nakładania, 3–4 dni po jej nałożeniu, na początku szoku oraz w czasie tworzenia się zawiązków. Drugim czynnikiem była różna liczba zarodników, wynosząca 0, 10^3 , 10^4 i 10^5 jtk/ml.

Wykazano istotny wpływ terminu infekcji i liczby zarodników na pojawianie się choroby w uprawie i jej nasilenie. Pierwsze objawy suchej zgnilizny najszybciej pojawiały się po zakażeniu uprawy na początku „szoku” inokulum o najwyższej koncentracji, a najpóźniej objawy choroby obserwowano gdy do okrywy wprowadzono najniższą koncentrację zarodników. Przebieg choroby był najostrejszy, gdy liczba zarodników w powierzchniowej warstwie okrywy była wysoka, natomiast obecność zarodników w głębszych warstwach okrywy nie miała istotnego wpływu na nasilenie objawów.

Średnia redukcja plonu owocników z dwóch rzutów była największa przy wykonaniu inokulacji po nałożeniu okrywy i na początku szoku, ponad 80%. Zainfekowanie uprawy 3 dni po nałożeniu okrywy i na początku szoku wpłynęło na największe nasilenie choroby i istotną stratę plonu owocników.

The severity of dry bubble symptoms of mushrooms depending on the time of infection and the number of *Lecanicillium fungicola* spores

Joanna Szumigaj-Tarnowska, Zbigniew Uliński

Institute of Horticulture - National Research Institute, Laboratory of Vegetable and Edible Mushroom Cultivation, Skierniewice

joanna.tarnowska@inhort.pl

Cultivation of the white button mushroom, *Agaricus bisporus*, as a typical monoculture, is subject to infections of fungal and bacterial origin. One of the most common fungal diseases is dry bubble, caused by *Lecanicillium fungicola*. Disease symptoms are deformed, irregular formations of fungal tissue covered with a grey coating of fungal spores. The fruiting bodies do not differentiate into a stem and a cap. The disease may also appear as grey-brown, dull, necrotic spots on the cap. Crop losses due to infection are very high, up to 30%. Effective disease control is becoming increasingly difficult due to the decreasing number of fungicides registered for use in mushroom production. Strict hygiene on the farm is crucial for disease management. However, dry bubble is very common in cultivation and the source of infection is often not clearly identified. It is believed that the severity and the time of appearance of disease symptoms are dependent on the source of infection.

The aim of the research was to determine the influence of the time of infection with *L. fungicola* spores and the concentration of spores on the severity of dry bubble symptoms, the time of appearance of the first disease symptoms, the rate of disease spread and the yield of fruiting bodies. The experiments were carried out in pots containing 1.7 kg of mushroom substrate and covered with a layer of peat casing. The study included a highly pathogenic isolate of the fungus *L. fungicola*. The experiment was conducted with two factors: the first factor was the date of casing soil infection, with four levels: infection during soil application, 3–4 days after application, at the start of the shock phase, and during bud formation. The second factor was the number of spores, with four levels: 0, 10^3 , 10^4 , and 10^5 colony-forming units (cfu)/ml.

The study demonstrated that the time of infection and the number of spores have a significant influence on the appearance of the disease in the crop and its severity. The initial symptoms of dry bubble manifested most rapidly following infection of the crop at the beginning of the shock phase, with the highest concentration of spores. Conversely, the latest symptoms were observed when the lowest concentration of spores was introduced into the peat casing during its application.

The disease manifested most severely when the number of spores in the superficial layer of the cover was high, while the presence of spores in the deeper layers of the cover had no significant impact on the severity of symptoms.

Infection of mushroom crop three days after the application of the peat casing and at the onset of the shock phase resulted in the most severe disease manifestation and a considerable reduction in the yield of fruiting bodies.

Wpływ preparatów biologicznych i mikroflory antagonistycznej na wzrost patogenów grzybowych pieczarki

Joanna Szumigaj-Tarnowska, Zbigniew Uliński

Instytut Ogrodnictwa - PIB, Zakład Uprawy i Nawożenia Roślin Ogrodniczych, Pracownia Uprawy Warzyw i Grzybów Jadalnych, Skierniewice

joanna.tarnowska@inhort.pl

Polska jest europejskim liderem w produkcji pieczarki dwuzarodnikowej *Agaricus bisporus*. W poszczególnych fazach uprawy pieczarki bardzo ważną rolę odgrywają mikroorganizmy. W tych warunkach mają miejsce złożone procesy mikrobiologiczne, w których biorą udział różne drobnoustroje, zarówno te korzystne dla uprawy, jak i patogeniczne. Liczba dostępnych środków ochrony roślin jest coraz mniejsza, a w uprawie pieczarki pozostała tylko jedna substancja czynna, którą można zastosować przeciw chorobom grzybowym. Obecnie podstawową metodą ochrony upraw pieczarki jest zachowanie wysokiego poziomu higieny w zakładzie. Jednocześnie zdecydowanie wzrosła świadomość zagrożenia wynikającego ze stosowania środków chemicznych, wzrasta więc zainteresowanie żywnością zdrową i ekologiczną, czyli bez pestycydów. Zatem ochrona roślin z wykorzystaniem ekologicznych metod staje się konieczna i zarazem bardziej powszechna, a badania w zakresie ochrony upraw roślinnych z wykorzystaniem ekologicznych i bezpiecznych substancji pochodzenia roślinnego i biologicznego są coraz częściej przeprowadzane.

Do ochrony upraw pieczarki zarejestrowane są dwa preparaty biologiczne Amylo-X WG i Serifel, zawierające, odpowiednio, bakterie *Bacillus amyloliquefaciens* subsp. *plantarum* szczep D747 i *Bacillus amyloliquefaciens* szczep MBI600. Preparaty te są zarejestrowane do ochrony przed rozwojem zielonej pleśni wywoływanej przez grzyb *Trichoderma aggressivum* w podłożu pieczarkowym.

Celem pracy była ocena skuteczności preparatów biologicznych zawierających bakterie *Bacillus* w zwalczaniu zielonej pleśni w uprawie pieczarki. Ponadto z podłoża pieczarkowego oraz okrywy torfowej izolowano drobnoustroje i w warunkach *in vitro* badano ich właściwości antagonistyczne w stosunku do patogenów grzybowych pieczarki.

Podłoże fazy II, po dodaniu grzybni pieczarki, zainfekowano zawiesiną zarodników *Trichoderma*, a następnie dodawano preparaty biologiczne. Po 10 dniach przeprowadzono obserwacje rozwoju grzybni pieczarki oraz zielonej pleśni w podłożu. Na podłoże przerośnięte grzybnią pieczarki i nie wykazujące objawów porażenia przez zieloną pleśń, nakładano okrywę torfową i prowadzono uprawę.

Infekcja wyższą liczbą zarodników izolatów *Trichoderma* spowodowała całkowite porażenie podłoża przez zieloną pleśń, a zastosowanie preparatów biologicznych nie wpłynęło na zahamowanie rozwojowi choroby w podłożu. Niższa liczba zarodników pozwoliła zróżnicować patogeniczność izolatów i ocenić skuteczność badanych środków ochrony. Spośród wyizolowanej mikroflory, trzy izolaty promieniowców wykazywały wysoką aktywność antagonistyczną w stosunku do patogenów grzybowych pieczarki.

Badania wykonano w ramach zadania celowego nr 7.2: „Opracowanie technologii produkcji warzyw i grzybów jadalnych w systemie ekologicznym” finansowanego przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

The influence of biological preparations and antagonistic microflora on the growth of mushroom fungal pathogens

Joanna Szumigaj-Tarnowska, Zbigniew Uliński

Institute of Horticulture - National Research Institute, Laboratory of Vegetable and Edible Mushroom Cultivation, *Skierniewice*
joanna.tarnowska@inhort.pl

Poland is the European leader in the production of *Agaricus bisporus* mushrooms. Microorganisms play an essential role in every phase of mushroom cultivation. Under these conditions, complex microbiological processes take place involving a wide variety of microorganisms, both beneficial and pathogenic. The availability of crop protection products is decreasing, leaving mushroom growers with only one active ingredient that can be used to control fungal diseases. At present, the main method of protecting mushroom crops is to maintain a high level of hygiene. At the same time, there has been a marked increase in awareness of the potential risks associated with the use of chemical pesticides, leading to a growing interest in the consumption of healthy, organic food, free from the use of synthetic pesticides. As a result, the use of organic methods to protect mushrooms is becoming more necessary and widespread, and research into the use of organic substances to protect crops is increasing.

Two biological preparations have been registered for the protection of mushroom crops: Amylo-X WG and Serifel, containing *Bacillus amyloliquefaciens* subsp. *plantarum* strain D747 and *Bacillus amyloliquefaciens* strain MBI600, respectively. These preparations are registered for the protection of mushroom crops against the development of green mould caused by the fungus *Trichoderma aggressivum* in mushroom substrate.

The objective of this study was to assess the efficacy of biological preparations containing *Bacillus* bacteria against green mould in mushroom cultivation. Furthermore, various microorganisms were isolated from the mushroom substrate and the peat casing layer and their antagonistic properties against mushroom fungal pathogens were tested *in vitro*.

The phase II mushroom substrate, which had been inoculated with mushroom mycelia, was then infected with a suspension of *Trichoderma* spores, and then biological preparations were added. After 10 days, the development of mushroom mycelium and green mould in the substrate was observed. A layer of peat casing was applied to the substrate, which had been overgrown with mushroom mycelium and showed no symptoms of green mould infection. Mushroom cultivation was then carried out.

The results demonstrated that an increased number of *Trichoderma* isolate spores resulted in the complete green mould infection of the substrate. Furthermore, the use of biological preparations did not inhibit the development of the disease in the mushroom substrate. The lower number of spores allowed for the diversity of the isolate pathogenicity and the efficacy of the tested preparations. Among the isolated microflora, three actinomycete isolates showed high antagonistic activity against fungal pathogens.

This research was carried out as part of the target task No. 7.2: "Development of a technology for the production of edible vegetables and mushrooms in the ecological system" financed by the Ministry of Agriculture and Rural Development.

Choroby grzybowe tytoniu i źródła odporności w rodzaju *Nicotiana*

Anna Czubačka, Anna Trojak-Goluch, Hanna Olszak-Przybyś

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Hodowli i Biotechnologii Roślin, Puławy

annacz@iung.pulawy.pl

W uprawie tytoniu patogenami odpowiedzialnymi za liczne infekcje roślin są grzyby chorobotwórcze. Wśród chorób występujących na plantacjach w Polsce należy wymienić mączniaka rzekomego powodowanego przez grzyb *Peronospora tabacina* D.B. Adam i mączniaka prawdziwego powodowanego przez *Erysiphe cichoracearum* DC. Występujący w glebie grzyb *Berkeleyomyces basicola* Berk. & Broome powoduje czarną zgniliznę korzeni, a *Botrytis cinerea* Pers. ex Fr. jest odpowiedzialny za zgniliznę podstawy łodyg. Coraz częściej spotkać można rośliny z objawami zgnilizny twardzikowej wywoływanej przez patogen *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. Innymi chorobami grzybowymi atakującymi tytoń są sucha zgnilizna podstawy łodyg powodowana przez *Rhizoctonia solani* Kühn, brunatna sucha plamistość liści powodowana przez *Alternaria alternata* (Fries) Keissler oraz chwościk tytoniu będący skutkiem infekcji *Cercospora nicotianae* Ellis & Everhart. W rozsadzie wystąpić może zgorzel siewek wywołana infekcją gatunkami z rodzaju *Pythium* Pringsheim.

Mączniak rzekomy obserwowany jest w warunkach polowych, rzadko w rozsadniku. Na dolnej powierzchni liści pojawia się niebieskoszara grzybnia z zarodnikami, a tkanka liści ulega stopniowej nekrozie. W licznych odmianach tytoniu uprawnego uzyskano odporność na tę chorobę. Odmiany Sirogo i Sirone mają czynniki odporności pochodzące z dzikiego gatunku *Nicotiana goodspeedii*. Geny warunkujące odporność przeniesiono z *N. debneyi* do odmiany Hicks otrzymując Hicks Resistant. Podobnie uzyskano odmiany Bel 61-9 i Bel 61-10. Z *N. excelsior* odporność przeniesiono do odmiany GA 955. Odporność na *P. tabacina* polskiej odmiana Wiślica pochodzi z odmiany tytoniu - Ovens 62. Z kolei odporność Chemical Mutant jest rezultatem mutacji odmiany Virginia Gold. Ponadto podjęto próbę przeniesienia odporności do tytoniu m. in. z gatunków *N. wuttkei*, *N. velutina*, *N. rustica*, *N. benthamiana*, *N. megalosiphone*.

W przypadku mączniaka prawdziwego grzybnia początkowo rozwija się na dolnej, a potem na górnej powierzchni liścia tworząc szarobiałą nalot. Liście stopniowo brunatnieją i zamierają. Wiele gatunków dzikich z rodzaju *Nicotiana* wykazuje odporność na tę chorobę. Do tytoniu została ona przeniesiona m. in. z *N. tomentosiformis*, *N. alata*, *N. sanderae*, *N. benthamiana*. Ponadto odporność na tę chorobę występuje w japońskiej odmianie uprawnej Kokubu i polega na mutacji w genie podatności. Odmiana Kokubu została wykorzystana w hodowli, co pozwoliło uzyskać kolejne odmiany odporne.

Czarna zgnilizna korzeni prowadzi do gnicia korzeni, a w rezultacie do więdnienia i zamierania całej rośliny. W obrębie tytoniu występują odmiany (np. AC Gayed, TN86, TN90, Wentura, VRG) posiadające odporność przeniesioną z gatunku *N. debneyi*. Wyhodowano także odmianę Wigola z odpornością od *N. glauca*. Ponadto źródłem odporności są gatunki *N. alata*, *N. knightiana*, *N. undulata*, *N. thyrsoflora* i wiele innych.

W rodzaju *Nicotiana* znajdują się gatunki niosące odporność na *Alternaria alternata* (np. *N. wigandioides*, *N. bonariensis*, *N. longiflora*, *N. repanda*, *N. occidentalis*) oraz odporne na *Cercospora nicotianae* (np. *N. knightiana*, *N. repanda*, *N. nudicaulis*, *N. debneyi*, *N. amplexicaulis*).

Fungal diseases of tobacco and sources of resistance in the *Nicotiana* genus

Anna Czubacka, Anna Trojak-Goluch, Hanna Olszak-Przybyś

Institute of Soil Science and Plant Cultivation, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Pulawy

annacz@iung.pulawy.pl

In tobacco cultivation, the pathogenic fungi are responsible for many plant infections. Diseases occurring in plantations in Poland include blue mould caused by the fungus *Peronospora tabacina* D.B. Adam and powdery mildew caused by *Erysiphe cichoracearum* DC. The soil-borne fungus *Berkeleyomyces basicola* Berk. & Broome causes black root rot and *Botrytis cinerea* Pers. ex Fr. is responsible for grey mould. Plants showing symptoms of Sclerotinia stalk rot caused by the pathogen *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary are increasingly common. Other fungal diseases of tobacco are sore shin caused by *Rhizoctonia solani* Kühn, brown spot caused by *Alternaria alternata* (Fries) Keissler and frog-eye resulting from infection with *Cercospora nicotianae* Ellis & Everhart. Damping-off caused by infection with species of the genus *Pythium* Pringsheim may occur in seedlings.

Blue mould is observed under field conditions, rarely in the seedbed. A blue-grey mycelium with spores appears on the lower leaf surface and the leaf tissue becomes progressively necrotic. Resistance to this disease has been achieved in numerous tobacco cultivars. The cultivars Sirogo and Sirone have resistance factors derived from the wild species *Nicotiana goodspeedii*. The resistance genes have been transferred from *N. debneyi* to cv. Hicks giving Hicks Resistant. Similarly, the cultivars Bel 61-9 and Bel 61-10 were obtained. Resistance was transferred from *N. excelsior* to cv. GA 955. Resistance to *P. tabacina* of the Polish cultivar Wiślica was obtained from the tobacco cultivar Ovens 62. The resistance of cv. Chemical Mutant, in turn, is the result of a mutation of the cultivar Virginia Gold. In addition, attempts have been made to transfer resistance to tobacco, among others, from the species *N. wuttkei*, *N. velutina*, *N. rustica*, *N. benthamiana* and *N. megalosiphone*. In the case of powdery mildew, the mycelium first develops on the lower and then on the upper surface of the leaf, forming a greyish-white coating. The leaves gradually turn brown and die. Many wild species of the genus *Nicotiana* show resistance to the disease. It has been transferred to tobacco from among others *N. tomentosiformis*, *N. alata*, *N. sanderae*, *N. benthamiana*. In addition, resistance to the disease is present in the Japanese cultivar Kokubu and is based on a mutation in the susceptibility gene. Kokubu has been used in breeding, resulting in other resistant cultivars.

Black root rot causes the roots to die, leading to wilting and death of the entire plant. Cultivated tobacco includes cultivars (e.g. AC Gayed, TN86, TN90, Wentura, VRG) with resistance transferred from *N. debneyi*. The cultivar Wigola has also been bred with resistance from *N. glauca*. In addition, species *N. alata*, *N. knightiana*, *N. undulata*, *N. thyrsoflora* and many others are sources of resistance to black root rot.

The genus *Nicotiana* includes species with resistance to *Alternaria alternata* (e.g. *N. wigandioides*, *N. bonariensis*, *N. longiflora*, *N. repanda*, *N. occidentalis*) and resistance to *Cercospora nicotianae* (e.g. *N. knightiana*, *N. repanda*, *N. nudicaulis*, *N. debneyi*, *N. amplexicaulis*).

Ocena poziomu wirulencji populacji mączniaka prawdziwego zbóż i traw w Polsce w latach 2015-2017

Aleksandra Pietrusińska-Radzio¹, Jan Bocianowski², Paweł Cz. Czembor³

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Radzików, Błonie

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Poznań

^{3,1} Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Biologii Stosowanej, Radzików, Błonie

a.pietrusinska@ihar.edu.pl

Celem naszych badań było scharakteryzowanie struktury populacji *B. graminis* f.sp. *tritici* oraz ocena efektywności genów odpornościowych (genów *Pm*) w stosunku do lokalnych populacji patogenów. Próby liści z widocznymi objawami mączniaka prawdziwego zbóż i traw zebrano z 6 miejscowości w latach 2015-2017, odpowiednio: Strzelce (woj. łódzkie) lata: 2015 i 2017, Polanowice (woj. małopolskie) lata: 2015, 2016 i 2017, Nagradowice (woj. wielkopolskie) lata: 2015, 2016 i 2017, Antoniny (woj. wielkopolskie) lata: 2016, 2017, Smolice oraz Szelejewo (woj. wielkopolskie) 2017 rok. Lokalizacje zebranych prób reprezentują południowo-zachodni region Polski. W celu określenia efektywności genów *Pm* w odniesieniu do populacji *B. graminis* występującej w południowo-zachodniej Polsce w latach 2015-2017 uzyskane jednozarodnikowe kultury izolatów testowano na zestawie odmian różnicujących. W skład takiego zestawu testowego wchodziło łącznie 26 linii/odmian o znanych genach odporności na mączniaka prawdziwego zbóż i traw oraz odmiana wzorcowa Nimbus jako kontrola wrażliwa/podatna na *B. graminis*.

Analizy statystyczne wykazały istotne interakcje między latami badań a genotypami *Pm*, co wskazuje na zmienność skuteczności odporności w różnych warunkach środowiskowych. Analiza wykresu wskazuje, że genotypy takie jak *Pm2*, *Pm2+6*, *Pm4b+5*, *Pm6*, *Pm7*, *Pm8* oraz wzorzec (kontrola) mają wysokie średnie wartości bliskie 4,0 we wszystkich latach, co świadczy o ich dużej stabilności i odporności na warunki środowiskowe. Z kolei genotypy takie jak *Pm1+2+4b+9*, *Pm17*, *Pm1a*, *Pm22* i inne wykazują znaczną zmienność średnich wartości w poszczególnych latach, co sugeruje ich różną reakcję na warunki środowiskowe. W niektórych przypadkach, jak np. *Pm1a*, obserwuje się wyraźny wzrost średnich wartości w kolejnych latach (z 2.339 w 2015 do 3.956 w 2017), podczas gdy inne, jak *Pm35*, wykazują spadek średnich wartości (z 2.729 w 2015 do 0.691 w 2017). Genotypy takie jak *Pm1+2+4b+9*, *Pm21*, *Pm29*, *Pm34*, *Pm37* mają niskie średnie wartości, co może wskazywać na ich niską wydajność lub większą podatność na niekorzystne warunki środowiskowe. Podsumowując, genotypy takie jak *Pm2*, *Pm2+6*, *Pm4b+5*, *Pm6*, *Pm7*, *Pm8* oraz wzorzec są bardziej stabilne i przewidywalne, co może czynić je bardziej odpowiednimi do uprawy w różnych warunkach środowiskowych. Genotypy o dużej zmienności w średnich wartościach (np. *Pm1+2+4b+9*, *Pm17*, *Pm1a*, *Pm22*) mogą wymagać bardziej specyficznych warunków uprawy lub większej uwagi, aby osiągnąć stabilne wyniki. Genotypy o niskich średnich wartościach (np. *Pm1+2+4b+9*, *Pm21*, *Pm29*, *Pm34*, *Pm37*) mogą być mniej wydajne lub bardziej podatne na niekorzystne warunki środowiskowe. Wyniki podkreśliły znaczenie monitorowania populacji patogenów i stosowania efektywnych genów *Pm* w programach hodowlanych w celu zwiększenia trwałości odporności. Strategie takie jak piramidowanie genów, które łączą wiele genów *Pm*, zostały wskazane jako skuteczne podejście do łagodzenia wpływu choroby w różnych warunkach środowiskowych.

Badanie dostarczyło istotnych informacji na temat dynamiki odporności na mączniaka prawdziwego w uprawach pszenicy w Polsce, podkreślając potrzebę stosowania adaptacyjnych strategii hodowlanych oraz ciągłego monitorowania w celu skutecznego przeciwdziałania ewoluującemu zagrożeniu ze strony patogenów.

Assessment of the virulence level of powdery mildew populations in cereals and grasses in Poland from 2015 to 2017

Aleksandra Pietrusińska-Radzio¹, Jan Bocianowski², Paweł Cz. Czembor³

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych, Radzików, Błonie

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Poznań

³ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Biologii Stosowanej, Radzików, Błonie

a.pietrusinska@ihar.edu.pl

The aim of our research was to characterize the population structure of *B. graminis* f.sp. *tritici* and to assess the effectiveness of resistance genes (Pm genes) against local pathogen populations. Leaf samples showing symptoms of powdery mildew on cereals and grasses were collected from six locations between 2015 and 2017, specifically: Strzelce (Łódź Voivodeship) in 2015 and 2017; Polanowice (Małopolska Voivodeship) in 2015, 2016, and 2017; Nagradowice (Wielkopolska Voivodeship) in 2015, 2016, and 2017; Antoniny (Wielkopolska Voivodeship) in 2016 and 2017; and Smolice and Szelejewo (Wielkopolska Voivodeship) in 2017. The locations of the collected samples represent the southwestern region of Poland. To determine the effectiveness of Pm genes against the *B. graminis* population in southwestern Poland during 2015–2017, single-spore cultures of the isolates were tested on a set of differential varieties. This test set comprised a total of 26 lines/varieties with known resistance genes for powdery mildew of cereals and grasses, as well as the reference variety Nimbus, which served as a susceptible control for *B. graminis*.

Statistical analyses revealed significant interactions between the years of study and the Pm genotypes, indicating variability in resistance effectiveness under different environmental conditions. The analysis of the chart indicates that genotypes such as *Pm2*, *Pm2+6*, *Pm4b+5*, *Pm6*, *Pm7*, *Pm8*, and the reference (control) exhibit high average values close to 4.0 across all years, suggesting their high stability and resistance to environmental conditions. On the other hand, genotypes such as *Pm1+2+4b+9*, *Pm17*, *Pm1a*, *Pm22*, and others show significant variability in average values across the years, suggesting their differing responses to environmental conditions. In some cases, such as *Pm1a*, a marked increase in average values is observed over the years (from 2.339 in 2015 to 3.956 in 2017), while others, such as *Pm35*, show a decrease in average values (from 2.729 in 2015 to 0.691 in 2017). Genotypes such as *Pm1+2+4b+9*, *Pm21*, *Pm29*, *Pm34*, *Pm37* have low average values, which may indicate their low performance or greater susceptibility to adverse environmental conditions. In summary, genotypes such as *Pm2*, *Pm2+6*, *Pm4b+5*, *Pm6*, *Pm7*, *Pm8*, and the reference are more stable and predictable, which may make them more suitable for cultivation under varying environmental conditions. Genotypes with high variability in average values (e.g., *Pm1+2+4b+9*, *Pm17*, *Pm1a*, *Pm22*) may require more specific cultivation conditions or greater attention to achieve stable results. Genotypes with low average values (e.g., *Pm1+2+4b+9*, *Pm21*, *Pm29*, *Pm34*, *Pm37*) may be less efficient or more susceptible to adverse environmental conditions. The results highlighted the importance of monitoring pathogen populations and using effective Pm genes in breeding programs to increase resistance durability. Strategies such as gene pyramiding, which combine multiple Pm genes, were indicated as effective approaches to mitigate the impact of the disease under various environmental conditions.

The study provided valuable insights into the dynamics of powdery mildew resistance in wheat crops in Poland, emphasizing the need for adaptive breeding strategies and continuous monitoring to effectively counter evolving pathogen threats.

Możliwości wykorzystania induktora odporności roślin Planticine w ochronie pomidora przed mączniakiem prawdziwym

Magdalena Ptaszek¹, Roksana Rakoczy-Lelek², Anna Jarecka-Boncela¹, Krzysztof Ambroziak², Klaudia Gąska²

¹ Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy, Pracownia Fitopatologii, Skierniewice

² Intermag, Olkusz

magdalena.ptaszek@inhort.pl

Indukcja naturalnych mechanizmów obronnych w roślinach jest uważana za jedną z najważniejszych strategii stosowanych w integrowanej ochronie roślin. Induktory odporności roślin mogą istotnie ograniczyć stosowanie chemicznych środków ochrony roślin oraz ich negatywny wpływ na środowisko i zdrowie ludzi. Celem prowadzonych badań była ocena skuteczności induktora odporności roślin Planticine, aplikowanego solo oraz w programie przemianym ze standardem chemicznym, w ochronie pomidora (*Solanum lycopersicum*) przed mączniakiem prawdziwym (*Oidium neolyopersici*). Planticine jest unikalnym biostymulatorem naturalnych mechanizmów obronnych opartym na oligomerach $\alpha(1\rightarrow4)$ -powiązanych kwasów D-galakturonowych o stopniu polimeryzacji (DP) od 2 do 10. Opracowany został i przetestowany w ramach projektu nr POIR.01.01.01-00-0024/15, finansowanego przez NCBiR w ramach Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój 2014-2020.

Badania nad skutecznością Planticine w ochronie roślin prowadzono w tunelach foliowych Instytutu Ogrodnictwa – PIB w Skierniewicach w latach 2020 i 2021. Monitoring pojawiania się mączniaka prawdziwego na pomidorze odm. Julia prowadzono w okresie wegetacji od momentu spodziewanego okresu zagrożenia tj. od początku czerwca w odstępach tygodniowych. Ocenę stopnia porażenia liści przez patogena prowadzono z wykorzystaniem 8-stopniowej skali, na 30 losowo wybranych liściach pomidora w obrębie powtórzenia. Doświadczenia założono w 4 powtórzeniach po 10 roślin pomidora na poletku. Badane preparaty aplikowano profilaktycznie.

W 2020 roku przetestowano dwa różne stężenia Planticine: 2 l/ha oraz 3 l/ha. Skuteczność obu testowanych dawek preparatu w początkowym okresie rozwoju choroby przekraczała 90%. W dniu piątego - ostatniego zabiegu opryskiwania roślin skuteczność niższej dawki Planticine w ochronie pomidora przed patogenem wynosiła 75,5%, podczas gdy wyższej 65,6%. Tydzień po ostatnim zabiegu opryskiwania pomidorów skuteczność Planticine spadła do 46,8% dla dawki 2 l/ha i 37,6% dla 3 l/ha. Standard chemiczny Scorpion 325 SC zapewniał ochronę roślin na poziomie 99,7%, a preparat Fytosave 58,7%.

W 2021 roku Planticine w dawce 2 l/ha przy niskiej presji patogena całkowicie chronił rośliny przed mączniakiem prawdziwym. Wraz z rozwojem choroby skuteczność Planticine spadła do 63,5% - w dniu czwartego (ostatniego) zabiegu opryskiwania roślin, a tydzień po ostatniej aplikacji wynosiła 47,9%. Skuteczność przemianego programu ochrony pomidora, gdzie wykonano trzy aplikacje preparatem Planticine i jedną Scorpion 325 SC w dniu ostatniego zabiegu wynosiła 94%, a tydzień po ostatniej aplikacji 88%. Preparat Fytosave SL chronił rośliny przed patogenem na poziomie 67,1% i jego skuteczność obniżyła się do 50,1% po kolejnych 7 dniach. Z kolei standard chemiczny Scorpion 325 SC stosowany solo całkowicie chronił rośliny przed mączniakiem prawdziwym.

Possibilities of using the plant resistance inducer Planticine in the protection of tomato against powdery mildew

Magdalena Ptaszek¹, Roksana Rakoczy-Lelek², Anna Jarecka-Boncela¹, Krzysztof Ambroziak², Klaudia Gaska²

¹ *Institute of Horticulture - National Research Institute, Laboratory of Phytopathology, Skierniewice*

² *Intermag, Olkusz*

magdalena.ptaszek@inhort.pl

The induction of natural defense mechanisms in plants is considered to be one of the most important strategies used in integrated pest management (IPM). The use of plant resistance inducers can significantly reduce the use of chemical plant protection products and their negative impact on the environment and human health. The aim of the studies was to evaluate the efficacy of the plant resistance inducer Planticine, applied solo and in an alternating programme with a chemical standard, in the protection of tomato (*Solanum lycopersicum*) against powdery mildew (*Oidium neolycopersici*). Planticine is a unique biostimulator of natural defence mechanisms based on $\alpha(1\rightarrow4)$ -linked oligomers of D-galacturonic acids with a degree of polymerisation (DP) of 2 to 10. It was developed and tested as part of project No. POIR.01.01.01-00-0024/15, funded by NCBiR under the Intelligent Development Operational Programme 2014-2020.

Studies on the effectiveness of Planticine in plant protection were conducted in plastic tunnels of the The National Institute of Horticultural Research in Skierniewice in the years 2020 and 2021. Monitoring of the appearance of powdery mildew on tomato cv. Julia was conducted during the vegetation period from the expected period of risk, i.e. from the beginning of June at weekly intervals. Assessment of the degree of leaf infection by the pathogen was conducted using an 8-point scale, on 30 randomly selected tomato leaves within a replicate. Experiments were established in 4 replicates of 10 tomato plants per plot. The tested products were applied prophylactically.

In 2020, two different concentrations of Planticine were tested: 2 l/ha and 3 l/ha. The efficacy of both tested doses of the product during the initial period of disease development exceeded 90%. On the day of the fifth - last - plant spray treatment, the efficacy of the lower dose of Planticine in protecting tomato against the pathogen was 75.5%, while the higher dose - 65.6%. One week after the last tomato spray treatment, the efficacy of Planticine decreased to 46.8% for the 2 l/ha dose and 37.6% for the 3 l/ha dose. The chemical standard Scorpion 325 SC provided plant protection at 99.7% whereas Fytosave 58.7%.

In 2021, Planticine at a dose of 2 l/ha under low pathogen pressure completely protected plants against powdery mildew. As the disease progressed, Planticine's efficacy decreased to 63.5% on the fourth and last plant spray treatment, and was 47.9% one week after the last application. The efficacy of an alternate tomato protection programme where three applications of Planticine and one of Scorpion 325 SC were made on the day of the last treatment was 94% and one week after the last application was 88%. The product Fytosave SL protected plants against the pathogen at a level of 67.1% and its effectiveness decreased to 50.1% after a further 7 days. The chemical standard Scorpion 325 SC applied solo completely protected the plants against powdery mildew.

Zdrowotność nasion rzepaku jarego oraz zawartość związków fenolowych i ich właściwości antyutleniające

Bożena Cwalina-Ambroziak¹, Urszula Wachowska¹, Marta Damszel¹, Bartłomiej Porzuc¹, Sebastian Przemieniecki¹, Edyta Kwiatkowska¹, Ryszard Amarowicz², Katarzyna Sulewska², Michał Adam Janiak²

¹ Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej, Olsztyn

² Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności, PAN Olsztyn

bambr@uwm.edu.pl

W pracy analizowano wpływ stosowanej ochrony biologicznej i chemicznej roślin na: zdrowotność nasion rzepaku jarego, potencjał antyoksydacyjny nasion oraz ich profil fenolowy. Rzepak jary odmiany Goliat uprawiano w ścisłym doświadczeniu polowym (ZD w Tomaszku, gleba piaszczysta, kompleks przydatności 5, klasy IVb /WRB 2015/). Doświadczenie założono metodą losowanych bloków – warianty ochrony roślin przed patogenami (w trzech powtórzeniach): **A** – kontrola (materiał siewny zaprawiony); **B** – opryskiwanie doglebowe preparatem mikrobiologicznym ÓKO-ni WP; **C** – preparat mikrobiologiczny Bakto Tarcza P; **D** – fungicyd protiokonazol i tebukonazol; **E** – fungicyd azoksystrobina, Bakto Tarcza; **F** – fungicyd azoksystrobina i boskalid. Na wszystkich poletkach przeprowadzono jednakowe zabiegi agrotechniczne, w tym nawożenie; chwasty zwalczano preparatem Butisan Star 416 SC (metazachlor, chinomerak), szkodniki – Inazuma 130 WG (acetamipryd, lambda-cyhalotryna), Karate Zeon 050 CS (lambda-cyhalotryna). W okresie zbiorów z pobranych z poletek prób nasion zbiorczych przeprowadzono izolacje grzybów powszechną metodą fitopatologiczną. Analizę zawartości fenolokwasów przeprowadzono metodą HPLC, a aktywność przeciwutleniająca ekstraktów z nasion rzepaku jarego - metodą ABTS, FRAP i DPPH.

Grzyby patogeniczne dominowały w zbiorowisku grzybów zasiedlających nasiona rzepaku jarego chronionego chemicznie. Najwięcej izolatów grzybów antagonistycznych względem patogenów wyosobniono z nasion z obiektu kontrolnego. Patogeniczne gatunki rodzaju *Alternaria* stanowiły eudominanty w zbiorowisku grzybów nasion rzepaku jarego. Biologiczna ochrona przedsięwzięta ograniczała populację grzybów patogenicznych zasiedlających nasiona.

Analiza HPLC wykazała obecność 6 głównych związków fenolowych; sinapiny i kwasu sinapowego oraz pochodnych kwasu sinapowego. W ekstraktach nasion rzepaku w obiekcie z opryskiwaniem triazolami (obiekt D) stwierdzono istotnie większą zawartość fenoli ogółem (44,12 mg ekwiwalentu kwasu sinapowego /g ekstraktu) w porównaniu z najmniejszą zawartością w ekstraktach nasion z obiektu kontrolnego (obiekt A - 36,5 mg ekwiwalentu kwasu sinapowego /g ekstraktu). Zastosowana ochrona różnicowała aktywność przeciwutleniającą oznaczoną testem ABTS i FRAP. Większą aktywność przeciwutleniającą w teście ABTS wykazały ekstrakty z nasion rzepaku z zastosowaną ochroną biologiczną (obiekt C) oraz ochroną chemiczną (obiekt D, F) niż ekstrakty z nasion rzepaku w pozostałych wariantach ochrony. Silniejszym natomiast działaniem antyoksydacyjnym w teście FRAP charakteryzowały się ekstrakty z nasion rzepaku w obiektach z preparatami mikrobiologicznymi (obiekt B, C) niż w pozostałych wariantach ochrony. Ekstrakt nasion z obiektu F wykazywał nieznacznie silniejszą aktywność w teście DPPH. Uzyskane wyniki wskazują producentom rzepaku optymalne użycie środków ochrony przed patogenami, które gwarantują wysoki potencjał przeciwutleniający nasion.

The health status and total phenolic content of spring rapeseed seeds, and the antioxidant activity of seed extracts as dependent on plant protection method

Bożena Cwalina-Ambroziak¹, Urszula Wachowska¹, Marta Damszel¹, Bartłomiej Porzuc¹, Sebastian Przemieniecki¹, Edyta Kwiatkowska¹, Ryszard Amarowicz², Katarzyna Sulewska², Michał Adam Janiak²

¹University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Department of Entomology, Phytopathology and Molecular Diagnostics, Olsztyn

²Institute of Animal Reproduction and Food Research, Polish Academy of Sciences in Olsztyn
bambr@uwm.edu.pl

Spring rapeseed cv. Goliat was grown in a field experiment (Agricultural Experiment Station in Tomaszkowo near Olsztyn) established on brown soil (suitability complex 5 and quality class IVb) (**WRB 2015**). The experiment had a randomized block design: blocks – methods of plant protection against pathogens (three replicates): **A** – control (without protection); **B** – ÓKO-ni WP microbial preparation applied to soil; **C** – Bakto Tarcza P microbial preparation; **D** – prothioconazole and tebuconazole fungicides; **E** – azoxystrobin fungicide, Bakto Tarcza P; **F** – azoxystrobin and boscalid fungicides. Agronomic treatments (including fertilization) were identical in all plots; weeds were controlled with Butisan Star 416 SC (metazachlor, quinmerac), and pests were controlled with Inazuma 130 WG (acetamiprid, lambda-cyhalothrin), and Karate Zeon 050 CS (lambda-cyhalothrin). At harvest, fungi were isolated by a universal method from composite seed samples collected in experimental plots. The content of phenolic acids in seeds was determined by high-performance liquid chromatography (HPLC), and the antioxidant activity of seed extracts was evaluated with the use of ABTS, FRAP, and DPPH assays.

Pathogenic fungi predominated in the fungal community colonizing the seeds of chemically protected spring rapeseed. The number of fungal isolates displaying antagonistic activity against pathogens was highest in seeds collected in the control treatment. Pathogenic species of the genus *Alternaria* were eudominant in the fungal community colonizing spring rapeseed seeds. Pre-sowing biological protection reduced the population size of fungal pathogens on seeds. HPLC analysis revealed the presence of 6 major phenolic compounds; two of them were identified as sinapine and sinapic acid (peaks 1 and 5 in the chromatogram), and the remaining ones as derivatives of sinapic acid. Seed extracts had significantly higher total phenolic content (44.12 mg of sinapic acid equivalent /g of seed extract) in the treatment where triazole fungicides were applied (treatment D) than in the control treatment without protection (treatment A) where seed extracts were characterized by the lowest total phenolic content (36.5 mg of sinapic acid equivalent /g of seed extract). The applied plant protection methods affected antioxidant activity determined using ABTS and FRAP assays. Similarly to total phenolic content, antioxidant activity evaluated by the ABTS assay was higher (from 0.401 to 0.414 mmol of Trolox equivalent / g of seed FM) in seed extracts from treatments where biological (treatment C) and chemical (treatments D and F) protection methods were applied, compared with seed extracts from the remaining treatments. Antioxidant activity measured by the FRAP assay was higher in seed extracts from treatments involving plant protection with microbial preparations (treatment B - ÓKO-ni WP and treatment C - Bakto Tarcza P, 1.030 and 1.020 mmol Fe²⁺ / g of seed extract, respectively) than in seed extracts from the other treatments. In treatment F, seed extract was characterized by somewhat stronger antioxidant activity in the DPPH assay. The obtained results can help rapeseed producers optimize the use of crop protection products to protect plants from pathogens and ensure the high antioxidant potential of seeds.

Wpływ mikroorganizmów w ograniczaniu alternariozy (*Alternaria dauci*) na marchwi

Anna Jarecka-Boncela, Magdalena Ptaszek, Agnieszka Włodarek, Artur Mikiciński, Joanna Puławska

Instytut Ogrodnictwa-PIB, Zakład Ochrony Roślin, Skierniewice

Anna.Jarecka@inhort.pl

Coraz większa świadomość społeczeństwa dotycząca zagrożeń jakie niesie za sobą stosowanie pestycydów sprzyja rozwojowi sektora zdrowej żywności. W ostatnich latach obserwuje się zwiększony popyt na warzywa wyprodukowane bez aplikacji chemicznych środków ochrony roślin. Powszechne stosowanie fungicydów jest łatwym sposobem zwalczania organizmów szkodliwych dla roślin. Jednakże, nadmierne i nie zawsze uzasadnione, czy też niewłaściwe stosowanie pestycydów niesie za sobą pewne niebezpieczeństwa m.in. zagrożenie dla zdrowia ludzi, zwierząt, środowiska oraz pojawianie się agrofagów odpornych na działanie chemicznych środków ochrony roślin. Liczba substancji czynnych dopuszczonych do stosowania zmniejszy się z powodu wdrożenia rozporządzenia wykonawczego Komisji UE 2015/408/WE. Jako pierwsze są eliminowane substancje najbardziej toksyczne dla środowiska naturalnego, chociaż często są one najbardziej skuteczne. Ich eliminacja stwarza potrzebę poszukiwania nowych substancji aktywnych do ochrony upraw.

Celem badań była ocena skuteczności preparatów opartych na mikroorganizmach na ograniczenie alternariozy marchwi (*Alternaria dauci*). Doświadczenia przeprowadzono w latach 2019-2021 na polu doświadczalnym Instytutu Ogrodnictwa-PIB w Skierniewicach na marchwi odmiana Perfekcja. Badane inokula mikroorganizmów tj szczepów: T16/8 - *Pantoea agglomerans*, T 14/15 – *Pantoea allii*, T14/8 i T5/1 *Pantoea ananatis* oraz preparatów porównawczych zastosowano profilaktycznie – przed wystąpieniem objawów chorobowych. Wykonano 5 zabiegów opryskiwania roślin w odstępach 7-dniowych. Przed każdym zabiegiem wykonano obserwację objawów chorobowych. W badaniach uwzględniono kontrolę nietraktowaną badanymi produktami. Wykazano, że wszystkie badane preparaty i inokula mikroorganizmów hamowały rozwój alternariozy na marchwi. Należy jednak dodać, że wykazały one zróżnicowaną skuteczność w ograniczeniu rozwoju choroby. Najwyższą skuteczność w ochronie marchwi przed alternariozą wykazał preparat standardowy Scorpion 325 SC (98%). Natomiast spośród badanych mikroorganizmów najwyższą skuteczność wykazały następujące inokula: T16/8 (68%), T14/8 (58,6%) oraz T 14/15 (52,4%). Najniższą skuteczność stwierdzono w kombinacji gdzie rośliny opryskiwano zawiesiną T 5/1 i preparatem Serenade ASO.

Badania były prowadzone w ramach realizacji projektu BioSafeFood: NCBiR No. POIR.04.01.02-000100/17 „Opracowanie technologii produkcji wysokiej jakości, bezpiecznych dla konsumenta owoców i warzyw z zastosowaniem nowych biopreparatów w ochronie upraw przed chorobami”.

The effect of microorganisms on the reduction alternariosis (*Alternaria dauci*) on carrots

Anna Jarecka-Boncela, Magdalena Ptaszek, Agnieszka Włodarek, Artur Mikiciński, Joanna Puławska

The National Institute of Horticultural Research, Department of Plant Protection, Skierniewice
Anna.Jarecka@inhort.pl

The growing public awareness of the dangers of pesticide use is encouraging the development of the healthy food sector. In recent years, there has been an increased demand for vegetables produced without the application of chemical plant protection products. The widely used use of fungicides is an easy way to control organisms that are harmful to plants. However, the excessive and not always justified or inappropriate use of pesticides carries certain dangers, including risks to human, animal and environmental health and the emergence of agrophages resistant to chemical plant protection products. The number of active substances approved for use will decrease due to the implementation of EU Commission Implementing Regulation 2015/408/EC. The most environmentally toxic substances are the first to be eliminated, although they are often the most effective. Their removal creates the need to search for new active substances for crop protection.

The aim of the study was to evaluate the effectiveness of microorganism-based products on the reduction of carrot alternariosis (*Alternaria dauci*). The trials were conducted in 2019-2021 at the experimental field of The National Institute of Horticultural Research in Skierniewice on carrots cv. Perfekcja. The tested inocula of microorganisms, i.e. strains: T16/8 - *Pantoea agglomerans*, T 14/15 - *Pantoea allii*, T14/8 and T5/1 *Pantoea ananatis* and comparative products were applied prophylactically - before the occurrence of disease symptoms. Five plant spray treatments were carried out at 7-day intervals. Observation of disease symptoms was carried out before each treatment. An untreated control was included in the study.

It was demonstrated that all tested preparations and microbial inocula inhibited the development of alternariosis on carrots. However, it should be added that they showed differential efficacy in limiting the development of the disease. The standard product Scorpion 325 SC exhibited the highest effectiveness in protecting carrots against alternariosis (98%). Among the tested microorganisms, the highest efficacy was shown by the following inocula: T16/8 (68%), T14/8 (58.6%) and T 14/15 (52.4%). The lowest efficacy was found in the combination where plants were sprayed with T 5/1 suspension and Serenade ASO.

The research was conducted as part of the implementation of the BioSafeFood project: NCBiR (National Center for Research and Development) No. POIR.04.01.02-000100/17 "Development of technologies for the production of high-quality, consumer-safe fruit and vegetables using new biopreparations in crop protection against diseases".

Skuteczność wybranych środków w ochronie ogórka pod osłonami przed mączniakiem prawdziwym

Agnieszka Włodarek, Magdalena Ptaszek, Anna Jarecka-Boncela

Instytut Ogrodnictwa-PIB, Zakład Ochrony Roślin, Pracownia Fitopatologii, Skierniewice
agnieszka.wlodarek@inhort.pl

Mączniak prawdziwy dyniowatych (*Podosphaera fusca*) stanowi duże zagrożenie w uprawach ogórka pod osłonami i który bez skutecznej ochrony w okresie wegetacji, może przyczynić się do znaczącego zniszczenia plantacji.

Celem przeprowadzonych doświadczeń było określenie skuteczności środków nie chemicznych i konwencjonalnych stosowanych samodzielnie w okresie wegetacji ogórka w uprawie pod osłonami w zwalczaniu *P. fusca*.

Badania prowadzono w latach 2021-2022, w tunelach foliowych Instytutu Ogrodnictwa-PIB w Skierniewicach na ogórku odmiany 'Iwa F1'. Wielkość poletka stanowiły 2 rzędy po 5 roślin. Infekcja ogórków przez *P. fusca* była naturalna.

Testowano następujące środki: Fytosave SL (COS-OGA), Serenade ASO (*Bacillus subtilis* szczep QST 713), Prev-AM (olejek pomarańczowy) oraz Vivando (metrafenon) i Scorpion 325 SC (azoksystrobina+difenokonazol). W okresie wegetacji ogórka badane preparaty zastosowano 4-krotnie, profilaktycznie i interwencyjnie, w odstępie 7 dni.

Najwyższą skuteczność w ochronie ogórka pod osłonami przed mączniakiem prawdziwym w obydwóch latach badań wykazały środki chemiczne Vivando i Scorpion 325 SC. Ich efektywność utrzymywała się na wysokim poziomie (100% skuteczności) do 7 dni po ostatnim zabiegu ochronnym. W przypadku testowanych biofungicydów w pierwszym roku badań ich skuteczność była wysoka przez cały okres badawczy i wynosiła 100% po 7 dniach od ostatniego zabiegu. W kolejnym roku badań obserwacje przeprowadzone w tym samym terminie wykazały ich niższą efektywność. Skuteczność Prev-AM wynosiła: 98,8%, Serenade ASO: 72% i Fytosave SL: 51,3%. Związane było to z wyższą presją patogena w 2022 roku.

Wprowadzanie do ochrony środków niechemicznych przeciwdziała nadmiernej chemizacji środowiska oraz przyczynia się do uzyskania plonu owoców bez pozostałości. Dlatego też, testowane biofungicydy: Prev-AM, Serenade ASO i Fytosave SL można zalecać do wspomagania ochrony ogórka pod osłonami przed mączniakiem prawdziwym.

Efficacy of selected products in the protection of cucumber under covers against powdery mildew

Agnieszka Włodarek, Magdalena Ptaszek, Anna Jarecka-Boncela

The National Institute of Horticultural Research, Department of Plant Protection, Laboratory of Phytopathology, Skierniewice
agnieszka.wlodarek@inhort.pl

Cucurbit powdery mildew (*Podosphaera fusca*) is a major threat in cucumber crops under covers which, without effective protection during the growing season, can lead to significant destruction of plantations.

The aim of the conducted study was to determine the efficacy of non-chemical and conventional fungicides applied alone during the growing season of cucumber under cover against of *P. fusca*.

The experiments were conducted in plastic tunnels of The National Institute of Horticultural Research in Skierniewice in 2021-2022, on cucumber cv. 'Iwa F1'. The size of the plot was 2 rows of 5 plants each. Infection of plants by *P. fusca* was natural.

The following products were tested: Fytosave SL (COS-OGA), Serenade ASO (*Bacillus subtilis* strain QST 713), Prev-AM (orange oil) and Vivando (metrafenone) and Scorpion 325 SC (azoxystrobin+diphenconazole). During the growing season of cucumber, the tested products were applied four times, prophylactically and interveningly, at an interval of 7 days.

The fungicides Vivando and Scorpion 325 SC showed the highest efficacy of protection against cucumber powdery mildew under covers in both years of the study. Their effectiveness was high (100% efficacy) up to 7 days after the last protective treatment. In the case of the biofungicides tested in the first year of the study, their efficacy was high throughout period of the study and was 100% up to 7 days after the last application. In the next year of the research, observations carried out at the same time showed their lower effectiveness. The efficacy of Prev-AM was: 98.8%, Serenade ASO: 72% and Fytosave SL: 51.3%. This was related to the higher pressure of the pathogen in 2022.

The introduction of non-chemicals products in protection counteracts excessive chemicalisation of the environment and make for a residue-free fruit yield. Therefore, the tested biofungicides Prev-AM, Serenade ASO and Fytosave SL can be recommended to support the protection cucumber under covers against powdery mildew.

Wpływ gleby i ochrony biologicznej na patogeny zasiedlające ziarno pszenicy twardej

Weronika Giedrojc, Urszula Wachowska

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

weronika.giedrojc@uwm.edu.pl

Pszenica twarda (*Triticum turgidum* subsp. *durum*) jest tetraploidalną rośliną zbożową znajdującą zastosowanie w produkcji makaronów i kasz. Wzrost zainteresowania uprawą tego gatunku wynika szczególnie z braku możliwości zastąpienia tego surowca ziarnem pszenicy zwyczajnej, a także ze zmian klimatu, które stwarzają lepsze warunki do uprawy i hodowli pszenicy makaronowej w Polsce. Niestety w scenariuszach zmian klimatycznych stresi abiotyczne (np. wysokie i niskie temperatury, zasolenie, susza) i biotyczne (głównie patogeny rodzaju *Fusarium*) stanowią znaczące ograniczenie w uprawie pszenicy twardej. Celem badań było określenie wpływu typu gleby i biologicznej ochrony kłosów pszenicy twardej przed patogenami fuzariozy kłosów i czerni zbóż na liczebność patogenów zasiedlających ziarno. Badania wprowadzono w warunkach polowych, DNA izolowano z ziarna pszenicy bezpośrednio po zbiorze, a przynależność gatunkową grzybów określono metodą sekwencjonowania regionu ITS2 rDNA. Ogólna liczba zidentyfikowanych operacyjnych jednostek systematycznych (OTU) wynosiła 380 960. Gatunkami dominującym w zbiorowisku 184 gatunków grzybów zasiedlających ziarno były *Dabaryomyces hansenii* (210 976 OTUs) naniesiony jako niekomercyjny preparat biologiczny, *Blumeria graminis* (76 021 OTUs), *Alternaria metachromatica* (7602 OTUs) i *Anthracoystis flocculosa* (5739 OTUs). Na ziarnie pszenicy twardej uprawianej na glebie lekkiej odnotowano liczniejsze zbiorowisko patogenów rodzaju *Fusarium* i *Alternaria* oraz gatunku *B. graminis* niż na ziarnie pochodzącym z roślin wysianych na cięższej glebie. Ochrona biologiczna ograniczała występowanie patogenów *Alternaria* spp. i *B. graminis* zasiedlających ziarno pszenicy uprawianej na glebie lekkiej i *Fusarium* spp. na pozostałych typach gleb. Na ziarnie odnotowano także obecność patogenów powodujących głównie pyłą pszenicy (*Ustilago tritici*), rdzę brunatną pszenicy (*Puccinia recondita*) i rdzę żółtą (*Puccinia striiformis*). Ziarno było także rezerwuarem patogenu septoriozy liści pszenicy (*Parastagonospora avenae*). Mykobiom ziarna pszenicy twardej był bardzo bioróżnorodny i uzależniony od typu gleby. Zastosowanie biologicznej ochrony zmieniło jego strukturę, głównie w kierunku zwiększenia populacji antagonistycznych grzybów.

Effect of soil type and biological protection on the prevalence of pathogens colonizing durum wheat grain

Weronika Giedrojć, Urszula Wachowska

University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Department of Entomology, Phytopathology and Molecular Diagnostics, Faculty of Agriculture and Forestry, Olsztyn
weronika.giedrojcz@uwm.edu.pl

Durum wheat (*Triticum turgidum* subsp. *durum*) is a tetraploid cereal crop used for pasta and groat production. This species has attracted considerable interest because durum wheat grain cannot be replaced with common wheat grain, and due to climate change that creates favorable conditions for breeding and growing pasta wheat in Poland. However, climate change is accompanied by abiotic stresses (high and low temperatures, salinity, drought) and biotic stresses (mostly pathogens of the genus *Fusarium*), which constitute barriers in durum wheat cultivation. The aim of this study was to determine the effect of soil type and biological protection of durum wheat spikes against pathogens causing *Fusarium* head blight and black sooty mold on wheat on the prevalence of pathogens colonizing grain. The study was conducted under field conditions, DNA was isolated from wheat grain at harvest, and fungi were identified to species level by sequencing the ITS2 region of rDNA. The total number of operational taxonomic units (OTUs) was 380 960. *Debaryomyces hansenii* (210 976 OTUs) applied as a non-commercial biological preparation, *Blumeria graminis* (76 021 OTUs), *Alternaria metachromatica* (7602 OTUs), and *Anthracozygia flocculosa* (5739 OTUs) predominated in the community of 184 fungal species colonizing wheat grain. The community of pathogens of the genera *Fusarium* and *Alternaria* and *B. graminis* was more abundant in the grain of durum wheat grown in light soil than in the grain of wheat grown in heavier soil. Biological protection reduced the prevalence of *Alternaria* spp. and *B. graminis* colonizing the grain of wheat grown in light soil, and *Fusarium* spp. colonizing the grain of wheat grown in other types of soil. Pathogens causing loose smut (*Ustilago tritici*), leaf rust (brown rust) (*Puccinia recondita*), and stripe rust (yellow rust) (*Puccinia striiformis*) were also detected. Grain was also a reservoir of the pathogen responsible for Septoria nodorum blotch (*Parastagonospora avenae*). The wheat grain mycobiome was highly diverse and influenced by soil type. Mycobiome structure was altered by biological treatment, which increased the population size of antagonistic fungi.

Zmiany klimatu a występowanie agrofagów kukurydzy zwyczajnej

Weronika Giedrojc¹, Wioletta Pluskota², Urszula Wachowska¹

¹ Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej, Olsztyn

² Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Fizjologii, Genetyki i Biotechnologii Roślin, Olsztyn

weronika.giedrojc@uwm.edu.pl

W środowisku naturalnym rośliny często spotykają się z niekorzystnymi czynnikami wpływającymi na ich wzrost i produkcję. Wpływ zmian klimatycznych na przyszłość rolnictwa jest szczególnie istotny, ponieważ w uprawy ingeruje wiele czynników stresowych. Stres biotyczny wywołują patogeny, szkodniki i rośliny pasożytnicze. Stres abiotyczny może być spowodowany przez jeden lub więcej czynników fizycznych lub chemicznych, w tym suszę, wysokie stężenie soli, wysoką lub niską temperaturę, ograniczenia w zakresie pobierania składników odżywczych lub występowaniem metali ciężkich. Temperatura jest głównym czynnikiem wpływającym na tempo rozwoju kukurydzy. Kukurydza zwyczajna (*Zea mays* L.) jest rośliną ciepłolubną i jednym z najważniejszych zbóż, na które szczególnie wyraźnie wpływają zmiany klimatyczne. Kukurydzę zaliczamy do roślin dnia krótkiego, o fotosyntezie typu C₄, przystosowanych do wysokich temperatur. Fotosynteza C₄ umożliwia szybką akumulację biomasy oraz wysoką wydajność w wykorzystaniu wody i azotu. Rośliny typu C₄, dzięki zdecydowanie wydajniejszemu wykorzystaniu wody niż rośliny C₃ wytwarzają większą biomasa części nadziemnej w środowisku wilgotnym, a w środowisku suchym następuje wzrost masy korzeniowej. Celem doświadczenia polowego i szklarniowego była analiza wpływu temperatury na cechy biometryczne i stan zdrowotny kukurydzy odmiany Subito. Średnia temperatura w szklarni wynosiła 21,5°C lub 26,3°C a na polu 16,1°C. W warunkach polowych rośliny kukurydzy wytwarzały przeciętnie dwie kolby a w szklarni na ogół jedną. Kukurydza pochodząca z pola była o 60% wyższa niż ze szklarni, ich średnia wysokość wynosiła 332,7 cm. Duże zagrożenie dla kukurydzy uprawianej na polu produkcyjnym stanowiły szkodniki takie jak omacnica prosowianka (*Ostrinia nubilalis* Hbn.), mszyca czeremchowo-zbożowa (*Rhopalosiphum padi* L.) i ptaki (*Aves*). Istotne zagrożenie dla plonu stwarzały również patogeny powodujące drobną plamistość liści (*Kabatiela zae* Narita et Hiratsuka), żółtą plamistość liści (*Helminthosporium* spp.), głównie guzowatą kukurydzy (*Ustilago maydis* (D.C.) Corda) i fuzariozę kolb (*Fusarium* spp.), które wystąpiły kolejno na 39,5%, 36,5%, 24,5% i 8,5% roślin. W warunkach szklarniowych sporadycznie obserwowano głównie guzowatą. Chemiczne i agrotechniczne metody zwalczania agrofagów były niewystarczające do ograniczenia populacji szkodników i patogenów kukurydzy występujących na plantacji. Rośliny na polu rozwijały się zdecydowanie lepiej niż w szklarni dzięki wielu korzystnym cechom fizjologicznym i morfologicznym tego gatunku. Należy jednak mieć na uwadze, że na poziom plonowania mają wpływ warunki pogodowe w danym sezonie wegetacyjnym oraz lokalne warunki środowiska.

Impact of climate change on the prevalence of pests and pathogens in maize

Weronika Giedrojć¹, Wioletta Pluskota², Urszula Wachowska¹

¹ University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Department of Entomology, Phytopathology and Molecular Diagnostics, Faculty of Agriculture and Forestry, Olsztyn

² University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Department of Plant Physiology, Genetics and Biotechnology, Faculty of Biology and Biotechnology, Olsztyn

weronika.giedrojcz@uwm.edu.pl

In their natural environment, plants are exposed to adverse factors that affect their growth and productivity. The impact of climate change on agriculture is particularly important because of the multiple stressors involved in crop production. Biotic stress is caused by pathogens, pests, and parasitic plants. Abiotic stress may be caused by one or more physical or chemical factors, including drought, high salt concentration, high and low temperatures, limited nutrient availability, and the presence of heavy metals. Temperature is the key factor influencing the growth rate of maize (*Zea mays* L.) plants. Maize is a thermophilous plant, and climate change plays an important role in its growth and development. This short-day C₄ plant is well adapted to high temperatures. C₄ photosynthesis promotes rapid biomass accumulation and increases water and nitrogen use efficiency. C₄ plants use water more efficiently than C₃ plants. The former produce greater aerial biomass in a wet environment, and greater root biomass in a dry environment. The aim of field and greenhouse experiments was to analyze the effect of temperature on the biometric parameters and health status of maize cv. Subito. The average temperature was 21.5°C or 26.3°C in the greenhouse, and 16.1°C in the field. On average, maize plants produced two cobs in the field and one cob in the greenhouse. Field-grown maize plants were by 60% taller than those grown in the greenhouse, and their average height was 332.7 cm. Under field conditions, considerable threat was posed by pests such as European corn borer (*Ostrinia nubilalis* Hbn.), bird cherry-oat aphid (*Rhopalosiphum padi* L.), and birds (*Aves*). Crop yields were also reduced by pathogens causing maize eyespot (*Kabatiela zae* Narita et Hiratsuka), leaf spot (*Helminthosporium* spp.), corn smut (*Ustilago maydis* (D.C.) Corda) and Fusarium ear or cob rot of corn (*Fusarium* spp.). Symptoms of these diseases were observed on 39.5%, 36.5%, 24.5%, and 8.5% of plants, respectively. Symptoms of corn smut were sporadically noted in the greenhouse. Chemical and agrotechnical control methods were not effective in reducing the populations of maize pests and pathogens. Due to their favorable physiological and morphological traits, maize plants thrived in the field. However, it should be stressed that the yields of field-grown maize are influenced by weather conditions during the growing season and local environmental conditions.

Rdza szparaga (*Puccinia asparagi* DC.) – zagrożenie dla uprawy szparaga w Polsce

Agata Kaczmarek-Pieńczewska, Marta Jurga-Zotow, Krzysztof Matkowski, Elżbieta Płaskowska, Katarzyna Sikorska

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii i Mykologii, Wrocław

agata.kaczmarek@upwr.edu.pl

Rdza szparaga (*Puccinia asparagi* DC.) uznawana jest za najgroźniejszą chorobę dla uprawy tego gatunku w Polsce. Jest przykładem rdzy jednodomowej, pełnocyklowej, co oznacza że do pełnego rozwoju nie wymaga innych żywicieli. Pierwsze oznaki występowania choroby można zaobserwować na pędach wiosną, już 7 dni od infekcji bazydiosporami. Możliwość infekowania posiadają również ecjospory oraz urediniospory. Przez okres kilku tygodni wytwarzane są uredinia zawierające urediniospory, które dokonują licznych infekcji wtórnych. Wśród rdzawych struktur uredyniów tworzą się ciemne telia wraz z teliosporami, które zimują na resztkach roślinnych. Choroba objawia się żółknięciem i zamieraniem części nadziemnej. Skutkiem wystąpienia rdzy szparaga na plantacji jest silna defoliacja, co wpływa na poziom plonowania w kolejnym sezonie wegetacyjnym. Ponadto rośliny są osłabione i bardziej podatne na infekcje ze strony innych patogenicznych grzybów.

W latach 2023 i 2024 przeprowadzono obserwacje polowe gałęziaków szparaga w dwóch lokalizacjach (Biskupice i Garbce) pod kątem porażenia przez *P. asparagi*. Ocenę przeprowadzono przy pomocy 6-stopniowej skali. Wyniki potwierdzają nadal wysokie zagrożenie ze strony rdzy szparaga w Polsce, a zainteresowanie uprawą tego gatunku w kolejnych latach prawdopodobnie utrzyma tę tendencję.

Asparagus rust (*Puccinia asparagi* DC.) - a threat to asparagus cultivation in Poland

Agata Kaczmarek-Pieńczyewska, Marta Jurga-Zotow, Krzysztof Matkowski, Elżbieta Płaskowska, Katarzyna Sikorska

Wrocław University of Environmental and Life Sciences, Department of Plant Protection, Division of Plant Pathology and Mycology, Wrocław
agata.kaczmarek@upwr.edu.pl

Asparagus rust (*Puccinia asparagi* DC.) is considered the most dangerous disease for the cultivation of this species in Poland. It is an example of an autoecious, full-cycle rust, meaning it does not require other hosts for its complete development. The first signs of the disease can be observed on the shoots in the spring, just 7 days after infection with basidiospores. Infection can also occur with aeciospores and urediniospores. Over a period of several weeks, uredinia containing urediniospores are produced, leading to numerous secondary infections. Among the rust structures of uredinia, dark telia with teliospores are formed, which overwinter on plant debris. The disease manifests as yellowing and dying off of the above-ground parts. The consequence of the occurrence of asparagus rust on a plantation is severe defoliation, which affects the yield level in the next growing season. Additionally, the plants are weakened and more susceptible to infections from other pathogenic fungi.

In 2023 and 2024, field observations of asparagus branches were conducted in two locations (Biskupice and Garbce) for infection by *P. asparagi*. The assessment was carried out using a 6-point scale. The results confirm the continued high threat posed by asparagus rust in Poland, and interest in cultivating this species in the coming years will likely maintain this trend.

Ekstrakty roślinne w ochronie siewek pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) a aktywność biologiczna gleby

Weronika Kursa¹, Agnieszka Jamiołkowska¹, Barbara Skwaryło-Bednarz¹, Anna Gałązka²

¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Katedra Ochrony Roślin, Lublin

² Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Państwowy Instytut Badawczy, Katedra Mikrobiologii Rolniczej, Puławy

weronika.kursa@up.lublin.pl

Aktywność biologiczna gleby wyraża się intensyfikacją procesów życiowych organizmów glebowych. Celem badań była ocena wpływu wybranych ekstraktów roślinnych na właściwości biologiczne ryzosfery pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) odm. 'Venecja'. Badania prowadzono w warunkach fitotronowych. Siewki pszenicy ozimej opryskiwano jednorazowo mieszaniną ekstraktów roślinnych według następujących kombinacji eksperymentalnych: ekstrakty konopne w stężeniu 10% i 20% (H10 i H20) oraz mieszanina ekstraktów roślinnych (szałwia pospolita, konopie włókniste, wrotycz pospolity) w stężeniu 10% i 20% (M10 i M20). Kombinację doświadczalną stanowiło 125 siewek (25 roślin w 5 powtórzeniach). Do oprysku zastosowano po 100 mL ekstraktu na 25 roślin. Kontrolę (C) stanowiła sterylna woda. Po 14 dniach przeprowadzono ocenę aktywności katalazy i dehydrogenaz w glebie oraz analizę różnorodności funkcjonalnej mikroorganizmów glebowych stosując metody molekularne i test Biolog EcoPlates.

Największą aktywność katalazy zaobserwowano po oprysku 20% mieszaniną ekstraktów ($0,040 \text{ g H}_2\text{O}_2 \text{ g}^{-1} \text{ dm min}^{-1}$). Największą aktywność dehydrogenaz, różniącą się statystycznie od pozostałych kombinacji doświadczalnych, zaobserwowano w glebie kontrolnej ($139,82 \text{ ugTPF/g s.m. gleby/24h}$) oraz w glebie ryzosferowej roślin traktowanych 20% mieszaniną ekstraktów ($137,74 \text{ ugTPF/g s.m. gleba/24h}$). Największą aktywność użytkową badanych związków węgla zaobserwowano po 96 godzinach inkubacji. Spośród wszystkich grup związków badanych w teście Biolog EcoPlates najaktywniej wykorzystywane były węglowodany i kwasy karboksylowe, a najrzadziej aminy i amidy. Zależność ta utrzymywała się przez cały czas trwania doświadczenia, a różnice w wykorzystaniu grup związków dla poszczególnych kombinacji zmniejszały się z czasem w porównaniu z kontrolą. Najwyższym wykorzystaniem związków węgla przez mikroorganizmy charakteryzowała się gleba ryzosferowa siewek kontrolnych (C) i opryskiwanych 20% ekstraktem konopnym (H20), a najniższym gleba siewek opryskiwanych ekstraktami H10 i M10. Wskaźniki różnorodności funkcjonalnej gleby obliczono na podstawie wykorzystania 31 źródeł węgla. Gleby z próbek C (AWCD = 1,859) i M20 (AWCD = 1,851) charakteryzowały się najwyższymi wartościami AWCD wskazując na najwyższy poziom różnorodności funkcjonalnej w porównaniu z próbkami H10 i M10. Wskaźnik Shannona–Wienera (H') ujawnił istotne różnice pomiędzy badanymi próbkami gleby pod względem wykorzystania źródeł węgla. Analiza skupień wykazała, że próbki kontrolne C i M20 są najbardziej podobne pod względem właściwości mikrobiologicznych. Potencjał badanych ekstraktów roślinnych o właściwościach biobójczych/fitosanitarnych potwierdza korzystny wpływ tych ekstraktów na wzrost aktywności biologicznej gleby, co jest zjawiskiem odwrotnym do efektów stosowania nawozów, pestycydów i herbicydów w ramach rolnictwa intensywnego, powodujących degradację środowiska.

Plant extracts in the protection of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) seedlings and soil biological activity

Weronika Kursa¹, Agnieszka Jamiołkowska¹, Barbara Skwaryło-Bednarz¹, Anna Gałązka²

¹ *University of Life Sciences in Lublin, Department of Plant Protection, Lublin*

² *Institute of Soil Science and Plant Cultivation, State Research Institute, Department of Agriculture Microbiology, Pulawy*

weronika.kursa@up.lublin.pl

Soil biological activity is expressed by the intensification of life processes of soil organisms. The aim of this study was to evaluate the effect of selected plant extracts on the biological properties of the rhizosphere of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) cv. 'Venecja'. The study was carried out under phytotron conditions. Winter wheat seedlings were sprayed once with a mixture of plant extracts according to the following experimental combinations: hemp extracts at a concentration of 10% and 20% (H10 and H20) and a mixture of plant extracts (common sage, hemp, tansy) at a concentration of 10% and 20% (M10 and M20). The experimental combination consisted of 125 seedlings (25 plants in 5 replicates). For spraying, 100 ml of extract was applied per 25 plants. The control (C) was sterile water. After 14 days, soil catalase and dehydrogenases activities were assessed and the functional diversity of soil microorganisms was analysed using molecular methods and the Biolog EcoPlates test.

The highest catalase activity was observed after spraying with a 20% extract mixture (0.040g H₂O₂ g⁻¹ dm min⁻¹). The highest dehydrogenases activity, statistically different from the other experimental combinations, was observed in the control soil (139.82 ugTPF/g dm soil/24h) and in the rhizosphere soil of plants treated with 20% extract mixture (137.74 ugTPF/g dm soil/24h). The highest functional activity of the carbon compounds tested was observed after 96 hours of incubation. Of all the groups of compounds tested in the Biolog EcoPlates test, carbohydrates and carboxylic acids were the most active while amines and amides were the least. This relationship persisted throughout the experiment, with the differences in compound group utilization for individual combinations decreasing over time compared to the control. The highest utilization of carbon compounds by microorganisms was found in the rhizosphere soil of control seedlings (C) and those sprayed with 20% hemp extract (H20), and the lowest in the soil of seedlings sprayed with H10 and M10 extracts. Soil functional diversity indices were calculated based on the use of 31 carbon sources. Soils from samples C (AWCD = 1.859) and M20 (AWCD = 1.851) had the highest AWCD values, indicating the highest level of functional diversity compared to samples H10 and M10. The Shannon-Wiener index (H') showed significant differences between the soil samples in terms of carbon source utilization. Cluster analysis showed that control samples C and M20 were the most similar in terms of microbial properties. The potential of the tested plant extracts with biocidal/phytosanitary properties confirms the beneficial effect of these extracts in increasing soil biological activity, which is the opposite of the effects of the use of fertilizers, pesticides and herbicides in intensive agriculture, causing environmental degradation.

Aktywność wybranych elementów systemu antyoksydacyjnego w komórkach liści *Ulmus pumila* zainfekowanych przez *Thyrostroma ulmicola*

Anna Aleksiejewa¹, Emilia Gula², Marta Libik-Konieczny²

¹ Research Institute of Biology, Oles Honchar Dnipro National University, Dnipro, Ukraina

² Instytut Fizjologii Roślin im. Franciszka Górskiego, Polska Akademia Nauk, Kraków, Polska

ann.alekseeva21@gmail.com

W stepowych rejonach Ukrainy, ze względu na ubogi skład gatunkowy naturalnej dendroflory, do tworzenia sztucznych plantacji i kształtowania krajobrazów miejskich wykorzystywane są głównie gatunki drzew pochodzące z umiarkowanych stref Azji Wschodniej i Ameryki Północnej (Baranovski i in., 2016). Niektóre introdukowane gatunki wykazały duże zdolności adaptacyjne i możliwości przetrwania w warunkach klimatycznych ukraińskich stepów. Jednym z takich gatunków jest wiąz syberyjski (*Ulmus pumila* L.), szeroko stosowany na plantacjach miejskich w obwodzie Dniepropetrowskim w południowo-wschodniej Ukrainie. W ciągu ostatnich 15-20 lat ten wprowadzony gatunek wykazał cechy inwazyjności, co wskazuje na jego dobrą adaptację i stabilność na obszarach o wysokim stopniu przekształceń antropogenicznych (Lykholat i in., 2018). Jednak ostatnio odnotowano znaczące uszkodzenia *U. pumila* spowodowane przez fitopatogeniczny grzyb *Thyrostroma ulmicola*. Gatunek tego patogenu został wcześniej opisany przez Senwana i in. (2019) jako czynnik powodujący zmiany nowotworowe na gałęziach *U. pumila* rosnących na terenach Rosji. Rozwój tego grzyba często okazuje się katastrofalny dla dotkniętych drzew, prowadząc do charakterystycznych morfologicznych zmian korony drzew, tworząc nowotworowe narośla u podstawy martwych gałęzi oraz liczne nowe pędy z uśpionych pąków, które w większości obumierają w następnym roku.

Celem naszych badań było poznanie aktywności metabolicznej i mechanizmów adaptacyjnych *U. pumila* w odpowiedzi na infekcję *T. ulmicola* poprzez zbadanie zmian w aktywności układu antyoksydacyjnego. Przedmiotem naszych badań były liście zebrane w pełni okresu wegetacyjnego (sierpień 2023 r.) z drzew różniących się wiekiem i objawami rozwoju choroby grzybowej. Rośliny podzielono na siedem grup: I - do 10 lat (zdrowe), II - 10-20 lat (bez objawów chorobowych), III - 10-20 lat (z objawami chorobowymi), IV - 20-30 lat (z objawami chorobowymi), V - 30-40 lat (z objawami chorobowymi), VI - 40-50 lat (z objawami chorobowymi) i VII - 50-60 lat (z objawami chorobowymi). Wzrost strzępek grzybów wizualizowano za pomocą obrazowania fluorescencyjnego pod mikroskopem dwuokularowym. Całkowitą pojemność antyoksydacyjną i aktywność niektórych enzymów antyoksydacyjnych analizowano za pomocą metod spektrofotometrycznych oraz wizualizacji enzymów na żelach poliakrylamidowych po elektroforetycznym rozdzieleniu białek w warunkach natywnych.

Nie zaobserwowano objawów infekcji ani wzrostu strzępek grzyba na liściach najmłodszych roślin, natomiast u osobników w wieku 10-20 lat, stwierdzono obecność kielkujących zarodników, które powodowały wystąpienie objawów chorobowych u niektórych zainfekowanych drzew. W liściach starszych osobników strzępki grzyba penetrowały tkankę i wywoływały objawy chorobowe na gałęziach drzew. Rozwój infekcji korespondował z wyższą całkowitą pojemnością antyoksydacyjną w ekstraktach z badanych próbek. Wyniki enzymatycznej analizy antyoksydacyjnej wykazały spadek aktywności dysmutazy ponadtlenkowej (SOD) i katalaza (CAT), chociaż pojawiły się dodatkowe prążki aktywności izoform SOD. Z drugiej strony, całkowita aktywność peroksydazy (POD) wzrosła. Zaobserwowano pojawienie się dodatkowych prążków świadczących o indukcji aktywności dodatkowych izoform peroksydazy (POD), co prawdopodobnie wskazuje na ich rolę w indukowaniu mechanicznych mechanizmów obronnych, takich jak synteza ligniny, co może ograniczać rozprzestrzenianie się strzępek grzybów.

Nasze wstępne wyniki mogą wskazywać na ograniczenie aktywności metabolicznej w komórkach liści *U. pumila* pod wpływem infekcji *T. ulmicola*, a zsyntetyzowane metabolity są wykorzystywane do produkcji związków niezbędnych do zwalczania infekcji.

Activity of selected elements of the antioxidant system in the leaves of *Ulmus pumila* infected by *Thyrostroma ulmicola*

Anna Aleksieieva¹, Emilia Gula², Marta Libik-Konieczny²

¹ Research Institute of Biology, Oles Honchar Dnipro National University, Dnipro, Ukraine

² Franciszek Górski Institute of Plant Physiology, Polish Academy of Sciences, Krakow, Poland
ann.alekseeva21@gmail.com

Due to the poor species composition of the natural dendroflora in the steppe zone of Ukraine, numerous tree species, mainly from the temperate zones of East Asia and North America, have been utilized to create artificial plantations and shape urban landscapes (Baranovski et al., 2016). In recent decades, some introduced plant species have gained a survival advantage and resettled in the Ukrainian steppe. One such species is the Asian elm (*Ulmus pumila* L.), extensively used in urban plantations in the Dnieper steppe. Over the last 15-20 years, this introduced species has shown signs of becoming invasive, indicating its adaptation and stability in areas with a high degree of anthropogenic transformation (Lykholat et al., 2018). However, the occurrence of significant damage to *U. pumila* by the phytopathogenic fungus *Thyrostroma ulmicola* has recently occurred. This pathogen species has been previously described by Senwana et al. (2019) as a pathogen responsible for canker on twigs of *U. pumila* in Russia. The development of this fungus often proves disastrous for affected trees, leading to the death of most branches and creating a characteristic pathological crown appearance, including cancerous tumors at the base of dead branches and numerous new shoots from dormant buds, which mostly die the following year due to thyrostroma damage.

The aim of our research was to understand the metabolic activity and adaptation mechanisms of *U. pumila* in response to *T. ulmicola* infection by examining changes in the antioxidant system activity. The objects of our research were leaves collected during the full vegetative period (August 2023) from trees differing in age and symptoms of fungal disease development. Plants were divided into seven groups: I - up to 10 years (healthy), II - 10-20 years (without disease symptoms), III - 10-20 years (with disease symptoms), IV - 20-30 years (with disease symptoms), V - 30-40 years (with disease symptoms), VI - 40-50 years (with disease symptoms), and VII - 50-60 years (with disease symptoms). Fungal hyphae growth was visualized using fluorescence imaging under a binocular microscope. Total antioxidant capacity and the activity of certain antioxidant enzymes were analyzed using spectrophotometric methods and visualization of enzymes on polyacrylamide gels after electrophoretic separation of proteins in native conditions.

The fungal pathogen did not grow on the leaves of the youngest plants; however, it could grow on the leaves of plants aged 10-20 years, causing disease symptoms in some infected plants. In the leaves of older plants, fungal hyphae penetrated the leaf tissue and induced disease symptoms on the tree branches. The development of infection corresponded with higher total antioxidant capacity in extracts from the investigated samples. The results of enzymatic antioxidant analysis indicated a decrease in the activity of the main reactive oxygen species (ROS) scavenging enzymes, superoxide dismutase (SOD) and catalase (CAT), although additional SOD isoform bands appeared. On the other hand, total peroxidase activity increased, with additional bands of peroxidase (POX) isoforms, likely indicating their role in inducing mechanical defence mechanisms, such as lignin synthesis, which might limit the spread of fungal hyphae.

Our preliminary results suggest a limitation of metabolic activity in leaf cells under *T. ulmicola* infection, with already synthesised metabolites being utilized for the production of compounds necessary to combat the infection.

Zastosowanie podejścia metagenomicznego do analizy składów taksonomicznych mikroflory glebowej z pól ziemniaka sadzeniaka

Weronika Babińska-Wensierska^{1,2,3}, Agata Motyka-Pomagruk^{1,2}, Sandra Kobierska¹, Marco Fondi⁴, Alessio Mengoni⁴, Ewa Łojkowska^{1,2}

¹ Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

² Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowe, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

³ Pracownia Biochemii Fizycznej, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Gdański i Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

⁴ Laboratorium Genetyki Mikrobiologicznej, Wydział Biologii, Uniwersytet we Florencji, Florencja
weronika.babinska-wensierska@ug.edu.pl

Sektor rolniczy co roku odnotowuje straty w wysokości ponad 420 milionów dolarów z powodu obecności bakterii *Dickeya* spp. i *Pectobacterium* spp. na polach uprawnych. Od 1982 roku naukowcy podejrzewają, że występowanie niektórych bakterii glebowych może przyczyniać się do hamowania rozwoju objawów chorobowych na roślinach pomimo obecności danego patogena. W niniejszym badaniu oceniliśmy właściwości fizykochemiczne oraz skład bakteryjnej mikrobioty glebowej z dwóch pól, różniących się częstością występowania objawów chorobowych wywołanych przez bakterie z rodzajów *Dickeya* i *Pectobacterium*, na podstawie długoletnich obserwacji.

Większość z 13 badanych właściwości fizykochemicznych gleb z pól o niskiej i wysokiej częstości występowania czarnej nóżki i mokrej zgnilizny ziemniaków okazała się być podobna. Jednak stwierdzono cztery istotne różnice związane z zawartością Mg, Mn, węgla organicznego i substancji organicznych. Dzięki wykorzystaniu metod hodowlanych oraz z zakresu diagnostyki molekularnej zidentyfikowaliśmy 20 szczepów *Pectobacterium* spp. pochodzących z gleby pobranej z pola o wysokiej częstości występowania objawów chorobowych na ziemniaku. Ponadto, sekwencjonowanie amplikonów dla genów kodujących 16S rRNA wykazało różnice w składzie mikrobioty bakteryjnej między dwoma analizowanymi rodzajami gleby. Wykazano, że przedstawiciele rodzajów *Bacillus*, *Rummeliibacillus*, *Acidobacterium* i *Gaiella* występują znacznie liczniej w glebie pochodzącej z pola o niższej częstości występowania czarnej nóżki i mokrej zgnilizny.

Niniejsze studium przypadku po raz pierwszy ujawniało, że skład bakteryjnej mikrobioty glebowej różni się między dwoma polami wykazującymi zróżnicowany poziom objawów czarnej nóżki i mokrej zgnilizny.

The application of metagenomic approach for analyzing the taxonomic composition of soil microflora from seed potato fields

Weronika Babińska-Wensierska^{1,2,3}, Agata Motyka-Pomagruk^{1,2}, Sandra Kobierska¹, Marco Fondi⁴, Alessio Mengoni⁴, Ewa Łojkowska^{1,2}

¹ *Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Intercollegiate Faculty of Biotechnology, University of Gdańsk and Medical University of Gdańsk, Gdańsk*

² *Research and Development Laboratory, Intercollegiate Faculty of Biotechnology, University of Gdańsk and Medical University of Gdańsk, Gdańsk*

³ *Laboratory of Physical Biochemistry, Intercollegiate Faculty of Biotechnology, University of Gdańsk and Medical University of Gdańsk, Gdańsk*

⁴ *Laboratorio di Genetica Microbica, Department of Biology, University of Florence, Florence*
veronika.babinska-wensierska@ug.edu.pl

The global agriculture faces annual crop losses of over \$420 million due to the presence of *Dickeya* spp. and *Pectobacterium* spp. in the farmlands. Since 1982, scientists have suspected that the presence of certain soil bacteria may contribute to inhibiting the development of disease symptoms on plants despite the presence of a given pathogen. This study examines the physicochemical characteristics and taxonomic structure of bacterial communities of soil microbiota from two fields of varying levels of *Dickeya* spp. and *Pectobacterium* spp.-triggered infections, as observed over a long-term period.

Most of the 13 examined physicochemical properties of the soils collected from the fields of either low or high incidences of potato blackleg and soft rot diseases were found to be similar. However, there were four significant differences related to the contents of Mg, Mn, organic C, and organic matter. By conducting microbial cultures and applying molecular diagnostics tools, we identified 20 *Pectobacterium* spp. strains originating from the field of high disease incidence. However, 16S rRNA gene amplicon sequencing demonstrated differences in the composition of bacterial microbiota between the two analysed soil types. The representatives of the genera *Bacillus*, *Rummeliibacillus*, *Acidobacterium*, and *Gaiella* turned out to be more abundant in soil samples acquired from the field of lower incidences of diseases caused by infections with pectinolytic bacteria.

This case study revealed, for the first time, that the composition of soil bacterial microbiota differs between two fields of varying levels of soft rot and blackleg symptoms on potato plants.

Działanie nicieniobójcze grzybni wegetatywnej *Pleurotus ostreatus*

Ewa Moliszewska¹, Małgorzata Nabrdalik¹, Robert Nelke², Mirosław Nowakowski²

¹ Uniwersytet Opolski, Instytut Inżynierii Środowiska i Biotechnologii, Opole

² Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Państwowy Instytut Badawczy Oddział Bydgoszcz, Zakład Uprawy i Podstaw Hodowli Roślin Okopowych, Bydgoszcz

ewamoli@uni.opole.pl

Celem badań było ustalenie praktycznych warunków stosowania grzybni bocznika w warunkach prac hodowlanych (KHBC) oraz możliwości współdziałania grzybni z roślinami o uznanych właściwościach mątwikobójczych (rzodkiew oleista odm. Romesa, gorczyca biała mątwikobójcza odm. Bardena), a także samodzielnego stosowania grzybni w uprawie z burakiem. Do badań wytypowano namioty z wysokim poziomem zamątwiczenia gleby (ocena liczebności *Heterodera schachtii* wykonana w marcu 2023 r.). Jako grzybnię modelową wykorzystano grzybnię maceczną Po4 w postaci przerośniętej nią kostki słomy, stosowaną w dawce odpowiadającej ok. 18t/ha (12.04.2023). Doświadczenie przeprowadzono w 4 powtórzeniach na mikropoletkach w namiotach hodowlanych, o wymiarach 8×4 m. Na początku eksperymentu wykonano badanie liczebności populacji mątwika (Pi), następnie w trakcie badań po zejściu roślin oraz na koniec eksperymentu (Pf), co pozwoliło na ocenę efektywności zastosowanych działań poprzez porównanie tych wartości i obliczenie ich wzajemnego stosunku (Pf/Pi). Drugi raz grzybnię dodano do wybranych poletek w połowie sierpnia 2023.

Uprawa buraka cukrowego na stanowisku bez inokulacji grzybnią bocznika ostrygowatego skutkowała istotnym wzrostem liczebności populacji mątwika burakowego (o 96,5%), a w obecności *P. ostreatus*, odnotowano zmniejszenie populacji *H. schachtii* o 16,9%, podobnie jak w przypadku wariantu kontrolnego (czarny ugor bez grzybni) - spadek liczebności jaj i larw nicienia o 16,9%. Na stanowisku ugorowanym z grzybnią bocznika uzyskano spadek liczebności *H. schachtii* o 45,4%. Uprawa rzodkwi oleistej i gorzycy białej w plonie głównym na poletkach inokulowanych grzybnią *P. ostreatus* spowodowała istotnie najwyższą redukcję populacji *H. schachtii* w okresie od kwietnia do drugiej połowy lipca - odpowiednio o 43,6% oraz 34,1% oraz z uprawą gorzycy białej na stanowisku, na którym zastosowano podwójną inokulację tego grzyba - spadek liczebności mątwika burakowego o 38,9%. Jednocześnie w wariantach kontrolnych (rzodkiew i gorczyca bez grzybni bocznika) odnotowano spadek populacji badanego nicienia o 13,6% oraz 26,4%. Ponowne wniesienie grzybni po zbiorze roślin (13.07.2023 r.) wpłynęło nieznacznie na zmniejszenie liczebności *H. schachtii* na stanowisku, na którym uprawiana była gorczyca biała (dodatkowa redukcja o 1,5% w stosunku do pierwszego oznaczenia) oraz istotny spadek populacji analizowanego nicienia na stanowisku po zbiorze rzodkwi oleistej (o 19,4%) – kolejną ocenę przeprowadzono w październiku. Na stanowisku zasiedlonym grzybnią *P. ostreatus*, na którym nie wykonano dodatkowej inokulacji po zbiorze rzodkwi i gorzycy w lipcu, w październiku odnotowano dodatkowe zmniejszenie liczby żywych jaj i larw analizowanego agrofaga o odpowiednio 1,7 % oraz 11,7%. Ugorowanie stanowiska bez dodatku grzybni *P. ostreatus* skutkowało obniżeniem liczebności populacji *H. schachtii* o 9,2% w porównaniu do oznaczenia z 13.07.2023 r., z kolei na stanowisku zasiedlonym grzybnią odnotowano znaczącą redukcję liczby nicieni – o dodatkowe 34%.

Uprawa międzyplonowa rzodkwi oleistej i gorzycy białej na glebach inokulowanych grzybnią bocznika przyczyniła się do istotnego zmniejszenia liczebności populacji mątwika burakowego (odpowiednio o 48,6% i 51,7%). W wariantach kontrolnych odnotowano znaczący spadek populacji badanego nicienia w uprawie rzodkwi oleistej (o 38,7%) oraz nieznaczną redukcję liczby jaj i larw agrofaga na stanowiskach z gorzycą białą oraz czarnym ugiem (odpowiednio o 4,8% i 7,6%). Ugorowanie stanowisk zasiedlonych grzybnią *P. ostreatus* skutkowało istotną (o 36,9%) redukcją liczebności mątwika burakowego.

Jakość plonu buraka uzyskanego z uprawy z grzybnią i bez grzybni nie różniły się istotnie statystycznie. Nie wykazano negatywnego wpływu grzybni *P. ostreatus* na plonowanie i wartość przetwórczą korzeni buraka. Rośliny zebrane ze stanowisk zasiedlonych grzybem charakteryzowały się nieznacznie niższą zawartością melasotworów w porównaniu do wariantu kontrolnego.

The nematocidal activity of the vegetative mycelium of *Pleurotus ostreatus*

Ewa Moliszewska¹, Małgorzata Nabrdalik¹, Robert Nelke², Mirosław Nowakowski²

¹ University of Opole, Institute of Environmental Engineering and Biotechnology, Opole

² The Plant Breeding and Acclimatization Institute, National Research Institute, Bydgoszcz Division, Department of Cultivation and Breeding of Root Crops, Bydgoszcz
ewamoli@uni.opole.pl

The study aimed on determining the practical conditions for the use of oyster mushroom mycelium in the breeding practice of sugar beet company (KHBC) and the possibility of cooperation of the mycelium with plants with a recognized nematocidal properties (oil radish var. Romesa, white mustard var. Bardena), as well as the independent use of the mycelium in cultivation of sugar beet. The experiment was realized in breeding tents, on the soil with a high level of *H. schachtii* (population rated in March 2023). The mycelium of *Pleurotus ostreatus* Po4 was used as a model mycelium in the form of an overgrown straw cube. Such inoculum was used at a dose corresponding to approx. 18t/ha (the first application - 12.04.2023). The experiment was conducted in four replications on microplots (8×4 m) within the breeding tents. The mycelium was added to the selected plots for the second time in mid-August 2023. The number of the nematode cysts was counted at the beginning of the experiment (Pi) and at the end of the experiment (Pf), which allowed for the assessment of the effectiveness of the applied procedures for the nematode population reduction. The calculation of their mutual ratio (Pf/Pi) allowed to obtain the reduction level.

Sugar beet cultivation in a site without inoculation with oyster mushroom mycelium resulted in a significant increase in the population of beet cyst nematode (by 96.5%), however, in the presence of *P. ostreatus* - a 16.9% decrease in the population of *H. schachtii* was observed, similarly to the control variant (black fallow without mycelium) - a 16.9% decrease in the number of nematode eggs and larvae. In a fallow site with oyster mushroom mycelium, a 45.4% decrease in the number of *H. schachtii* was observed. The cultivation of oilseed radish and white mustard as the main crop on plots inoculated with *P. ostreatus* mycelium caused the highest reduction of *H. schachtii* population in the period from April to the second half of July - by 43.6% and 34.1%, respectively, and with the cultivation of white mustard on the site where double inoculation of this fungus was used - a decrease in the number of beet cyst nematodes by 38.9%. At the same time, in the control variants (radish and mustard without oyster mushroom mycelium) a decrease in the population of the nematode was noted by 13.6% and 26.4%. The reintroduction of mycelium after the harvest of plants (13/07/2023) slightly reduced the number of *H. schachtii* in the site where white mustard was grown (additional reduction by 1.5%) and a significant decrease in the nematode population in pots after the harvest of oilseed radish (by 19.4%) - the next assessment was carried out in October. In the site inhabited with *P. ostreatus* mycelium, where no additional inoculation was performed after the harvest of radish and mustard in July, an additional reduction in the number of live eggs and larvae of the analyzed pest was recorded in October by 1.7% and 11.7%, respectively. Following the site without the addition of *P. ostreatus* mycelium resulted in a 9.2% reduction in the *H. schachtii* population compared to the measurement from 13/07/2023, while in the variants treated with mycelium - a significant reduction in the number of nematodes was recorded - by an additional 34%.

Intercropping of oilseed radish and white mustard on soils inoculated with oyster mushroom mycelium contributed to a significant reduction in the population of beet cyst nematodes (by 48.6% and 51.7%, respectively). In the control variants, a significant decrease in the population of the tested nematode was noted in the oilseed radish cultivation (by 38.7%) and a slight reduction in the number of eggs and larvae of the pest in the sites with white mustard and black fallow (by 4.8% and 7.6%, respectively). Following the sites inhabited with *P. ostreatus* mycelium resulted in a significant (by 36.9%) reduction in the population of beet cyst nematodes.

The quality of the beet yield obtained from cultivation with and without mycelium did not differ statistically significantly. No negative effect of *P. ostreatus* mycelium on the yield and processing value of beet roots was demonstrated. Plants collected from sites infested with the fungus were characterized by a slightly lower content of molasses-forming substances compared to the control variant.

Czy rośliny uprawne mogą oddziaływać na aktywność bójczą grzybni wegetatywnej *Pleurotus ostreatus*?

Małgorzata Nabrdalik¹, Ewa Moliszewska¹, Robert Nelke², Mirosław Nowakowski²

¹ Uniwersytet Opolski, Instytut Inżynierii Środowiska i Biotechnologii, Opole

² Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Państwowy Instytut Badawczy Oddział Bydgoszcz, Zakład Uprawy i Podstaw Hodowli Roślin Okopowych, Bydgoszcz

mnabrdalik@uni.opole.pl

Rośliny nicieniobójcze są często wykorzystywane w ramach biologicznej kontroli szkodników buraka cukrowego. Działają one modyfikująco na cykl życiowy nicieni, co może pomóc w ograniczeniu populacji tych szkodników. Rośliny te mogą mieć również wpływ na mikrobiom gleby.

Celem przeprowadzonych badań była ocena możliwości bójczych grzybni bocznika ostrygowatego wobec nicieni w warunkach modyfikowanych przez rośliny nicieniobójcze. Przeprowadzono testy na podłożu zagaryzowanym oraz testy wazonowe. Wykorzystano 4 różne genotypy grzybni *Pleurotus ostreatus* (Po1-5dix27; Po2-15dix17; Po4-2dix1; Po4-14x17), których aktywność bójcą określono wobec nicieni modelowych *Caenorhabditis elegans* oraz *Heterodera schachtii*.

W testach na podłożu zagaryzowanym obserwowano zdolność grzybni do tworzenia wypustek toksynotwórczych, przerastanie cyst grzybnią oraz jej wpływ na ruchliwość nicieni w obecności eksudatów i nasion roślin nicieniobójczych (gorzycy białej i rzodkwi oleistej). Najlepsze parametry bójczy wyrażone osłabieniem ruchu *C. elegans* uzyskano dzięki działaniu wszystkich badanych grzybni *P. ostreatus* bez dodatkowego dozowania eksudatów korzeniowych bądź nasion gorzycy mątwikobójczej czy rzodkwi oleistej oraz grzybni Po4-2dix1 współdziałającej z nasionami rzodkwi. Jeśli wziąć pod uwagę badane rośliny to spośród nich na osłabienie aktywności ruchowej *H. schachtii* najlepiej oddziaływały eksudaty korzeniowe uzyskane z siewek rzodkwi.

W doświadczeniu wazonowym do gleby o znanej początkowej liczebności populacji *H. schachtii* dodano słomę, którą zainokulowano ziarnem jęczmienia przerośniętego grzybnią bocznika i wysiano rośliny nicieniobójcze. Po 90 dniach określono wpływ grzybni *P. ostreatus* na przyrost/ubytek jaj i larw mątwika. Na tej podstawie stwierdzono, że najskuteczniejszym działaniem mątwikobójczym charakteryzowały się genotypy Po4-14x17 i Po4-2dix1, a najskuteczniejszą z punktu widzenia fitosanitarnego okazała się inkubacja gleby z grzybnią bez uprawy roślin. Dla większości prób w glebie z uprawą gorzycy białej, inokulacja grzybnią *P. ostreatus* przyczyniła się do poprawy działania antymątwikowego w porównaniu do odpowiadających im wariantów kontrolnych.

Na podstawie przeprowadzonych badań stwierdzono zróżnicowanie pomiędzy analizowanymi genotypami bocznika w zakresie ich oddziaływania nicieniobójczego. Badane genotypy *P. ostreatus* charakteryzują się korzystnym oddziaływaniem fitosanitarnym w połączeniu z uprawą roślin nicieniobójczych wykorzystującymi tzw. mechanizm pułapkowy, co wskazuje na duży potencjał aplikacyjny w produkcji rolniczej.

Can crop plants influence the killing activity of the vegetative mycelium of *Pleurotus ostreatus*?

Małgorzata Nabrdalik¹, Ewa Moliszewska¹, Robert Nelke², Mirosław Nowakowski²

¹ University of Opole, Institute of Environmental Engineering and Biotechnology, Opole

² The Plant Breeding and Acclimatization Institute, National Research Institute, Bydgoszcz Division, Department of Cultivation and Breeding of Root Crops, Bydgoszcz
mnabrdalik@uni.opole.pl

Nematicidal plants are often used as a part of the biological control of sugar beet pests. They have a modifying effect on the life cycle of nematodes, which can help reduce these pest populations. These plants may also have an impact on the soil microbiome.

The aim of the research was to assess the killing potential of oyster mushroom mycelium against nematodes under conditions modified by nematicidal plants. Tests on agar medium and pot tests were performed. Four different genotypes of *Pleurotus ostreatus* mycelium were used (Po1-5dix27; Po2-15dix17; Po4-2dix1; Po4-14x17), whose killing activity was determined against the model nematodes *Caenorhabditis elegans* and *Heterodera schachtii*.

In tests on agar medium, the ability of the mycelium to form toxocysts, overgrowing of *H. schachtii* cysts with mycelium and its influence on the motility of nematodes *C. elegans* in the presence of exudates and seeds of nematicidal plants (white mustard and oilseed radish) were observed. The best killing parameters, expressed by the weakening of the movement of *C. elegans*, were obtained thanks to the action of all tested mycelia of *P. ostreatus* without additional dosing of root exudates or seeds of white mustard and oilseed radish, as well as Po4-2dix1 mycelium interacting with radish seeds. Taking into account the examined plants, root exudates obtained from radish seedlings had the best effect on weakening the movement activity of *H. schachtii*.

In a pot experiment, straw inoculated with barley grains overgrown with oyster mushroom mycelia, was added to the soil with a known initial population size of *H. schachtii*, and then nematicidal plants were sown. After 90 days, the influence of the mycelium of *P. ostreatus* on the growth/loss of cyst nematode eggs and larvae was determined. On this basis, it was concluded that the Po4-14x17 and Po4-2dix1 genotypes had the most efficient nematicidal effect, and the incubation of soil with mycelium without growing any plants was the most effective from the phytosanitary point of view. For most of the tests in the soil with white mustard cultivation, inoculation with *P. ostreatus* mycelium contributed to the improvement of the nematicidal activity compared to the corresponding control variants.

Based on the research, differences were found between the analyzed oyster mushroom genotypes in terms of their nematicidal effects. The tested *P. ostreatus* genotypes are characterized by a beneficial phytosanitary effect in combination with the cultivation of nematicidal plants using the so-called trap mechanism, which indicates great application potential in agricultural production.

Działalność i misja Kliniki Chorób Roślin Instytutu Ochrony Roślin -Państwowego Instytutu Badawczego w Poznaniu

Sylwia Stępniewska-Jarosz, Katarzyna Sadowska, Beata Hasiów-Jaroszewska

*Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Wirusologii i Bakteriologii –
Pracownia Kliniki Chorób Roślin i Banku Patogenów, Poznań*
s.jarosz@iorpib.poznan.pl

Klinika Chorób Roślin została powołana w marcu 2011 roku, jako jeden ze wskaźników projektu finansowanego z funduszy Unii Europejskiej (WND-POIG.02.01.00-30-069/09-01) „Modernizacja laboratoriów dla wzmocnienia innowacyjności badań w zakresie ochrony roślin i działań na rzecz gospodarki”. Projekt był realizowany w ramach: Działania 2.1 „Rozwój ośrodków o wysokim potencjale badawczym” Priorytet 2 „Infrastruktura sfery B+R”, Program Operacyjny Innowacyjna Gospodarka 2007-2013. To pierwsza jednostka w Polsce świadcząca usługi z zakresu wykrywania i identyfikacji sprawców chorób roślin – wirusów, grzybów, bakterii i fitoplazm, z zastosowaniem metody: biologicznej, serologicznej i molekularnej. Każda próbka jest traktowana indywidualnie biorąc pod uwagę obserwowane symptomów i wiedzę ekspertów. W razie potrzeby analiza obejmuje także występowanie nicieni i owadów. Klinika prowadzi także badania skuteczności działania środków do ograniczania występowania patogenów roślin w pomieszczeniach zamkniętych oraz środków do odkażania powierzchni i narzędzi. Jednostka działa komercyjnie na potrzeby służb fitosanitarnych, firm hodowlanych, doradców (Ośrodki Doradztwa Rolniczego), producentów roślin warzywnych, rolniczych, nasiennych i ozdobnych, producentów rozsady, firm sprzedających środki ochrony roślin oraz firm eksportujących towary za granicę (w tym na zlecenie Wojewódzkich Inspektoratów Ochrony Roślin i Nasiennictwa). Pomoc w znalezieniu przyczyny choroby udzielana jest także indywidualnym rolnikom i działkowcom.

W 2023 roku przeanalizowano 289 próbek dostarczonych przez 86 jednostek zewnętrznych. Działalność w 1 połowie 2024 roku koncentrowała się przede wszystkim na diagnostyce chorób zbóż powodowanych przez wirusy, w szczególności wirusa żółtej karłowatości jęczmienia (barley yellow dwarf virus, BYDV) i karłowatości pszenicy (wheat dwarf virus, WDV), które wystąpiły w całej Polsce na niespotykaną skalę. Klinika była jedyną jednostką pomagającą w identyfikacji tych wirusów oraz towarzyszących im grzybów patogenicznych. Większość z tegorocznych Zleceniodawców korzystało z usług Kliniki pierwszy raz.

Z roku na rok rośnie zapotrzebowanie na prowadzone w laboratorium Kliniki badania, szczególnie dla sektora prywatnego (rolnicy, ogrodnicy) na terenie całej Polski. Zdecydowanie najwięcej próbek badanych jest pod kątem występowania grzybów i lęgniowców – od początku 2024 roku do końca czerwca było ich 167. Diagnostykę chorób wirusowych przeprowadzono dla 64 próbek, a bakteryjnych – 24. Do połowy 2024 roku przeanalizowano już tyle próbek pod kątem grzybów i wirusów, ile w całym 2023 roku. Wysokie koszty produkcji roślin (w tym środków ochrony) i rosnąca świadomość wśród producentów dotycząca patogenów roślin i ich szkodliwości wpływa na wysokie zapotrzebowanie na usługi świadczone przez Klinikę. W najbliższych miesiącach planowane jest powiększenie portfola usług Kliniki o diagnostykę wody oraz ziemi.

Activities and mission of the Plant Diseases Clinic in the Plant Protection Institute - National Research Institute in Poznan

Sylwia Stepniewska-Jarosz, Katarzyna Sadowska, Beata Hasiów-Jaroszewska

*Institute of Plant Protection - National Research Institute, Department of Virology and Bacteriology
- Laboratory of the Plant Diseases Clinic and Pathogen Bank, Poznan*
s.jarosz@iorpib.poznan.pl

The Plant Diseases Clinic was established in March 2011 as a benchmark facility in the European Union funded project (WND-POIG.02.01.00-30-069/09-01) “Laboratory upgrades for better innovation in plant protection research and economy strengthening measures”. The project was implemented as part of Task 2.1 “Development of units with high research potential” Priority 2 “R&D Infrastructure”, Innovative Economy Operational Program 2007-2013. This is the first unit in Poland providing services in the field of detection and identification of viruses, fungi, bacteria and phytoplasmas using biological, serological and molecular biology methods. Each sample is individually treated taking into account the observed symptoms and experts' knowledge. If necessary, the analysis also includes the presence of nematodes and insects. Clinic also conducts research on the effectiveness of disinfectants on plant pathogens as well as equipment and work surfaces.

The unit works commercially for the needs of phytosanitary services, breeding companies, advisors (Agricultural Advisory Centers), producers of vegetable, agricultural, seed and ornamental plants, seedling producers, companies selling plant protection products and companies exporting goods abroad (including those ordered by the Voivodeship Plant Health and Seed Inspection Services). The Clinic offers also service and consultations for individual farmers and allotment gardeners.

In 2023, 289 samples provided by 86 units were analysed. In the first half of 2024 the Clinic activities were mainly focused on the diagnosis of cereal diseases caused by viruses, in particular barley yellow dwarf virus (BYDV) and wheat dwarf virus (WDV), which occurred throughout Poland at an uncommon scale. The Clinic was the only unit helping in identification of these viruses and the associated pathogenic fungi. Most customers used the Clinic services for the first time this year.

The demand for research conducted in the Clinic laboratory is growing every year, especially for the private sector (farmers, gardeners) throughout Poland. So far, the majority of the samples are tested for the presence of fungi and oomycetes – as much as 167 were analysed from January to July 2024. Diagnostics of viral diseases was carried out for 64 samples and bacterial ones – 24. By mid 2024, the Clinic analysed almost the same number of samples as it was done during the whole 2023. The high costs of plant production (including protection products) and the growing awareness among producers regarding plant pathogens and their harmful effects result in a high demand for the services provided by the Clinic. In the coming months, it is planned to expand the Clinic's service portfolio to include water and soil diagnostics.

Wpływ nanocząstek metali na ryzosferę i rozwój roślin uprawnych

Sebastian Wojciech Przemieniecki

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

sebastian.przemieniecki@uwm.edu.pl

Nanocząstki metali są szeroko wykorzystywane w różnych sektorach przemysłu, w tym w rolnictwie, gdzie pełnią funkcję biostymulatorów wzrostu roślin lub pestycydów. Mimo licznych badań toksykologicznych, długoterminowe skutki ekspozycji na te nanocząstki nie są w pełni zrozumiane. Istnieją sprzeczne doniesienia naukowe dotyczące efektywności i bezpieczeństwa stosowania różnych rodzajów nanocząstek, co wynika z ich właściwości, takich jak rozmiar, ładunek, tempo uwalniania jonów, rodzaj reduktora, pH roztworu itp.

Mikrobiom strefy korzeniowej roślin jest analogiczny do mikrobiomu jelitowego u zwierząt i odgrywa kluczową rolę w utrzymaniu homeostazy roślin, dystrybucji składników odżywczych, stymulacji systemu odpornościowego oraz zwalczaniu fitopatogenów. Czynniki biotyczne i abiotyczne, w tym aplikacja nanocząstek do gleby, mogą zmieniać strukturę taksonomiczną ryzobiomu, co prowadzi do różnych, często ekstremalnych skutków.

W niniejszej pracy naukowej zaprezentowano ocenę wpływu nanocząstek srebra i dwutlenku tytanu na strukturę i funkcjonowanie metabolizmu ryzobiomu pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L). Podstawą analizy były cechy prawidłowo funkcjonującego ryzobiomu oraz zmiany mikrobiomu w kierunku oligotrofii. Dane do analizy pochodziły z sekwencjonowania NGS, a zmiany potencjału metabolicznego mikrobiomów oceniano przy użyciu bioinformatycznej bazy danych MACADAM. Głównym narzędziem wizualizacji zmian była analiza współwystępowania, wykonana za pomocą algorytmu „Force Atlas 2” w programie Gephi 4.

Wyniki badań wskazały, że nanocząstki TiO_2 o średnim rozmiarze około 70 nm są optymalne dla rearanżacji ryzobiomu i oddziałują korzystnie na funkcjonowanie ryzosfery. W przypadku srebra nanocząstki Ag o ładunku ujemnym mają niekorzystny wpływ na funkcjonowanie mikrobioty korzeniowej wypierając cenne taksony promujące wzrost roślin i zwiększające liczebność nieryzosferowych autotrofów. Te wyniki były skorelowane z plonowaniem i zdrowotnością pszenicy w długoterminowej perspektywie.

The impact of metal nanoparticles on the rhizosphere and crop development

Sebastian Wojciech Przemieniecki

University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Department of Entomology, Phytopathology and Molecular Diagnostics, Olsztyn

sebastian.przemieniecki@uwm.edu.pl

Metal nanoparticles are widely utilized in various industrial sectors, including agriculture, where they function as growth biostimulants or pesticides. Despite numerous toxicological studies, the long-term effects of exposure to these nanoparticles are not fully understood. There are conflicting scientific reports regarding the effectiveness and safety of different types of nanoparticles, which is attributed to their properties, such as size, charge, ion release rate, type of reducer, solution pH, etc.

The microbiome of the plant root zone is analogous to the gut microbiome in animals and plays a crucial role in maintaining plant homeostasis, nutrient distribution, immune system stimulation, and controlling phytopathogens. Biotic and abiotic factors, including the application of nanoparticles to the soil, can alter the taxonomic structure of the rhizobiome, leading to various, often extreme, effects.

This scientific study presents an assessment of the impact of silver and titanium dioxide nanoparticles on the structure and metabolic functions of the rhizobiome of common wheat (*Triticum aestivum* L). The basis of the analysis was the characteristics of a properly functioning rhizobiome and the changes in the microbiome towards oligotrophy. The data for analysis came from NGS sequencing, and the changes in the metabolic potential of microbiomes were assessed using the bioinformatics database MACADAM. The main tool for visualizing the changes was co-occurrence analysis, performed using the "Force Atlas 2" algorithm in the Gephi 4 program.

The research results indicated that TiO₂ nanoparticles with an average size of approximately 70 nm are optimal for rhizobiome rearrangement and positively affect rhizosphere functioning. In the case of silver, negatively charged Ag nanoparticles have an adverse impact on root microbiota by displacing valuable taxa that promote plant growth and increasing the abundance of non-rhizosphere autotrophs. These findings were correlated with the long-term yield and health of the wheat.

Wpływ wybranych preparatów na zdrowotność i plon papryki uprawianej pod osłonami

Jacek Nawrocki, Stanisław Mazur

Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Katedra Botaniki, Fizjologii i Ochrony Roślin, Kraków
jacek.nawrocki@urk.edu.pl

Badania wykonano w 2023 r. na papryce odmiany ‘Yecla F1’, uprawianej w tunelu foliowym firmy „Farmer”, w Stacji Doświadczalnej Katedry Ogrodnictwa Uniwersytetu Rolniczego w Krakowie, w Mydlnikach. Kombinacje stanowiły: Miligard (nawóz fosforo-potasowy) w stężeniu 0,5%, Miligard wraz z adiuwantem Silbe - 0,1%, Miligard wraz z adiuwantem Degesil - 0,1%, SE 25 (nawóz fosforo-potasowy z dodatkiem substancji organicznych) – 0,5%, SE 25 – 0,65%, Megis (stymulator wzrostu roślin z krzemem i mikroelementami) – 0,1%, Amistar 250 SC (azoksystrobina) – 0,1% oraz kontrola – rośliny nieopryskiwane. Terminy zabiegów wynikały z aktualnych wskazań monitoringu i sygnalizacji. Analizy zdrowotności liści i owoców oparto na 6-stopniowej skali. Przeprowadzono pomiary względnej zawartości chlorofilu w liściach przy pomocy urządzenia SPAD Konica Minolta.

W ciągu całego sezonu wegetacji w uprawie papryki w tunelu nasilenie objawów szarej pleśni na liściach i pędach było niewielkie, zwiększyło się dopiero pod koniec lipca. Podczas analiz w lipcu oraz we wrześniu wszystkie testowane preparaty, oprócz stymulatora Megis, skutecznie ograniczały rozwój sprawcy oraz objawów szarej pleśni w porównaniu do roślin kontrolnych. W sierpniu nieskuteczne w ochronie przed *Botrytis cinerea* okazały się obok Megis także nawozy: Miligard z Degesilem oraz SE 25 w wyższym stężeniu. Podczas ostatnich, październikowych analiz wszystkie testowane preparaty skutecznie ograniczały rozwój sprawcy szarej pleśni na roślinach w porównaniu do kontroli. Rezultaty analiz zdrowotności owoców wskazują, że porażenie papryki przez *B. cinerea* w ciągu całego sezonu wegetacyjnego nie było duże, infekcje wiązały się głównie z uszkodzeniami mechanicznymi skórki owoców. Wszystkie testowane preparaty skutecznie ograniczały infekcje owoców przez *B. cinerea* w porównaniu do roślin niechronionych.

Objawy porażenia papryki przez *Alternaria* spp. i *Cladosporium* spp. obserwowano przede wszystkim na owocach z plamami oparzeliny, jak i uszkodzonych mechanicznie. Nasilenie infekcji papryki tymi grzybami było niewielkie, najwięcej porażonych owoców było w kontroli. Podczas analiz nie stwierdzono istotnego wpływu zastosowanych preparatów na ograniczenie występowania obu rodzajów grzybów na owocach. Wyniki pomiarów względnej zawartości chlorofilu w liściach papryki nie wykazały, że zastosowane środki istotnie wpłynęły na podwyższenie tego parametru w liściach. Jednak większość testowanych preparatów miało korzystny wpływ, zwiększając zawartość chlorofilu w liściach, najwyższe wartości były w kombinacji z nawozem Miligard.

Pracę wykonano w ramach badań zamawianych, finansowanych przez ICB Pharma Jaworzno.

Influence of selected preparations on the health and yield of pepper grown under covers

Jacek Nawrocki, Stanisław Mazur

University of Agriculture in Krakow, Department of Botany, Physiology and Plant, Kraków
jacek.nawrocki@urk.edu.pl

The research was carried out in 2023 on peppers of the 'Yecla F1' cultivar, grown in a foil tunnel of the 'Farmer' company, at the Experimental Station of the Department of Horticulture of the Agricultural University of Krakow, in Mydlniki. The combinations were: Miligard (phosphorus-potassium fertiliser) at a concentration of 0.5%, Miligard together with Silbe adjuvant - 0.1%, Miligard together with Degesil adjuvant - 0.1%, SE 25 (phosphorus-potassium fertiliser with organic matter) - 0, 5%, SE 25 - 0.65%, Megis (plant growth stimulator with silicon and micronutrients) - 0.1%, Amistar 250 SC (azoxystrobin) - 0.1% and control - unsprayed plants. The timing of treatments was based on current monitoring and signalling indications. Analyses of leaf and fruit health were based on a six-point scale. The relative chlorophyll content of the leaves was measured using a Konica Minolta SPAD.

During the entire growing season in pepper cultivation in the tunnel, the intensity of grey mould symptoms on leaves and shoots was low, increasing only at the end of July. During analyses in July and September, all tested preparations, except for the stimulator Megis, were effective in reducing the development of the perpetrator and grey mould symptoms compared to control plants. In August, apart from Megis, fertilisers proved to be ineffective in protecting against *Botrytis cinerea*: Miligard with Degesil and SE 25 at a higher concentration. During the final analyses in October, all tested preparations were effective in limiting the development of the grey mould perpetrator on the plants compared to the control. The results of the fruit health analyses indicate that the infestation of peppers by *B. cinerea* throughout the growing season was not high, the infections being mainly associated with mechanical damage to the fruit skin. All tested preparations were effective in reducing fruit infection by *B. cinerea* compared to unprotected plants.

Symptoms of infestation of peppers by *Alternaria* spp. and *Cladosporium* spp. were observed mainly on fruit with scald patches as well as mechanically damaged fruit. The severity of pepper infection by these fungi was low, with the highest number of infected fruit in the control. During the analyses, there was no significant effect of the applied preparations on the reduction of both types of fungi on the fruit. The results of measuring the relative chlorophyll content of pepper leaves did not show that the applied preparations significantly increased this parameter in the leaves. However, most of the tested preparations had a beneficial effect by increasing the chlorophyll content in the leaves, the highest values being in combination with Miligard fertiliser.

The work was carried out as part of a commissioned study funded by ICB Pharma Jaworzno.

Świat mikrobiomów roślinnych - biomarkery istotne dla zrównoważonej produkcji i zdrowotności agroekosystemów

Magdalena Frac, Dominika Siegieda, Jacek Panek

Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, Lublin

m.frac@ipan.lublin.pl

Obszary badawcze związane z charakterystyką jakości środowiska rolniczego oraz opracowaniem rozwiązań biotechnologicznych dla zrównoważonego i ekologicznego rolnictwa wpisują się w założenia kluczowych dokumentów strategicznych UE, w tym Strategii na rzecz Bioróżnorodności do 2030 roku, kierunki przyszłej polityki w zakresie badań naukowych i innowacji w Europie, są w pełni spójne z działaniami programu Horyzont Europa, w tym z misją „*Troska o gleby to troska o życie*” w ramach obszaru badawczego ukierunkowanego na zdrowe gleby i żywność, a także są zgodne z celami koncepcji rolnictwa regeneracyjnego, obejmującymi m.in. przywrócenie zdrowia gleb oraz odbudowę bioróżnorodności.

Jednym z ważniejszych czynników, które mogłyby wpłynąć na poprawę bioróżnorodności gleb i ich produktywność jest opracowanie i stosowanie nawozów biologicznych i biopreparatów na bazie mikroorganizmów, a także bakterii wiążących azot atmosferyczny i nowoczesnych nawozów mineralnych zapewniających większe bezpieczeństwo środowiskowe. Tego typu rozwiązania, pomimo wielu badań oraz dynamicznego rozwoju w ciągu ostatnich lat, wciąż stanowią wyzwanie i wymagają badań podstawowych z zakresu charakterystyki właściwości mikroorganizmów oraz badań stosowanych związanych z formulacją i aplikacją bioproduktów i nawozów w rolnictwie, a także poznaniem ich właściwości i oceną oddziaływania na środowisko. Należy również podkreślić potrzebę budowy świadomości społeczeństwa w kontekście znaczenia bioróżnorodności mikrobiologicznej gleb oraz funkcji holobiontów roślinnych.

Ważnym wyzwaniem dla globalnego sektora żywnościowego oraz rolnictwa i ogrodnictwa jest zrozumienie czym są mikroorganizmy glebowe i roślinne, jako zintegrowana społeczność oraz jak ona funkcjonuje w środowisku, czyli wyjaśnienie funkcjonalnych aspektów bioróżnorodności gleby i roślin oraz zaproponowanie biomarkerów istotnych dla oceny zdrowia agroekosystemów. Rozpoznanie mikrobiologicznej bioróżnorodności gleb i roślin w szerszym kontekście, z uwzględnieniem postrzegania ich jako metaorganizmu współistniejącego z mikroorganizmami, zwanego holobiontem, stanowi ważną i nową problematykę badawczą dla rolnictwa i ogrodnictwa. Poznanie mikrobiomów występujących w ekosystemach rolniczych, ich funkcji oraz interakcji, a także relacji z roślinami należy do ważniejszych wyzwań i kierunków badawczych związanych z jakością środowiska oraz opracowaniem i testowaniem zrównoważonych strategii hodowlanych i produkcyjnych dla rolnictwa.

W ramach realizacji projektu powstanie mobilna aplikacja na telefon (HoloBIOme), która będzie obejmowała wyniki analiz mikrobiomu bakteryjnego i grzybowego ryzosfery oraz materiału roślinnego co najmniej 70 gatunków roślin.

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.

The world of plant microbiomes - biomarkers important for sustainable production and health of agroecosystems

Magdalena Frać, Dominika Siegieda, Jacek Panek

Institute of Agrophysics, Polish Academy of Sciences, Lublin

m.frac@ipan.lublin.pl

Research areas related to the characterization of the quality of the agricultural environment and the development of biotechnological solutions for sustainable and organic agriculture are consistent with the assumptions of key EU strategic documents, including the Biodiversity Strategy until 2030, the directions of future research and innovation policy in Europe, are in fully consistent with the activities of the Horizon Europe program, including the mission "*Caring for soil is caring for life*" within the field focused on healthy soils and food, and are also consistent with the objectives of the concept of regenerative agriculture, including, among others, restoring soil health and rebuilding biodiversity.

One of the most important factors that could improve soil biodiversity and productivity is the development and use of biological fertilizers and biopreparations based on microorganisms, as well as bacteria that fix atmospheric nitrogen and modern mineral fertilizers ensuring greater environmental safety. These types of solutions, despite many studies and dynamic development in recent years, still pose a challenge and require basic research in the field of characterization of the properties of microorganisms and applied research related to the formulation and application of bioproducts and fertilizers in agriculture, as well as understanding their properties and assessing the impact on environment. The need to build public awareness of the importance of soil microbiological biodiversity and the functions of plant holobionts should also be emphasized.

An important challenge for the global food, agriculture and horticulture sector is to understand what soil and plant microorganisms are as an integrated community and how they function in the environment, i.e. explaining the functional aspects of soil and plant biodiversity and proposing biomarkers important for assessing the health of agroecosystems. Recognition of the microbiological biodiversity of soils and plants in a broader context, including the perception of them as a metaorganism coexisting with microorganisms, called a holobiont, is an important and new research issue for agriculture and horticulture. Understanding the microbiomes found in agricultural ecosystems, their functions and interactions, as well as relationships with plants is one of the most important challenges and research directions related to environmental quality and the development and testing of sustainable breeding and production strategies for agriculture.

As part of the project, a mobile application (HoloBIOME) will be created, which will include the results of analyzes of the bacterial and fungal microbiome of the rhizosphere and plant material of at least 70 plant species.

Publication co-financed from the state budget under the program of the Minister of Education and Science (currently the Minister of Science and Higher Education) called "Science for Society II" project no. NdS-II/SP/0263/2024/01 total co-financing amount 1 000 000 PLN project value 1 000 000 PLN.

Charakterystyka grzybów z rodzaju *Pestalotia* jako fitopatogenów

Joanna Barton, Maciej Lipiński

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Ochrony Roślin, Studenckie Koło Naukowe Medyków Roślin "Armillaria"

124140@student.upwr.edu.pl

Grzyby z rodzaju *Pestalotia* (*Pestalotiopsis*) należące do rzędu *Ascomycota* (workowce) występują głównie w rejonach tropikalnych gdzie stanowią pasożyty fakultatywne wielu roślin uprawnych takich jak truskawki, pomidory, mango oraz wielu roślin ozdobnych m.in. azalii, rododendronów, cyprysików i roślin iglastych. Rodzaj ten po raz pierwszy został opisany na winorośli we Włoszech. Obecność grzybów z tego rodzaju, stwierdzono także m. in. w Polsce, Stanach Zjednoczonych, Hiszpanii, Portugalii, Francji i w Chinach. Razem z ociepleniem klimatu i zwiększeniem globalizacji oraz transportu międzynarodowego powiększa się zasięg występowania oraz szkodliwość grzybów należących do tego rodzaju. Objawami chorób tworzonych przez grzyby z rodzaju *Pestalotia* są nekrotyczne plamy na liściach, zamierania, oraz gnicie zebranych owoców. Grzyby te tworzą acerwulusy, wewnątrz których powstają charakterystyczne zarodniki konidialne. Konidia są wrzecionowate, składają się z kilku zabarwionych komórek (3-6), z krańcowych komórek wyrastają setule, u góry zarodnika jedna, u dołu 2-4. Wiele z gatunków tego rodzaju nie zostało jeszcze oznaczone w Polsce i może stanowić potencjalne zagrożenie dla roślin uprawnych i ozdobnych, zwiększa się też znaczenie tych gatunków, które już w kraju występują.

W ramach działalności Studenckiego Koła Naukowego, udało nam się wyizolować dwa grzyby z tego z kaptownicy (*Sarracenia* sp. L.), gdzie były one prawdopodobnie patogenami wtórnymi. Podjęto również próby oznaczenia ich do gatunku na podstawie cech morfologicznych.

Celem pracy jest przedstawienie tego rodzaju jako patogenów roślin jego szkodliwość oraz gatunków, które mogą stanowić potencjalne zagrożenie dla różnych roślin ze względu na poszerzający się obszar występowania w świetle globalizacji i zmian klimatu.

Characterization of fungi of the *Pestalotia* genus as phytopathogens

Joanna Barton, Maciej Lipiński

University of Environmental and Life Sciences in Wrocław, Department of Plant Protection, Student Scientific Club of Plant Medics "Armillaria"

124140@student.upwr.edu.pl

Fungi of the genus *Pestalotia* (*Pestalotiopsis*) belonging to the order *Ascomycota* are mainly found in tropical regions where they act as facultative parasites on many cultivated plants such as strawberries, tomatoes, mangoes, and many ornamental plants including azaleas, rhododendrons, cypresses, and conifers. This genus was first described on grapevines in Italy. The presence of fungi from this genus has also been recorded in Poland, the United States, Spain, Portugal, France, and China. With climate warming and increased globalization and international transport, the range and harmfulness of fungi belonging to this genus are expanding. Symptoms of diseases caused by fungi of the genus *Pestalotia* include necrotic spots on leaves, wilting, and rotting of harvested fruits. These fungi form acervuli, within which characteristic conidial spores are produced. The conidia are spindle-shaped, composed of several pigmented cells (3-6), with setae emerging from the end cells, one at the top and 2-4 at the bottom of the spore. Many species of this genus have not yet been identified in Poland and may pose a potential threat to cultivated and ornamental plants.

As part of the activities of the Student Scientific Circle, we managed to isolate two fungi of this genus from the pitcher plant (*Sarracenia sp. L.*), where they were likely secondary pathogens. Attempts were also made to identify them to the species level based on morphological characteristics.

The aim of this study is to present this genus as plant pathogens, their harmfulness, and the species that may pose a potential threat to various plants due to the expanding area of occurrence in the context of globalization and climate change.

Najważniejsze zagrożenia dla roślin doniczkowych

Damian Hajdamowicz, Joanna Barton

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Ochrony Roślin, Studenckie Koło Naukowe Medyków Roślin „Armillaria”

damianhajdamowicz3@gmail.com

Roślinami doniczkowymi nazywamy rośliny ozdobne uprawiane w pomieszczeniach, najczęściej są to rośliny obcego pochodzenia. Są one trzymane przez człowieka dla walorów estetycznych, jako dekoracja pomieszczeń. Pochodzące z różnych, często odległych regionów świata rośliny są narażone na występujące w Polsce patogeny i charakteryzują się zróżnicowaną odpornością na występujące w naszym kraju choroby. Przez wzrost zainteresowania posiadaniem roślin doniczkowych przez ludzi coraz więcej mówi się o zwalczaniu chorób u roślin doniczkowych, oraz obronie przed ich wystąpieniem.

W ramach Studenckiego Koła Naukowego zebraliśmy próbki z widocznie chorych roślin doniczkowych w budynkach uniwersytetu, a następnie z zarażonych tkanek wizowaliśmy grzyby z rodzajów: *Fusarium*, *Monochaetia* i *Chaetomium*. Są to popularne grzyby wywołujące choroby roślin. Atakują one nie tylko rośliny doniczkowe, ale też rośliny uprawne i ozdobne.

Celem pracy była identyfikacja grzybów wywołujących choroby u roślin doniczkowych oraz popularyzacja wiedzy na temat prawidłowego zajmowania się roślinami w naszych domach.

The main threats to potted plants

Damian Hajdamowicz, Joanna Barton

Wrocław University of Environmental and Life Sciences, Department of Plant Protection, Student Scientific Club of Plant Medics "Armillaria"

damianhajdamowicz3@gmail.com

Potted plants are decorative plants grown indoors, often of foreign origin. They are kept by people for their aesthetic value, as decoration for rooms. Originating from various, often distant regions of the world, these plants are exposed to pathogens present in Poland and exhibit varying resistance to diseases occurring in our country. With the increasing interest in owning potted plants, there is growing discussion about combating diseases in potted plants and preventing their occurrence.

As part of the Student Scientific Club we collected samples from visibly diseased potted plants in university buildings. From the infected tissues, we isolated fungi from the genera: *Fusarium*, *Monochaetia* and *Chaetomium*. These are common fungi causing plant diseases. They attack not only potted plants but also cultivated and ornamental plants.

The aim of this study was to identify the fungi causing diseases in potted plants and to popularize knowledge about the proper care of plants in our homes.

Grzyby z rodzaju *Monochaetia* jako patogeny roślin - charakterystyka

Maciej Lipiński, Joanna Barton

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Ochrony Roślin, Studenckie Koło Naukowe Medyków Roślin "Armillaria"

124123@student.upwr.edu.pl

Grzyby z rodzaju *Monochaetia* należą do rzędu *Ascomycota*. Występowanie przedstawicieli tego rodzaju jest notowane głównie na półkuli północnej, zarówno w Azji, Ameryce, jak i w Europie i północnej części Afryki. Najwięcej doniesień występuje w Chinach, Indii i Korei, gdzie powodują straty w uprawach między innymi kasztanowca chińskiego, herbaty chińskiej, ostrokrzewu, marchwi zwyczajnej i czosnku zwyczajnego. Fitopatogeny te pojawiają się także w Meksyku, USA, Algierii, Francji, Wielkiej Brytanii, oraz w Polsce.

Grzyby te są pasożytami fakultatywnymi, ich obecność jednak nie kończy się wśród upraw roślin jadalnych, gdyż atakują także rośliny ozdobne takie jak różaneczniki, kamelie, oraz drzewa, zwłaszcza z rodzaju *Fagaceae*, między innymi dęby.

Objawami wywoływanymi przez grzyby z rodzaju *Monochaetia* są nekrotyczne plamistości liści pod postacią koncentrycznych plam, zwykle o brązowym, bądź popielatym zabarwieniu o ostrych krawędziach. Szeroka lista potencjalnych żywicieli, w tym występowanie na dębach i kasztanowcach, możliwość saprotroficznego trybu życia, ocieplenie klimatu sprzyjające rozwojowi grzybów i zwiększający się ich zakres występowania stawia nasze parki oraz ogrody i część roślin uprawnych w świetle zagrożenia przed fitopatogenami, spośród których tylko mała część została do tej pory opisana.

Celem pracy jest przedstawienie przykładowych gatunków z rodzaju *Monochaetia* jako patogenów roślin, a także poszerzającego się obszaru występowania w świetle globalizacji i zmian klimatu.

Fungi of the genus *Monochaetia* as plant pathogens - characteristics

Maciej Lipiński, Joanna Barton

University of Environmental and Life Sciences in Wrocław, Department of Plant Protection, Student Scientific Club of Plant Medics "Armillaria"

124123@student.upwr.edu.pl

Fungi of the genus *Monochaetia* belong to the order *Ascomycota*. The occurrence of representatives of this genus is reported mostly in the northern hemisphere, both in Asia, America, as well as in Europe and the northern part of Africa. Most are reported in China, India and Korea, where they cause crop losses in Chinese chestnut, Chinese tea, holly, carrot and garlic, among others, although these phytopathogens also appear in Mexico, United States of America, Algeria, France, the United Kingdom and Poland.

These fungi are facultative parasites, but their presence does not end among food crops, as they also attack ornamental plants such as rhododendrons and camellias, as well as trees, especially those of the genus *Fagaceae*, including oaks and chestnuts.

The symptoms caused by fungi of the genus *Monochaetia* are necrotic leaf spots in the form of concentric spots, usually brown or ashen in color with sharp edges. The wide list of potential hosts, the occurrence on oaks and chestnut trees, the possibility of a saprotrophic lifestyle, a warming climate favorable to the fungi and their increasing range of occurrence puts our parks, gardens and some of the crops in the light of the threat against phytopathogens, only a small part of which has been described so far.

The purpose of this paper is to present examples of species from genus *Monochaetia* as plant pathogens, as well as the expanding area of occurrence in light of globalization and climate change.

***Pestalotia clavispora* jako nowe zagrożenie dla truskawek w Polsce**

Krystian Sobiak

Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Ochrony Roślin, Studenckie Koło Naukowe Medyków Roślin "Armillaria"

124144@student.upwr.edu.pl

Pestalotia clavispora to grzyb z rodzaju *Pestalotia* (*Pestalotiopsis*) należący do rodziny *Sporocadaceae* i rzędu *Ascomycota* (*workowce*). Gatunek ten po raz pierwszy na truskawkach został zaobserwowany na Florydzie już w 1972 roku, początkowo jednak nie stanowił większego problemu, i uważany był raczej za słaby i wtórny patogen truskawki. Pierwsze doniesienia w Europie pojawiły się w 2013 roku i były związane z wybuchem epidemii na komercyjnych plantacjach truskawki w Hiszpanii gdzie prawdopodobnie został przeniesiony z sadzonkami truskawek sprowadzonymi z Holandii. W 2018 roku na Florydzie również wybuchła epidemia spowodowana tym grzybem na kolejnych plantacjach truskawek, w tym samym roku po raz pierwszy został stwierdzony również w Polsce ale niestety szybko stał się powszechnie występującym patogenem z którym od 2021 roku problem narasta. Oprócz truskawek może infekować również inne rośliny uprawne jak m.in. borówka amerykańska, malina lub awokado. W przypadku truskawki powoduje on zgniliznę korzeni i korony ale także gnilne, nekrotyczne plamy na owocach i liściach, gdzie mogą pojawiać się skupiska zarodników. W praktyce objawy są łudząco podobne do tych powodowanych przez *Phytophthora cactorum* i mogą być nie do odróżnienia „gołym okiem”. Jako, że truskawka w Polsce jest jedną z najpopularniejszych uprawianych roślin jagodowych, ze względu na trudności w rozpoznaniu objawów i postępujące zmiany klimatyczne może stanowić coraz większe zagrożenie dla Polskich plantacji truskawek.

Celem pracy jest przedstawienie gatunku patogenicznego grzyba, który stanowi nowe i coraz większe zagrożenie dla plantacji jednego z najpopularniejszych Polskich owoców jakim są truskawki.

***Pestalotia clavispora* as a new threat to strawberries in Poland**

Krystian Sobiak

University of Environmental and Life Sciences in Wrocław, Department of Plant Protection, Student Scientific Club of Plant Medics "Armillaria"

124144@student.upwr.edu.pl

Pestalotia clavispora is a fungus from the genus *Pestalotia* (*Pestalotiopsis*), belonging to the family *Sporocadaceae* and the order *Ascomycota*. This species was first observed on strawberries in Florida in 1972. Initially, it did not pose a significant problem and was considered a weak and secondary pathogen of strawberries. The first reports in Europe appeared in 2013 and were associated with an outbreak on commercial strawberry plantations in Spain, where it was likely introduced with strawberry seedlings imported from the Netherlands. In 2018, another outbreak caused by this fungus occurred on strawberry plantations in Florida. The same year, it was reported in Poland for the first time, and unfortunately, it quickly became a commonly occurring pathogen with increasing problems since 2021. Besides strawberries, it can also infect other crops such as blueberries, raspberries, and avocados. In strawberries, it causes root and crown rot, as well as necrotic spots on fruits and leaves, where spore clusters may appear. In practice, the symptoms are deceptively similar to those caused by *Phytophthora cactorum* and may be indistinguishable to the naked eye. Since strawberries are one of the most popular berry crops in Poland, the difficulty in recognizing symptoms and the progressing climate changes could pose an increasing threat to Polish strawberry plantations.

The aim of this work is to present the species of pathogenic fungus that poses a new and growing threat to plantations of one of the most popular Polish fruits, strawberries.

Wpływ stosowania środków grzybobójczych na symbiozę soi z ryzobią w kontekście współczesnych zmian klimatycznych wywołanych suszą

Tetiana Nyzhnyk^{1,2}, Edyta Kiedrzyńska^{2,3}

¹ Instytut Fizjologii i Genetyki Roślin Narodowej Akademii Nauk Ukrainy, Zakład Symbiotycznego Wiązania Azotu, Kijów, Ukraina

² Europejskie Regionalne Centrum Ekohydrologii PAN, Łódź, Polska

³ Uniwersytet Łódzki, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Katedra UNESCO Ekohydrologii i Ekologii Stosowanej, Łódź

t_mamenko@ukr.net

Obecnie, strategicznie ważną kwestią jest uzyskanie wysokich i stabilnych plonów poprzez stworzenie optymalnych technologii uprawy roślin. Rośliny strączkowe są kluczowym składnikiem żywności i odnawialnym surowcem wykorzystywanym do celów przemysłowych i energetycznych. O ich wysokiej produktywności, w dużej mierze decyduje złożony wpływ czynników zewnętrznych, wśród których główną rolę odgrywają zmiany klimatyczne, rozprzestrzenianie się fitochorób i zanieczyszczenie środowiska środkami agrochemicznymi. Optymalizacja warunków dla produktywności roślin strączkowych jest jednym z głównych czynników zapewniających wysokość plonów i jest zdeterminowana harmonijnym połączeniem wszystkich nowoczesnych metod: organizacyjno-ekonomicznych, agronomicznych, immunologicznych, biologicznych i chemicznych. Jedną z najważniejszych technik w uprawie soi jest zaprawianie nasion preparatami grzybobójczymi, gdyż straty w plonie nasion na skutek zanieczyszczenia soi fitopatogenami sięgają nawet 40%. Ważne jest, aby decyzje dotyczące ochrony roślin miały na celu znalezienie sposobów ograniczenia ich szkodliwości dla środowiska. Głównymi kryteriami konkurencyjności produktów rolnych na rynku światowym powinny być kryteria ekonomiczne w postaci ceny kosztu oraz ścisła kontrola jakości i bezpieczeństwa produktów. W tym aspekcie prowadzone są aktywne badania nad możliwością zastosowania inokulacji nasion bakteriami brodawkowymi i środkami grzybobójczymi w celu regulacji metabolizmu roślin strączkowych, zwiększenia ich tolerancji i produktywności.

Głównym celem naszych badań jest zwiększenie tolerancji i produktywności upraw rolnych poprzez maksymalizację właściwości ochronnych i wykorzystanie ich potencjału genetycznego w warunkach współczesnych zmian klimatycznych. Wiadomo, że genetyka i mikrobiologia dostarczają skutecznych, wydajnych i opłacalnych możliwości opracowania odpowiednich rozwiązań z zakresu ochrony roślin i środowiska. Nasze badania wykazały, że tworząc symbiozę ze skutecznymi zjadliwymi szczepami mikroorganizmów wiążących azot w połączeniu z grzybobójczym zaprawianiem nasion, możliwe jest wspomaganie wzrostu roślin soi w warunkach niedostatecznego zaopatrzenia w wodę; systemy takie optymalizują mobilizację zasobów przeciwutleniających i wykorzystują potencjał rośliny do wiązania azotu. Zastosowanie inokulanta *Rhizobium* i środka grzybobójczego do nasion pomaga zwiększyć odporność soi na suszę poprzez aktywację kluczowych kompleksów enzymatycznych i regulację procesów lipoperoksydacji, co pozytywnie wpływa na wiązanie azotu i produktywność soi. Nasze badania obejmują elementy nowoczesnych technologii rolniczych, które są dziś aktywnie wykorzystywane w uprawie soi, co jest szczególnie istotne w warunkach ciągłego problemu niedoboru wilgoci w glebie.

Badania naukowe były rozwijane w ramach stypendium ISPP.

Effect of fungicide application on soybean-rhizobial symbiosis in the context of modern drought-induced climate changes

Tetiana Nyzhnyk^{1,2}, Edyta Kiedrzyńska^{2,3}

¹ *Institute of Plant Physiology and Genetics of the National Academy of Sciences of Ukraine, Department of Symbiotic Nitrogen Fixation, Kyiv, Ukraine*

² *European Regional Centre for Ecohydrology of the Polish Academy of Sciences, Lodz, Poland*

³ *University of Lodz, Faculty of Biology and Environmental Protection, UNESCO Chair on Ecohydrology and Applied Ecology, Lodz*

t_mamenko@ukr.net

Strategically important issues today are the obtaining high and stable crop yields by creating rational technologies for their cultivation. Legumes are a key ingredient in food and an increasingly renewable raw material for industrial and energy purposes. Their high productivity, like that of most cultivated plants, is largely determined by the complex influence of external factors, among which global climate change, the spread of phytodiseases, and environmental pollution by agrochemicals play a major role. Realizing the potential productivity of legumes is one of the main challenges in ensuring their high yields and is determined by a harmonious combination of all modern methods: organizational and economic, agronomic, immunological, biological and chemical. One of the most important technological methods in soybean cultivation is seed treatment with fungicidal preparations, as seed yield losses due to soybean infestation by phytopathogens are up to 40%. It is important that decisions on crop protection should be aimed at finding ways to reduce their harmfulness to the environment. The main criteria for the competitiveness of agricultural products on the world market should be economic criteria of their cost and strict control over the quality and safety of products. In this aspect, active research is being conducted on the possibility of using seed inoculation with nodule bacteria and fungicides to regulate the metabolism of leguminous crops and increase their tolerance and productivity.

The key focus of our research is on increasing the tolerance and productivity of crops by maximizing their protective properties and realizing their genetic potential in the face of modern climate change. It is known that genetics and microbiology provide effective, efficient and cost-effective opportunities for developing appropriate solutions in the field of plant protection and environmental protection. Our research has shown that by forming a symbiosis with effective virulent strains of nitrogen-fixing microorganisms in combination with fungicidal seed treatment, soybean plant growth can be maintained under conditions of insufficient water supply; such systems optimize the mobilization of antioxidant resources and realize the nitrogen-fixing potential of the plant, providing the crop with the necessary energy and plastic resources. The application of *Rhizobium* inoculant and fungicide to seeds helps to increase the drought resistance of soybeans by activating key enzyme complexes and regulating lipoperoxidation processes, which positively affects nitrogen fixation and productivity of soybeans. Our research includes elements of modern agricultural technologies that are actively used today in soybean cultivation, which is especially relevant in the conditions of the constant problem of soil moisture deficit.

Scientific research was supported during the stay at the training as ISPP Scholarship Holders.

Wpływ środków powierzchniowo czynnych na rozwój fasoli zwyczajnej (*Phaseolus vulgaris* L.) w hodowli hydroponicznej

Anna Banach³, Mariusz Banach^{1,2}, Laura Czajka³

¹ *Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej, Olsztyn*

² *Krakowska Akademia im. Andrzeja Frycza Modrzewskiego*

³ *Liceum Ogólnokształcące im. Josephine Gebert w Centrum Edukacyjnym „Radosna Nowina 2000”*

ania.banach13@gmail.com

W krajach wysoko rozwiniętych uprawa i spożycie roślin strączkowych odbywa się na coraz większą skalę ze względu na wysoką wartość biologiczną ich białek. Mają także znaczenie w zapobieganiu rozwojowi niektórych chorób układu krążenia, a ich spożywanie wiąże się z mniejszym ryzykiem zgonu z przyczyn innych niż ChSN. Jednocześnie wraz z rozwojem cywilizacyjnym wzrasta użycie środków powierzchniowo czynnych we wszystkich gałęziach przemysłu, także w myjniach samochodowych, powstających w zastraszającym tempie. Powoduje to zwiększenie ich stężenia w środowisku, często powyżej dopuszczalnych norm. Celem pracy było zbadanie przy jakich stężeniach surfaktant anionowy, niejonowy oraz mieszanina różnych surfaktantów będą miały wpływ na zahamowanie bądź spowolnienie wzrostu i rozwoju fasoli. Na podstawie trzydziestodniowej obserwacji uprawy hydroponicznej fasoli, wykazano istotny wpływ nawet niewielkich stężeń surfaktantów na spowolnienie jej wzrostu i rozwoju.

The effect of surfactants on the development of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) grown hydroponically

Anna Banach³, Mariusz Banach^{1,2}, Laura Czajka³

¹ *Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej, Olsztyn*

² *Krakowska Akademia im. Andrzeja Frycza Modrzewskiego*

³ *Liceum Ogólnokształcące im. Josephine Gebert w Centrum Edukacyjnym „Radosna Nowina 2000”*

ania.banach13@gmail.com

In highly developed countries legumes are cultivated and consumed on an increasingly large scale due to the high biological value of their proteins. They are also important in preventing the development of some circulatory system diseases, and their consumption is associated with a lower risk of death from causes other than CVD. At the same time, with the development of civilization, the use of surfactants in all branches of industry, including car washes, which are being created at an alarming rate increases. This causes increase their concentration in the environment, often above the permissible standards. The aim of the study was to investigate at what concentrations anionic and nonionic surfactants and a mixture of different surfactants will have an effect on inhibiting or slowing down the growth and development of beans. Based on a thirty-day observation of hydroponic bean cultivation, a significant effect of even small concentrations of surfactants on slowing down their growth and development was demonstrated.

Występowanie *Viscum album* L. subsp. *album* na terenie Parku Rozkosz w Ursynowie

Magdalena Krzosek-Hołody¹, Kai Kowalczyk¹, Marcin Wit², Ewa Mirzwa-Mróż², Marek S. Szyndel², Elżbieta Paduch-Cichał², Wojciech Wakuliński²

¹ Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Wydział Ogrodniczy, Warszawa

² Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Instytut Nauk Ogrodniczych, Katedra Ochrony Roślin, Zakład Fitopatologii, Warszawa

wojciech_wakulinski@sggw.edu.pl

Jemioła pospolita (*Viscum album* L. subsp. *album*) to dwupienny wiecznie zielony hemiparazytofit, którego występowanie prowadzi do patofizjologicznych zmian w dystrybucji wody, związków mineralnych oraz metabolitów gospodarza.

Celem podjętych badań była ocena występowania *V. album* subsp. *album* na terenie Parku Rozkosz. Stanowi on część zespołu pałacowo-ogrodowego którego fundatorem w roku 1775 była Izabela z Czartoryskich Lubomirska. Park zlokalizowany jest na skraju Rezerwatu Skarpa Ursynowska i otacza pałac od strony zachodniej. Współczesny jego wygląd został zaprojektowany przez prof. Alfonsa Zielonkę jeszcze przed 1939. W parku, na przestrzeni lat zgromadzono szereg cennych, gatunków tworząc unikalny kompleks dendrologiczny o walorach naukowych. Badaniami występowania *V. album* subsp. *album* objęto drzewostan parku, w okresie bezlistnym drzew. Stosowano system oceny wyróżniający 4 klasy porażenia drzew: 0 – brak infekcji, 1 – słaba infekcja (jemioła występująca na bocznych gałęziach w górnej części korony), 2 – umiarkowana infekcja (jemioła bardzo częsta w koronie, obecne wysuszone gałęzie i umiarkowane obrzęki zlokalizowane wzdłuż gałęzi), 3 – silna infekcja (jemioła częsta w całej koronie i na pniu, korony asymetryczne z zamierającym wierzchołkiem, ciężkie obrzęki zlokalizowane wzdłuż gałęzi oraz na pniu) Barbu (2009).

Na terenie parku zidentyfikowano 22 obiekty porażone przez *Viscum album* L. subsp. *album*. Były to gatunki: *Acer saccharinum* (1), *Betula pendula* (10), *Fraxinus excelsior* (1), *Juglans sp* (1), *Quercus robur* (2), *Robinia pseudoacacia* (3), *Tilia cordata* (1), *Tilia grandifolia* (2), *Ulmus glabra* (1). Średni stopień porażenia drzew wynosił 1.2, najsilniej był porażony gatunek *Ulmus glabra* – 3 pkt.

Jak wynika z wcześniejszych badań *V. album* subsp. *album* jest powszechnie występującym półpaszytem drzew w parkach aglomeracji Warszawy co wskazuje na synantropijny charakter gatunku.

Literatura:

Barbu C.O. 2009. Annals of Forest Research 52 (1): 89–96.

Occurrence of *Viscum album* L. subsp. *album* in the Rozkosz Park in Ursynów

Magdalena Krzosek-Hołodny¹, Kai Kowalczyk¹, Marcin Wit², Ewa Mirzwa-Mróż², Marek S. Szyndel², Elżbieta Paduch-Cichał², Wojciech Wakuliński²

¹ *Warsaw University of Life Sciences, Faculty of Horticulture, Warsaw*

² *Warsaw University of Life Sciences, Institute of Horticultural Sciences, Department of Plant Protection, Section of Phytopathology, Warsaw*
wojciech_wakulinski@sggw.edu.pl

Common mistletoe (*Viscum album* L. subsp. *album*) is a dioecious evergreen hemiparasitophyte, the occurrence of which leads to pathophysiological changes in the distribution of water, minerals and metabolites of the hosts.

The aim of the research was to assess the occurrence of *V. album* subsp. *album* in Park Rozkosz. It is part of the palace and garden complex, founded in 1775 by Izabela Lubomirska née Czartoryska. The park is located on the edge of the Skarpa Ursynowska Reserve and surrounds the palace from the west. Its contemporary appearance was designed by prof. Alfons Zielonka before 1939. Over the years, a number of valuable species have been collected in the park, creating a unique dendrological complex of scientific value. Studies on the occurrence of *V. album* subsp. *album* inhabiting the park's trees were performed during the leafless period. A grading system was used, distinguishing 4 classes of tree infection: 0 - no infection, 1 - weak infection (mistletoe occurring on the side branches in the upper part of the crown), 2 - moderate infection (mistletoe very common in the crown, dried branches present and moderate swelling located along the branches), 3 – severe infection (mistletoe common in the entire crown and on the trunk, asymmetric crowns with a dying top, severe swelling located along the branches and on the trunk) Barbu (2009).

In the park, 22 objects infected with *Viscum album* L. subsp. *album* were identified. These species were: *Acer saccharinum* (1), *Betula pendula* (10), *Fraxinus excelsior* (1), *Juglans* sp (1), *Quercus robur* (2), *Robinia pseudoacacia* (3), *Tilia cordata* (1), *Tilia grandifolia* (2), *Ulmus glabra* (1). The average degree of infection of trees was 1.2, the most severely infected species was *Ulmus glabra* - 3 points.

According to previous research, *V. album* subsp. *album* is a common tree hemiparasite in parks in the Warsaw agglomeration, which indicates the synanthropic nature of the species.

Reference:

Barbu C.O. 2009. *Annals of Forest Research* 52 (1): 89–96.

Metabolity i enzymy degradujące ścianę komórkową *Fusarium solani* w hodowlach szczepów *Trichoderma* spp. wyizolowanych z grochu oraz markery odporności w siewkach grochu inokulowanych tymi szczepami

Jolanta Jaroszuk-Ścisel¹, Artur Nowak¹, Renata Tyśkiewicz¹, Aldona Król¹, Julia Flakiewicz¹, Adam Żmuda¹, Anna Słomka¹, Elżbieta Patkowska²

¹ Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, Instytut Nauk Biologicznych, Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, Lublin

² Uniwersytet Przyrodniczy, Wydział Ogrodnictwa i Architektury Krajobrazu, Katedra Ochrony Roślin, Lublin

jolanta.jaroszuk-scisel@mail.umcs.pl

Mykopasożytnicze szczepy *Trichoderma* spp. (*T. atroviride*, *T. harzianum*, *T. velutinum*, *T. virens*) oraz fitopatogeniczne szczepy *Fusarium* spp. (*F. asiaticum*, *F. culmorum*, *F. oxysporum*, *F. solani*) wyizolowane z ryzosfery grochu siewnego (*Pisum sativum*) wytwarzały w warunkach *in vitro* egzopolimery, siderofory hydroksamowe, związków kompleksujące żelazo i fenolowe, przy czym efektywność wytwarzania tych związków przez szczepy *Trichoderma* spp. była wyższa niż przez szczepy *Fusarium* spp. Szczepy *Trichoderma* spp. były zdolne do hamowania *in vitro* wzrostu wyizolowanych z ryzosfery grochu szczepów *Fusarium* spp. w różnych warunkach temperatury i na różnych podłożach. Wszystkie testowane szczepy *Trichoderma* spp. wprowadzone na nasiona sterylnego grochu powodowały wzrost aktywności w łodygach i korzeniach grochu enzymów charakterystycznych dla szlaków indukcji odporności roślin: liazy fenyloalaninowej (PAL) i tyrozynowej (TAL) oraz peroksydazy gwajakolowej (GPX). Aktywność ta była zależna nie tylko od gatunku *Trichoderma* spp. ale także od okresu (2 i 3 tygodnie) wzrostu grochu i wielkości inokulum, przy czym najwyższe aktywności stwierdzono w roślinach inokulowanych najmniejszymi dawkami zarodników. Płyny po hodowli wszystkich testowanych szczepów *Trichoderma* na podłożu ze ścianą komórkową *Fusarium* (*F. solani*) charakteryzowały się kilkakrotnie wyższą aktywnością chitynaz i glukanaz niż płyny po hodowli na podłożu z glukozą. Aktywności te zależały od gatunku *Trichoderma* spp, a także temperatury i okresu hodowli. Najwyższe aktywności glukanaz w hodowli ze ścianą komórkową *F. solani* stwierdzono dla szczepu *T. harzianum* w temperaturach 12 i 20°C a dla szczepu *T. atroviride* w temperaturze 28°C. Natomiast niezależnie od temperatury najniższe aktywności chitynazy stwierdzono w hodowlach *T. harzianum* a najwyższe w hodowlach *T. virens*.

Badania finansowane z subwencji MNiE Instytutu Biologii Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie.

Metabolites and enzymes degrading cell wall of *Fusarium solani* in cultures of *Trichoderma* spp. strains isolated from peas and markers of resistance in pea seedlings inoculated with these strains

Jolanta Jaroszuk-Ścisel¹, Artur Nowak¹, Renata Tyśkiewicz¹, Aldona Król¹, Julia Flakiewicz¹, Adam Żmuda¹, Anna Słomka¹, Elżbieta Patkowska²

¹ Maria Curie-Skłodowska University, Institute of Biological Science, Department of Industrial and Environmental Microbiology, Lublin

² University of Life Sciences, Faculty of Horticulture and Landscape Architecture, Department of Plant Protection, Lublin

jolanta.jaroszuk-scisel@mail.umcs.pl

Mycoparasitic strains of *Trichoderma* spp. (*T. atroviride*, *T. harzianum*, *T. velutinum*, *T. virens*) and phytopathogenic strains of *Fusarium* spp. (*F. asiaticum*, *F. culmorum*, *F. oxysporum*, *F. solani*) isolated from the rhizosphere of pea (*Pisum sativum*) produced exopolymers, hydroxamate siderophores, iron complexing compounds, and phenolic compounds *in vitro*, and the efficiency of production of these compounds by *Trichoderma* spp. strains was higher than that by *Fusarium* spp. strains. *Trichoderma* spp. strains inhibited the *in vitro* growth of *Fusarium* spp. strains isolated from the pea rhizosphere under different temperature conditions and on different media. All tested *Trichoderma* spp. strains introduced into sterile pea seeds caused an increase in the activity of pea stems and roots of enzymes specific to plant resistance induction pathways: phenylalanine lyase (PAL), tyrosine lyase (TAL), and guaiacol peroxidase (GPX). These activities were depended not only on the *Trichoderma* spp. but also on the period (2 and 3 weeks) of pea growth and the size of the inoculum, with the highest activities found in plants inoculated with the lowest spore doses. The culture liquid of all the *Trichoderma* strains tested in the medium supplemented with the cell wall of *Fusarium* (*F. solani*) had several times higher chitinase and glucanase activities than the culture fluids obtained from the medium containing glucose. These activities depended on the species of *Trichoderma* spp., as well as on temperature and culture time. The highest glucanase activity in the culture with the cell wall of *F. solani* was found for the strain *T. harzianum* at 12 and 20°C and for strain the *T. atroviride* strain at 28°C. In contrast, the lowest chitinase activity was found in *T. harzianum* cultures and the highest in *T. virens* cultures, irrespective of the temperature.

Research financed by the Institute of Biological Sciences of the Maria Curie-Skłodowska University in Lublin.

The main sunflower diseases of the southern part of the western forest steppe of Ukraine

Vasyl Hryhoriev, [Irina Kachynska](mailto:Irina.Kachynska)

Podillia State University, Kamianets-Podilskyi, Ukraine

grygoriyev@gmail.com

In the conditions of Ukraine, about 70 species of pathogenic organisms of different natures have been recorded on sunflower plants, among which the dominant pathogens are white and gray rot, downy mildew, fomosis, alternaria, septoria and fusarium wilt, dry rot, etc. [1].

The research was conducted at the Scientific and Research Center Podillia of the Higher Educational Institution "Podillia State University". The Canyon Sunflower hybrid is medium-ripening.

The purpose of the research was to determine the main diseases of sunflowers during the growing season of the crop in the conditions of the southern part of the Western Forest Steppe. In 2022-2023, white rot on sunflower plants was present throughout the growing season. The nature of infection development in each case was determined by meteorological conditions.

The beginning of the growing season in 2022 was somewhat distinguished by a sufficient level of moisture - the HTC in April and May was at the level of 1.0 and 1.2, respectively. This contributed to a rather intense beginning of the infectious process of the causative agent of white rot, *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. For the period of formation of 3-4 pairs of true leaves, the prevalence of sclerotiniosis was characteristic at 7.4%. The period of development of the vegetative mass of sunflower was marked by an increase in the prevalence of the disease from 7.4% to 12.1%, this was facilitated by precipitation, intense dew, and, as a result, the formation of a suitable microclimate in the sunflower agrocenosis. At the same time, the intensity of disease manifestation in affected plants increased from an almost insignificant level to 6.1%. Symptoms of white rot were observed on 7.3% of sunflower disk florets with the development of the disease in 2.8%.

In the conditions of 2023, the presence of 4.7% of plants with signs of the basal form of white rot. During the period of plant development from seedlings to the "star" phase, the prevalence of white rot increased from 4.7% to 6.6%. The development of sclerotiniosis during May - June 2023 was at the level of 2.6-3.7%. As for damage to generative organs, symptoms of white rot were noted in 4.9% of baskets with disease development in 2.6%.

After monitoring the development of *Phoma oleracea* Sass., it is necessary to note a rather low level of plant infection in the initial period of development. In the conditions of 2023, no signs of this disease were detected during the germination period, and in 2022 its prevalence was 1.1% with the development of the disease at the level of 0.2%.

The further development of the disease occurred at an increasing pace in both years of research, but the insufficient level of moisture in April - May 2023, compared to 2022, determined plant disease rates twice as low. If in 2023 the prevalence of fomosis increased during the growing season from 0% to 11.3%, then in the previous year the percentage of affected sunflower plants increased from 1.1% to 19.6%. Disease development in affected plants was observed from 0% to 7.2% and from 0.5% to 9.4% in 2023 and 2022, respectively.

Thus, despite the lack of moisture in the sunflower agrocenosis in the period from the formation of 6-8 pairs of leaves to flowering, during the years of research, there was an increase in fomosis infection due to the correspondence of average daily temperatures (23° C and 21.8° C, respectively,

by year) to the optimum for pathogen (20-25° C). In the absence of productive precipitation, the secondary infection of fomosis spread and took root due to abundant dew.

Septoria helianthi Ell. Et Kell. is an example of a pathogenic organism that, under conditions of climate change, increases its negative pressure on agricultural crops. It should be noted that signs of septoriosiis appeared on sunflower plants even during the germination period - on cotyledons in the form of characteristic spots. In 2023, the prevalence of the disease during this period was insignificant and amounted to 1.8%, with the development of the disease 0.3%. In 2022, 3.2% of plants were affected by the disease, with the degree of damage at the level of 0.9%. Starting from the seedling phase, the disease steadily progressed during both growing seasons: its prevalence increased from 1.8% to 12.4% in 2023, and in the conditions of 2022, in the "star" phase, septoriosiis was detected on 29.3% of plants during development diseases 11.5%.

Thus, concerning the development of septoriosiis on sunflower plants, it is possible to note the tendency for the infection to increase in crops during the entire growing season up to 12.4% and 39.3%.

According to the results of two-year research, the dominant sunflower diseases in the conditions of the southern part of the forest-steppe of western Ukraine were determined: septoriosiis, fomosis, and white rot.

Ograniczanie infekcji pszenicy przez *Fusarium cerealis* za pomocą wzmocnionej syntezy metabolitów antygrzybiczych przez wspólną hodowlę *Pseudomonas protegens* ML15 i *Trichoderma koningiopsis* Tr21

Nur Ajijah¹, Angelika Fiodor², Krzysztof Kazimierczuk³, Monika Urbaniak⁴, Elsie Enow⁴, Robert Stasiuk⁵, Łukasz Stępień⁴, Łukasz Dziewit¹, Kumar Pranaw^{1,6}

¹ Zakład Mikrobiologii Środowiskowej i Biotechnologii, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa

² Instytut Biochemii i Biofizyki, Polska Akademia Nauk, Warszawa, Poland

³ Laboratorium Spektroskopii NMR, Centrum Nowych Technologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa

⁴ Zakład Interakcji Roślina-Patogen, Instytut Genetyki Roślin, Polska Akademia Nauk, Poznań

⁵ Zakład Geomikrobiologii, Instytut Mikrobiologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, Warszawa

⁶ School of Environmental Sciences, Jawaharlal Nehru University, New Delhi-110067, India
lste@igr.poznan.pl

Gatunki *Fusarium* stanowią poważne zagrożenie dla globalnej produkcji pszenicy z uwagi na swoje zdolności do wywoływania groźnych chorób. Ostatnie badania wykazały pilną potrzebę działań zmierzających do opracowania efektywnych strategii walki z infekcjami *Fusarium* by zabezpieczyć plon, a tym samym bezpieczeństwo żywnościowe populacji zależnych w dużej mierze od produktów pszenicznych. W bieżących badaniach staraliśmy się określić aktywność i wpływ monokultur *Pseudomonas protegens* ML15 i *Trichoderma koningiopsis* Tr21, jak również ich wspólnej hodowli, jako zrównoważonego środka służącego biokontroli w zwalczaniu *Fusarium cerealis* KF1157. Pozbawiony komórek supernatant i ekstrakt uzyskany ze wspólnej hodowli wykazały podwyższony efekt inhibicji *F. cerealis* KF1157 w porównaniu do monokultur. Analiza GC-MS pozwoliła stwierdzić, że ekstrakty z hodowli *P. protegens* ML15, *T. koningiopsis* Tr21 oraz ich wspólnej hodowli zawierał odpowiednio 11, 13 i 14 różnych metabolitów. Pyrrolo[1,2-a]pyrazine-1,4-dione, hexahydro-3-(2-methylpropyl)- i pyrrolo[1,2-a]pyrazine-1,4-dione, hexahydro-3-(phenylmethyl) były głównymi związkami obecnymi w niezawierającym komórek ekstrakcie ze wspólnej hodowli. Stwierdzono w nim także wyższe stężenie pioluteoriny, 2,4-diacetylphloroglucynolu i 2,4-di-tert-butylphenolu w porównaniu do kultur pojedynczych. Eksperyment przeprowadzony *in vivo* na roślinach pszenicy wykazał, że traktowanie pszenicy ekstraktem ze wspólnej hodowli ograniczało infekcję roślin przez *F. cerealis* i wspomagało rozwój pszenicy w porównaniu z kontrolą. Nasze wyniki podkreślają obiecujący potencjał wspólnej hodowli *P. protegens* ML15 i *T. koningiopsis* Tr21 jako efektywnego duetu służącego biokontroli, szczególnie przydatnego w ograniczaniu patogenów z rodzaju *Fusarium*. To innowacyjne podejście może w przyszłości przynieść rewolucyjne rozwiązania w rolnictwie, umożliwiając zrównoważone rozwiązania w ochronie roślin przed chorobami przy jednoczesnym zapewnieniu bezpieczeństwa żywnościowego.

Suppressing *Fusarium cerealis* infections in wheat through augmented antifungal metabolite production by *Pseudomonas protegens* ML15 and *Trichoderma koningiopsis* Tr21 Co-Culture

Nur Ajijah¹, Angelika Fiodor², Krzysztof Kazimierczuk³, Monika Urbaniak⁴, Elsie Enow⁴, Robert Stasiuk⁵, [Łukasz Stępień](#)⁴, Łukasz Dziewit¹, Kumar Pranaw^{1,6}

¹ Department of Environmental Microbiology and Biotechnology, Institute of Microbiology, Faculty of Biology, University of Warsaw, Warsaw, Poland

² Institute of Biochemistry and Biophysics Polish Academy of Sciences, Warsaw, Poland

³ Laboratory of NMR Spectroscopy, Centre of New Technologies, University of Warsaw, Poland

⁴ Department of Plant-Pathogen Interaction, Institute of Plant Genetics, Polish Academy of Sciences, Poznań, Poland

⁵ Department of Geomicrobiology, Institute of Microbiology, Faculty of Biology, University of Warsaw, Warsaw, Poland

⁶ School of Environmental Sciences, Jawaharlal Nehru University, New Delhi-110067, India
lste@igr.poznan.pl

Fusarium species pose a significant threat to global wheat production due to their ability to cause devastating diseases. Recent studies highlight the urgent need for effective management strategies to combat *Fusarium* infections and safeguard wheat yields, ensuring food security for populations reliant on this staple grain. The present study was conducted to investigate the activity of monocultures of *Pseudomonas protegens* ML15 and *Trichoderma koningiopsis* Tr21 as well as their co-culture, as a sustainable biological control strategy to combat *Fusarium cerealis* KF1157. The cell-free supernatant and extract of the co-culture demonstrated superior inhibitory effects against *F. cerealis* KF1157 compared to the monocultures. GC-MS analysis revealed that cell-free extract of *P. protegens* ML15, *T. koningiopsis* Tr21, and their co-culture contained 11, 13, and 14 different bioactive metabolites, respectively. Pyrrolo[1,2-a]pyrazine-1,4-dione, hexahydro-3-(2-methylpropyl)- and pyrrolo[1,2-a]pyrazine-1,4-dione, hexahydro-3-(phenylmethyl) were major compounds in cell-free extract of co-culture. Co-culture produced higher concentrations of pyoluteorin, 2,4-diacetylphloroglucinol, and 2,4-di-tert-butylphenol compared to their respective monocultures. *In vivo* plant experiments indicated that co-culture treatment reduced *F. cerealis* infection and improved wheat development compared to treatment without co-culture. Overall, our findings highlight the exciting potential of co-culturing *P. protegens* ML15 and *T. koningiopsis* Tr21 as a formidable biocontrol duo, particularly effective against notorious *Fusarium* plant pathogens. This innovative approach holds promise for revolutionizing agricultural practices, offering sustainable solutions to combat crop diseases, and ensuring global food security.

Nasilenie naczyniowej pasiastości liści pszenicy ozimej w zależności od sposobu nawożenia słomą

Janusz Smagacz, Stefan Martyniuk

Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy, Puławy
smagacz@iung.pulawy.pl

Jednym ze sposobów rolniczego zagospodarowania słomy jest wykorzystanie jej jako nawozu organicznego. Jednak taki sposób gospodarowania może powodować zwiększone ryzyko występowaniu chorób grzybowych na zbożach, zwłaszcza uprawianych monokulturach lub w zmianowaniach o dużym udziale tych roślin, ponieważ wiele patogenów przeżywa na resztkach poźniwnych. Generalnie duży udział zbóż w strukturze zasiewów sprzyja nasilonemu występowaniu chorób. Prowadzi to do spadku ich produktywności, ponieważ zmniejszeniu ulegają podstawowe elementy plonowania: rozkrzewienie produkcyjne, masa 1000 ziaren I liczba ziaren w kłosie.

Badania przeprowadzono w oparciu o dwuczynnikowe doświadczenie mikropoletkowe przeprowadzono w hali vegetacyjnej IUNG-PIB w Puławach na obetonowanych parcelach o powierzchni 1,5 m² w czterech sezonach vegetacyjnych (lata zbioru 2014-2017). Założono je na madzie ciężkiej w układzie kompletnej randomizacji w 3 powtórzeniach. Czynnikiem I rzędu był sposób stosowania słomy: 1) kontrola; 2) słoma stosowana co drugi rok; 3) słoma stosowana corocznie; 4) słoma stosowana corocznie bez dodatkowego „N” na jej rozkład; 5) słoma stosowana jako mulcz. Ilość wniesionej do gleby słomy odpowiadała jej plonom zebranych w danym roku na każdym poletku. Nawożenie fosforowo-potasowe uwzględniało zasobność gleby w te składniki pokarmowe, natomiast poziom nawożenia azotem oraz podział dawek uwzględniał wymagania pokarmowe roślin (wg zaleceń IUNG-PIB). Dodatkowo w obiektach 2, 3 I 5 na rozkład słomy stosowano azot w ilości 3g N/m² w formie saletry amonowej (NH₄NO₃). Czynniki 2 stanowiły dwie odmiany pszenicy ozimej pochodzące z różnych grup wartości technologicznej: 1) Bamberka – odmiana jakościowa; 2) Bogatka – odmiana chlebowa. Obie odmiany pszenicy uprawiano w 16-19 roku trwania monokultury zbożowej. W trakcie vegetacji rośliny były chronione przed chwastami (usuwanie ręczne – w miarę potrzeb), natomiast w stosunku do chorób liści I kłosów stosowano chemiczną ochronę roślin wg zaleceń IOR-PIB. W trakcie vegetacji oceniono porażenie roślin przez *Cephalosporium graminearum* – grzyba powodującego pasiastość liści pszenicy. W dojrzałości pełnej oceniono natomiast plon ziarna I słomy oraz podstawowe elementy plonowania w zależności od badanych czynników. Badania wykazały, że nasilenie naczyniowej pasiastości było największe (24-33% porażonych pędów) w obiekcie mulczowanym, a odmiana Bogatka była bardziej tolerancyjna na badaną chorobę niż odm. Bamberka. Tylko w przypadku odm. Bamberka plony ziarna były istotnie mniejsze w obiekcie 5 (mulczowanie) niż w pozostałych obiektach. Udowodniono istotne zróżnicowanie w produktywności pszenicy ozimej (uprawianej w monokulturze) w zależności od odmiany I sposobu nawożenia słomą. Stwierdzono również istotnie większe porażenie pszenicy ozimej grzybem *Cephalosporium graminearum*, szczególnie w obiekcie, gdzie słomę stosowano jako mulcz.

The intensity of *Cephalosporium* stripe disease of winter wheat as influenced by the method of straw application

Janusz Smagacz, Stefan Martyniuk

Institute of Soil Science and Plant Cultivation – State Research Institute, Pulawy
smagacz@iung.pulawy.pl

Numerous ways of cereal straw use in agricultural production include its application as an organic manure. However, this way of straw use can increase the occurrence of fungal diseases on cereals, particularly when these crops are grown in monocultures or short rotations, as many fungal pathogens survive and develop on harvest residues. Generally, the high share of cereals in crop rotations can cause an increased occurrence of various diseases, which results in lower grain yields of cereals due reduced tillering, mass of 1000 grains and the number of kernels in ears.

This study was based on a two-factorial microplot experiment conducted during four growing seasons (harvest years 2014-2017). This experiment consists of 1.5 m² plots with concrete walls which were filled with clayly Cambisol. This experiment was initiated in 1998 and consisted of the following treatments with three replications in complete randomization: 1 – straw removed (control), 2 – straw incorporated into the soil every second year with additional N fertilization for straw decomposition, 3 – straw incorporated each year with additional N, 4 – straw incorporated each year without additional N, and 5 – each year straw retained on the soil surface (mulching) with additional N. After harvest, straw was collected from plots of particular treatments, cut into 1–2 cm fragments and then evenly distributed on the soil surface in the same plots. In the treatments with straw incorporation, it was mixed with soil by digging to the depth of 20–25 cm. Before digging 25 g · m⁻² of Polifoska fertilizer (4% N, 12% P₂O₅, 32% K₂O, 2% MgO, 9% SO₃) was added to each plot. In the treatments: S2(N), S3(N) and SM(N) 3 g · m⁻² of ammonium nitrate (34% N) was applied to facilitate straw decomposition and to reduce soil N immobilization during this process. Before sowing, each plot was divided into two halves (0.75 m² each) on which two winter wheat cultivars (Bamberka and Bogatka) were seeded. Plots were hand-weeded and plants were protected against fungal leaf diseases according to the current recommendations of Institute of Plant Protection (IOR – PIB). At full ripeness plants were hand-harvested to measure grain yields and selected yield components and these results were calculated per an area of m². Each growing season at the beginning of June the incidence of *Cephalosporium* stripe disease was assessed by counting wheat tillers with yellow striping on their leaves. It was found that the disease was most severe, 24–33% tillers infected, in the treatment with yearly straw mulching and cv. Bogatka was more tolerant to *C. gramineum* infection than cv. Bamberka. Importantly, yearly straw incorporation into the soil in contrast to straw mulching resulted in low disease levels (5–8% tillers infected) in both cultivars. Only in the case of cv. Bamberka was the grain yield significantly reduced in the SM(N) treatment compared to other treatments.

Wpływ fosforynów na stan zdrowotny średniowiekowych drzew dębu szypułkowego (*Quercus robur*) na terenie Płyty Krotoszyńskiej (Polska)

Heorhiy Hrynyk^{1,2}, Tomasz Oszako³, Miłosz Tkaczyk³, Olena Hrynyk⁴, Stanisław Małek⁵

¹ Filia Uniwersytetu Łódzkiego w Tomaszowie Mazowieckim, Katedra Nauk Leśnych, Tomaszów Mazowiecki, Polska

² Ukraiński Narodowy Uniwersytet Leśno-Techniczny, Katedra Taksacji Lasu oraz Urządzania Lasu, Lwów, Ukraina

³ Instytut Badawczy Leśnictwa, Zakład Ochrony Lasu, Sękocin Stary, Polska

⁴ Instytut Badawczy Leśnictwa, Zakład Ekologii Lasu, Sękocin Stary, Polska

⁵ Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja w Krakowie, Katedra Ekologii i Hodowli Lasu, Kraków, Polska

heorhiy.hrynyk@filia.uni.lodz.pl

Niniejsze badania wpisują się w poszukiwania alternatywnych rozwiązań dla stosowania pestycydów (zwłaszcza fungicydów) w ramach koncepcji integrowanej ochrony roślin (Integrated Pest Management). Pnie dębów szypułkowych (*Quercus robur* L.) opryskano preparatem fosforynowym Kalex. Założono, że fosforyn potasu wniknie w żywe części tkanek (pomiędzy szczelinami kory) i przemieści się do drobnych korzeni (mniejszych niż 2 mm średnicy). Zachodzące zmiany w zawartości pierwiastków (N, P, K, Ca i Mg) oceniano zarówno w glebie jak i w liściach. Badano również parametry rozwoju systemów korzeniowych za pomocą skanowania i programu WinRhizo oraz witalność koron drzew metodą Roloffa, a następnie na podstawie oceny defoliacji i żywotności obliczono tzw. syntetyczny wskaźnik uszkodzenia według metody Dmyterko i Bruchwalda. Prześledzono korelacje pomiędzy zawartością makroelementów w glebie i rozwojem systemów korzeniowych. Stwierdzono, że potraktowanie pni dębów fosforynem potasu nie miało negatywnego wpływu na środowisko leśne, nawet w najbliższym otoczeniu. Kwasowość (pH) gleby nie uległa zmianie, podobnie jak zawartość Mg i Ca. Stwierdzono większą utratę liści (defoliację) u dębów kontrolnych, których korony były bardziej przeredzone niż korony drzew potraktowanych preparatem fosforynowym. W ciągu kilku lat prowadzonych badań doprowadziło to do obniżenia żywotności drzew kontrolnych, co przejawiało się widocznymi zmianami w architekturze koron (deformacjami spowodowanymi powstaniem licznych krótkopędów), co miarodajnie odzwierciedliły stopnie żywotności według skali Roloffa. Obliczony syntetyczny wskaźnik uszkodzeń (*Syn*) był również wyższy u drzew kontrolnych niż u drzew poddanych zabiegowi, co potwierdziło skuteczność zabiegu preparatem Kalex. Drobne korzenie dębów poddanych zabiegowi posiadały korzystniejsze parametry rozwoju niż odpowiadające im korzenie drzew kontrolnych, zwłaszcza pod względem długości, liczby i powierzchni. Jednak, w sytuacji ekstremalnej suszy jaka wystąpiła w 2015 r. zaobserwowano u drzew obumieranie drobnych korzeni (niezależnie od wariantu doświadczenia) i zjawisko to trwało również w kolejnym roku. Dopiero w sezonie 2017, gdy wilgotność gleby znacznie się poprawiła, dęby odtworzyły systemy drobnych korzeni sprzed dotkliwej suszy. Podsumowując, odsetek zamierających dębów w grupie poddanej zabiegowi preparatem fosforynowym był statystycznie niższy niż w grupie kontrolnej. Dęby poddane zabiegowi, zwłaszcza te, które były tylko częściowo pozbawione liści (do 30%) lepiej przetrwały pięcioletni okres obserwacji (2013-2017) i były w stanie efektywnie pobierać składniki odżywcze i wodę z gleby. Lepsza kondycja drobnych korzeni u drzew po zabiegach znalazła odzwierciedlenie w lepszym rozwoju pędów w koronach dębów (ocenanym na podstawie defoliacji, witalności i syntetycznego wskaźnika uszkodzenia).

The impact of phosphites on the health condition of medieval trees of pedunculate oak (*Quercus robur*) in the Krotoszyn Plateau (Poland)

Heorhiy Hrynyk^{1,2}, Tomasz Oszako³, Miłosz Tkaczyk³, Olena Hrynyk⁴, Stanisław Małek⁵

¹ *University of Lodz Branch in Tomaszów Mazowiecki, Department of Forestry, Tomaszów Mazowiecki, Poland*

² *Ukrainian National Forestry University, Department of Dendrometry and Forest Management, Lviv, Ukraine*

³ *Forest Research Institute, Department of Forest Protection, Sękocin Stary, Poland*

⁴ *Forest Research Institute, Department of Forest Ecology, Sękocin Stary, Poland*

⁵ *University of Agriculture in Krakow, Department of Ecology and Silviculture, Krakow, Poland*

heorhiy.hrynyk@filia.uni.lodz.pl

This research is part of the search for alternative solutions to the use of pesticides (especially fungicides) within the concept of Integrated Pest Management. The trunks of pedunculate oaks (*Quercus robur* L.) were sprayed with Kalex phosphite. It was assumed that potassium phosphite would penetrate into the living parts of tissues (between the cracks of the bark) and move to small roots (less than 2 mm in diameter). Changes in the content of elements (N, P, K, Ca and Mg) were assessed both in the soil and in the leaves. The parameters of the development of root systems were also examined using scanning and the WinRhizo program, as well as the vitality of tree crowns using the Roloff method, and then, based on the assessment of defoliation and vitality, the so-called synthetic damage indicator according to the Dmyterko and Bruchwald method. The correlations between the content of macroelements in the soil and the development of root systems were examined. It was found that the treatment of oak trunks with potassium phosphite did not have a negative impact on the forest environment, even in the immediate vicinity. The acidity (pH) of the soil did not change, nor did the Mg and Ca content. Greater leaf loss (defoliation) was found in control oaks, the crowns of which were thinner than those of trees treated with the phosphite preparation. Over several years of research, this led to a reduction in the viability of control trees, which was manifested by visible changes in the architecture of the crowns (deformations caused by the formation of numerous short shoots), which were reliably reflected in the degrees of viability according to the Roloff scale. The calculated synthetic damage index (*Syn*) was also higher in control trees than in treated trees, which confirmed the effectiveness of the Kalex treatment. Fine roots of treated oaks had more favorable development parameters than the corresponding roots of control trees, especially in terms of length, number and area. However, during the extreme drought that occurred in 2015, the death of small roots in trees was observed (regardless of the experimental variant) and this phenomenon continued in the following year. Only in the 2017 season, when soil moisture improved significantly, the oaks restored their fine root systems from before the severe drought. To sum up, the percentage of dying oaks in the group treated with phosphite was statistically lower than in the control group. Treated oaks, especially those that were only partially defoliated (up to 30%), survived the five-year observation period (2013-2017) better and were able to effectively absorb nutrients and water from the soil. The better condition of fine roots in trees after the treatments was reflected in better development of shoots in oak crowns (assessed on the basis of defoliation, vitality and synthetic damage index).

Wpływ uprawy soi z wsiewkami wybranych ziół na zdrowotność soi

Joanna Dłużniewska¹, Adrian Sikora², Agnieszka Klimek-Kopyra¹

¹ Katedra Mikrobiologii Biomonitoringu, Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kollątaja w Krakowie, al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków

² Bayer Sp. z o.o., ul. Aleje Jerozolimskie 158, 02-326 Warszawa

³ Katedra Agroekologii i Produkcji Roślinnej, Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kollątaja w Krakowie, al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków

joanna.dluzniewska@urk.edu.pl

Celem pracy była ocena wpływu uprawy soi z wsiewkami wybranych ziół na zdrowotność soi. W latach 2021-2023 w ramach jednoczynnikowego doświadczenia polowego soję odmiany Merlin uprawiano z wsiewkami następujących roślin: smagliczka, aksamitka, nagietek, koper, ogórecznik, w mieszance oraz w siewie czystym. W analizowanym okresie badań zaobserwowano zróżnicowane porażenie roślin soi. Najmniejsze porażenie roślin grzybami patogenicznymi wystąpiło w roku 2023, ponieważ zaobserwowano niewielkie występowanie askochytozy oraz średnie mączniakiem. Natomiast w latach 2021-2022 w okresie koniec kwitnienia (BBCH69) i dojrzewanie strąków (BBCH89) wystąpiły choroby fuzarioza, askochytoza i cercosporioza oraz mączniak rzekomy. Stwierdzono, że uprawa soi z wsiewkami ziół poprawia zdrowotność soi w zróżnicowanym zakresie. Wsiewki ogórecznika i nagietka zmniejszyły porażenie soi przez grzyby *Cercospora kukichii* i *Fusarium oxysporum*. Korzystnie na zdrowotność soi wpływała również uprawa z koprem. Natomiast uprawa z smagliczką i w mieszance zwiększała występowanie grzyba *Ascochyta* spp.

Effect of growing soybeans with herb seedlings on soybean healthiness

Joanna Dłużniewska¹, Adrian Sikora², Agnieszka Klimek-Kopyra³

Department of Microbiology and Biomonitoring, University of Agriculture in Kraków, al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków

²*Bayer Sp. z o.o., ul. Aleje Jerozolimskie 158, 02-326 Warszawa*

³*Department of Agroecology and Plant Production, University of Agriculture in Kraków, al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków*

joanna.dluzniewska@urk.edu.pl

The aim of the study was to assess the effect of the use of selected herbs as companion crops in soybean cultivation on the yield and health condition of soybean. A Three years (2021–2023) field experiment was conducted using the randomised block design with three repetitions. The experimental factor was the way of sowing. The innovative cropping system tested soybean growing with herbal companion crops such as alyssum (*Lobularia maritima* L.), fennel (*Foeniculum vulgare* Mill.), Borage (*Borago officinalis* L.), French marigold (*Tagetes patula* L.), calendula (*Calendula officinalis* L.), or herbal mixture ‘MIX’. The study showed that cultivation of soybean with fennel improved the quantitative and qualitative characteristics of the yield, with a significant increase in seed yield (on average by 0.27 t ha⁻¹) as well as protein (7.67%) and oil yield (8.57%) compared to the pure soybean crop. The following fungal diseases were identified during the three-year study period (2021–2023): Cercospora leaf blight, Ascochyta blight, Fusarium wilt, and Downy mildew. Cultivation of soybean with herbs as companion crops was implemented to improve the health of soybean to a varied extent. Borage, marigold and calendula companion crops reduced infection of soybean by the fungi *C. kikuchii* and *F. oxysporum*. Cultivation with fennel and marigold was also beneficial for soybean health. On the other hand, cultivation with sweet alyssum and a mixture of herbs increased the occurrence of the fungus *A. sojaecola*. Cultivation of soybean in association with herbs is legitimate and requires further research given the priorities facing 21st century agriculture.

Wpływ nawożenia azotem i odmiany na zdrowotność nasion szarłatu

Marek Kopacki, Barbara Skwaryło-Bednarz, Agnieszka Jamiołkowska, Weronika Kursa

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Katedra Ochrony Roślin, Lublin

marek.kopacki@up.lublin.pl

Amarantus, zwany w Polsce szarłatem, zaliczany jest do grupy roślin pseudozbożowych lub uniwersalnych. Jego nasiona cechują się wysoką wartością odżywczą i mogą z powodzeniem zastępować/uzupełniać tradycyjne rośliny zbożowe. Szarłat w warunkach glebowo-klimatycznych Polski charakteryzuje się dużą odpornością na agrofagi. Najwięcej problemów plantatorom tej rośliny przysparza utrzymanie wysokiej zdrowotności pozbiorczej nasion, co wymaga ich szybkiego dosuszenia. Celem pracy była ocena zdrowotności pozbiorczej nasion dwóch odmian szarłatu – ‘Aztek’ i ‘Rawa’ w zależności od zastosowanej dawki nawożenia N.

Podstawę pracy stanowiło 3-letnie doświadczenie polowe przeprowadzone w latach 2015-2017 na polu rolnika indywidualnego, położonym na Zamojszczyźnie (N-50°71', E-23°04') metodą losowanych podbloków (split-plot) w trzech powtórzeniach. Doświadczenie założono na glebie brunatnej wytworzonej z lessu. Szarłat wysiewano w rzędy, co 50 cm w III dekadzie maja. Powierzchnia poletka wynosiła 3 m² (2m x 1,5m). W doświadczeniu przyjęto następujące czynniki zmienne: zróżnicowane warianty nawożenia N (kg·ha⁻¹): N0-kontrola, N1-30, N2-60, N3-90, N4-120, N5-150 przy stałej wartości nawożenia P₂O₅ i K₂O (po 60 kg·ha⁻¹), dwie odmiany: ‘Rawa’ i ‘Aztek’. Uzyskane wyniki porównywano z obiektem kontrolnym (bez nawożenia NPK). Pielęgnacja doświadczenia była zgodna z wymogami poprawnej agrotechniki. Corocznie dokonywano zbioru nasion w fazie BBCH 99 i dosuszono do wilgotności ok. 10,0%. Badania zdrowotności nasion przeprowadzono w oparciu o analizę mykologiczną zgodnie z metodyką obowiązującą w tego typu badaniach. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie przy użyciu procedur statystycznych ANOVA. Ocenę istotności różnic pomiędzy średnimi przeprowadzono w oparciu o odpowiednie testy post-hoc (test Tuckey’a).

Czynnikiem różnicującym w większym stopniu zdrowotność nasion szarłatu była odmiana niż poziom nawożenia N. Nasiona odmiany ‘Aztek’ były mniej porażane przez grzyby chorobotwórcze niż odmiany ‘Rawa’. W przypadku obu odmian jedynie ogólna liczebność grzybów bytujących na nasionach szarłatu istotnie wzrastała wraz ze zwiększaniem dawki N, czego nie zaobserwowano dla liczebności kolonii *Alternaria alternata* i *Aspergillus brasiliensis*, pomimo ich wzrostu. W przeprowadzonych badaniach do dominujących grzybów zasiedlających nasiona należały toksynotwórcze *Alternaria alternata* i *Aspergillus brasiliensis*, grzyby z rodzaju *Penicilium* i *Fusarium* oraz *Botrytis cinerea* w trzecim roku badań.

Effect of nitrogen and cultivar fertilization on amaranth seed health

Marek Kopacki, Barbara Skwaryło-Bednarz, Agnieszka Jamiołkowska, Weronika Kursa

University of Life Sciences in Lublin, Plant Protection Department, Lublin
marek.kopacki@up.lublin.pl

Amaranth, in Poland, is classified as a pseudo-cereal or universal plant. Its seeds are characterized by high nutritional value and can successfully replace/supplement traditional cereal plants. Amaranth in the soil and climatic conditions of Poland is characterized by high resistance to pests. The most problematic problem for growers of this plant is maintaining high post-harvest health of seeds, which requires their quick drying. The aim of the study was to assess the post-harvest health of seeds of two amaranth cultivars – 'Aztek' and 'Rawa' depending on the applied dose of N fertilization.

The basis of the study was a 3-year field experiment carried out in 2015-2017 on an individual farmer's field, located in the Zamość region (N-50°71', E-23°04') using the method of randomized subblocks (split-plot) in three replications. The experiment was set up on brown soil made of loess. Amaranth was sown in rows, every 50 cm in the third decade of May. The plot area was 3 m² (2m x 1.5m). The following variable factors were assumed in the experiment: varied variants of N fertilization (kg^{·ha}⁻¹): N0-control, N1-30, N2-60, N3-90, N4-120, N5-150 with constant fertilization value P₂O₅ and K₂O (60 kg·ha⁻¹ each), two cultivars: 'Rawa' and 'Aztek'. The results obtained were compared with the control object (without NPK fertilization). The care of the experience was in accordance with the requirements of proper agricultural technology. Seeds were harvested annually in the BBCH 99 phase and dried to a moisture content of about 10.0%. Seed health studies were carried out on the basis of mycological analysis in accordance with the methodology applicable in this type of research. The results obtained were statistically compiled using ANOVA statistical procedures. The significance of the differences between the means was assessed on the basis of appropriate post-hoc tests (Tuckey test).

The difference between the health of amaranth seeds to a greater extent was the cultivar than the level of fertilization N. Seeds of cultivar 'Aztek' were less affected by pathogenic fungi than cultivars 'Rawa'. In the case of both cultivars, only the total number of fungi living on amaranth seeds increased significantly with the increase in the dose of N, which was not observed for the number of colonies of *Alternaria alternata* and *Aspergillus brasiliensis*, despite their growth. In the study carried out, the dominant fungi inhabiting seeds included the toxin-causing *Alternaria alternata* and *Aspergillus brasiliensis*, fungi of the genera *Penicilium* and *Fusarium*, and *Botrytis cinerea* in the third year of the study.

Zastosowanie zimnej plazmy w badaniach nad eradykacją patogenów bakteryjnych - użyteczna metoda czy moda na sukces?

Wojciech Śledź¹, Agata Motyka-Pomagruk¹, Jakub Orłowski¹, Weronika Babińska-Wensierska¹, Natalia Kaczyńska¹, Michał Prusiński¹, Michał Rychłowski², Anna Dzimitrowicz³, Dominik Terefinko³, Piotr Cyganowski³, Piotr Jamróz³, Paweł Pohl³, Ewa Łojkowska¹

¹ Uniwersytet Gdański, Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin, Laboratorium Badawczo-Wdrożeniowe, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, Gdańsk

² Uniwersytet Gdański, Zakład Biologii Molekularnej Wirusów, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego i Gdańskiego Uniwersytetu Medycznego, Gdańsk

³ Politechnika Wroclawska, Katedra Chemii Analitycznej i Metalurgii Chemicznej, Wydział Chemiczny, Wrocław

wojciech.sledz@biotech.ug.edu.pl

Prezentowane badania dotyczą zastosowania technologii tzw. zimnej plazmy w tym także nanostruktur otrzymanych tą metodą w ochronie roślin głównie przed patogenami bakteryjnymi. Zimna plazma, będąca częściowo zjonizowanym gazem zawierającym różne reaktywne formy m.in. tlenu i azotu i jako taka wydaje się obiecującą metodą ekologiczną do zastosowań rolniczych ze względu na jej nietermiczny charakter i minimalny wpływ na środowisko.

Głównym celem była ocena potencjału zimnej plazmy do produkcji płynów aktywowanych plazmą (PAL) o określonych właściwościach fizykochemicznych i przeciwdrobnoustrojowych, optymalizacja parametrów generowania plazmy oraz zbadanie praktycznych zastosowań w rolnictwie, takich jak kontrola patogenów w tym także ochrona nasion. Dodatkowo, badania obejmowały syntezę i charakterystykę nanostruktur w szczególności nanocząstek srebra stabilizowanych fruktozą (FRU-AgNPs) oraz ich potencjalne wykorzystanie w zwalczaniu fitopatogenów.

W badaniach wykorzystano różne konfiguracje systemów generowania plazmy, w tym wyładowanie jarzeniowe – plazma dc-APGD oraz wyładowanie barierowe – plazma DBD. Badania koncentrowały się na optymalizacji parametrów takich jak prąd wyładowania, szybkość przepływu roztworu i stężenie prekursorów, aby zmaksymalizować skuteczność działania PAL. Do charakterystyki PAL użyto technik analitycznych takich jak spektroskopia emisji optycznej (OES), mikroskopia transmisyjna (TEM) i skaningowa mikroskopia elektronowa (SEM). Nanostruktury były syntetyzowane za pomocą układów reakcyjno-wyładowczych opartych na plazmie dc-APGD i badane pod kątem ich właściwości granulometrycznych i przeciwdrobnoustrojowych.

Nasze badania wykazały, iż możliwe jest skuteczne wyprodukowanie PAL o wysokich stężeniach reaktywnych form tlenu i azotu (RONS), w tym OH, O, O₃, H₂O₂ i NO_x, które wykazywały znaczną aktywność przeciwdrobnoustrojową przeciwko bakteriom fitopatogenom takim jak np. *Dickeya solani* i *Pectobacterium atrosepticum*. PAL okazały się skuteczne w redukcji bakterii na nasionach, a jednocześnie promowały kiełkowanie nasion i wzrost roślin. Co istotne, systemy wytwarzania PAL były w stanie generować stabilne roztwory o wydajności 120 mL/h przy krótkim czasie ekspozycji wynoszącym 30 sekund na mL, co podkreśla ich efektywność i potencjał do przekalibrowania na dużą skalę. Dodatkowo, syntetyzowane FRU-AgNPs wykazywały znakomite właściwości przeciwdrobnoustrojowe przeciwko fitopatogenom takim jak np. *Erwinia amylovora*, *Clavibacter michiganensis*, *Ralstonia solanacearum*, *Dickeya solani*, w stężeniach MIC od 1,64 do 13,1 mg/L oraz MBC od 3,29 do 26,3 mg/L.

Wnioski: Technologia zimnej plazmy jest obiecująca dla nowoczesnego rolnictwa i może pomóc w kluczowych problemach kontroli patogenów bakteryjnych oraz poprawy plonów przy minimalnym wpływie na środowisko.

Badania finansowane m.in. z projektu NCN Opus 17 (2019/33/B/NZ9/00940)

The application of cold plasma in research on the eradication of bacterial pathogens - a useful method or a fad for success?

Wojciech Śledź¹, Agata Motyka-Pomagruk¹, Jakub Orłowski¹, Weronika Babińska-Wensierska¹, Natalia Kaczyńska¹, Michał Prusiński¹, Michał Rychłowski², Anna Dzimitrowicz³, Dominik Terefinko³, Piotr Cyganowski³, Piotr Jamróz³, Paweł Pohl³, Ewa Łojkowska¹

¹ University of Gdansk, Laboratory of Plant Protection and Biotechnology, Research and Development Laboratory, Intercollegiate Faculty of Biotechnology University of Gdansk and Medical University of Gdansk, Gdansk

² University of Gdansk, Laboratory of Virus Molecular Biology, Intercollegiate Faculty of Biotechnology University of Gdansk and Medical University of Gdansk, Gdansk

³ Wrocław University of Science and Technology, Department of Analytical Chemistry and Chemical Metallurgy, Faculty of Chemistry, Wrocław

wojciech.sledz@biotech.ug.edu.pl

The presented research concerns the application of so-called cold plasma technology, including nanostructures obtained by this method, in plant protection mainly against bacterial pathogens. Cold plasma, being a partially ionized gas containing various reactive forms, including oxygen and nitrogen, appears to be a promising ecological method for agricultural applications due to its non-thermal nature and minimal environmental impact.

The main objective was to evaluate the potential of cold plasma to produce plasma-activated liquids (PAL) with specific physicochemical and antimicrobial properties, optimize plasma generation parameters, and investigate practical applications in agriculture, such as pathogen control and seed protection. Additionally, the research included the synthesis and characterization of nanostructures, particularly fructose-stabilized silver nanoparticles (FRU-AgNPs), and their potential use in combating phytopathogens.

Plasma generation system configurations were used in the research, including glow discharge – dc-APGD plasma and barrier discharge – DBD plasma. The research focused on optimizing parameters such as discharge current, solution flow rate, and precursor concentration to maximize the effectiveness of PAL. Analytical techniques such as optical emission spectroscopy (OES), transmission electron microscopy (TEM), and scanning electron microscopy (SEM) were used to characterize PAL. Nanostructures were synthesized using reaction-discharge systems based on dc-APGD plasma and examined for their granulometric and antimicrobial properties.

Our studies showed that it is possible to effectively produce PAL with high concentrations of reactive oxygen and nitrogen species (RONS), including OH, O, O₃, H₂O₂, and NO_x, which exhibited significant antimicrobial activity against phytopathogenic bacteria such as *Dickeya solani* and *Pectobacterium atrosepticum*. PAL proved effective in reducing bacteria on seeds while promoting seed germination and plant growth. Importantly, the PAL generation systems were able to produce stable solutions at a rate of 120 mL/h with a short exposure time of 30 seconds per mL, highlighting their efficiency and potential for scaling up. Additionally, the synthesized FRU-AgNPs demonstrated excellent antimicrobial properties against phytopathogens such as *Erwinia amylovora*, *Clavibacter michiganensis*, *Ralstonia solanacearum*, *Dickeya solani*, with MIC concentrations from 1.64 to 13.1 mg/L and MBC from 3.29 to 26.3 mg/L.

Conclusions: Cold plasma technology is promising for modern agriculture and can help address key issues of bacterial pathogen control and crop improvement with minimal environmental impact.

The research was funded, among others, by the NCN Opus 17 project (2019/33/B/NZ9/00940).

Gązewnik europejski – obecny czy nie obecny? Predykcja zmian występowania *Loranthus europaeus* N. J. Jacquin

Marlena Baranowska¹, Łukasz Dylewski², Robert Korzeniewicz¹, Wojciech Kowalkowski¹, Adrian Łukowski¹

¹ *Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Poznań*
marlena.baranowska@up.poznan.pl

Drzewostany dębowe stanowią nieodłączny element polskich lasów. Ich udział systematycznie się zwiększa, ale też coraz częściej pojawiają się problemy w hodowli i ochronie tych drzewostanów. Oprócz znanych zagrożeń biotycznych ze strony grzybów, organizmów grzybobodobnych czy owadów, dęby są porażane przez gązewnika-europejskiego, który osłabia dęby, ale też przy silnym porażeniu prowadzi do śmierci roślin-gospodarzy. Zachodzące zmiany klimatu sprzyjają rozprzestrzenianiu się tego półpaszyta, a jego rosnąca populacja w Czechach i Słowacji skłania do podjęcia działań służących ochronie drzewostanów dębowych w Polsce.

Celami badań były: określenie zmian w zasięgu występowania gązewnika europejskiego w Europie oraz ustalenie czy jemiola ta jest obecna w drzewostanach dębowych w Polsce.

Predykcję zmian zasięgu gązewnika opartą na przewidywanych zmian klimatycznych na lata 2041–2060 i 2061–2080, wykonano z wykorzystaniem modelowania MaxEnt bazując na aktualnych danych dotyczących występowania gązewnika i dębów, a także zmiennych bioklimatycznych.

Aby ustalić, czy gązewnik europejski występuje w Polsce wśród leśników przeprowadzono ankietę dotyczącą tego gatunku. Kwestionariusz rozesłano do Regionalnych Dyrekcji Lasów Państwowych (RDLP) w Katowicach, Krakowie, Krośnie i Wrocławiu. Zapytano o to, czy leśnicy obserwowali w polskich lasach 1) krzewy gązewnika, 2) charakterystyczne zgrubienia na pędach dębów i 3) żółte owoce leżące pod dębami w okresie od stycznia do marca. Pytania zilustrowano zdjęciami.

Model MaxEnt wykazał wysoką dokładność predykcyjną (AUC = 0,92). W scenariuszach SSP126 i SSP245 przewiduje się znaczną ekspansję zasięgu w Europie Północnej i Wschodniej, przy wzroście o 43,5% i 53,9% do lat 2041–2060. W Europie Południowej może nastąpić spadek o 16,4% do 20,6%. Projekcje na lata 2061–2080 wskazują na dalszy wzrost do 65,8% w Europie Północnej, przy spadkach do 29,8% w regionach południowych, w tym w Turcji i Grecji.

Ankieta dotyczącą występowania gązewnika w Polsce wypełniło 135 leśników z 26 nadleśnictw RDLP w Katowicach, Krakowie i Wrocławiu. Wyniki wykazały, że 11,1% respondentów obserwowało krzewy gązewnika na dębach, 4,4% obserwowało charakterystyczne zgrubienia na gałęziach, a 1,5% żółte owoce pod dębami.

Nie należy ignorować zagrożenia jakie ze sobą niesie pojawienie się w lasach gązewnika europejskiego. Przypadki jego występowania mogą nie być notowane, ze względu na brak powszechnej wiedzy o tej jemioli. Uzyskane z modelu dane mogą stanowić wsparcie w podejmowaniu decyzji dotyczących gospodarki leśnej poprzez identyfikację obszarów wymagających szczególnej uwagi. Niezbędny jest monitoring występowania gązewnika, który jest podstawą do opracowania strategii hodowlano-ochronnych w drzewostanach dębowych narażonych na infekcję ze strony tego półpaszyta. Kolejnym etapem badań będzie weryfikacja terenowa zgłoszeń leśników.

Słowa kluczowe: jemiola, modelowanie, zmiany klimatu, dęby, prognozowanie

European mistletoe – present or absent? Prediction of changes in the occurrence of *Loranthus europaeus* N. J. Jacquin

Marlena Baranowska¹, Łukasz Dylewski², Robert Korzeniewicz¹, Wojciech Kowalkowski¹, Adrian Łukowski¹

¹ *Poznań University of Life Sciences, Poznań*
marlena.baranowska@up.poznan.pl

Oak stands are an important tree of Polish forests. Their share is systematically increasing, but problems in the cultivation and protection of these stands are also increasingly common. In addition to the known biotic threats from fungi, fungus-like organisms or insects, oaks are infested by the *Loranthus europaeus*, which weakens oaks, but in the case of severe infestation also leads to the death of host plants. The ongoing climate changes are conducive to the spread of this semi-parasite, and its growing population in the Czech Republic and Slovakia encourages the undertaking of actions to protect oak stands in Poland.

The aim of the study was to determine changes in the range of the occurrence of the European mistletoe in Europe and to determine whether this mistletoe is present in oak stands in Poland.

The prediction of changes in the range of the European birch bark based on predicted climate changes for the years 2041–2060 and 2061–2080 was made using MaxEnt modeling based on current data on the occurrence of the *L. europaeus* and oaks, as well as bioclimatic variables.

To determine whether the *L. europaeus* occurs in Poland, a survey concerning this species was conducted among foresters. The questionnaire was sent to the Regional Directorates of State Forests (RDLP) in Katowice, Kraków, Krosno and Wrocław. The questions were asked whether foresters observed 1) *L. europaeus* shrubs, 2) characteristic thickenings on oak shoots and 3) yellow fruits lying under oaks in the period from January to March. The questions were illustrated with photographs.

The MaxEnt model showed high prediction accuracy (AUC = 0.92). The SSP126 and SSP245 scenarios predict significant range expansion in Northern and Eastern Europe, with increases of 43.5% and 53.9% by 2041–2060. Southern Europe could see a decline of 16.4% to 20.6%. Projections for 2061–2080 indicate a further increase to 65.8% in Northern Europe, with declines of up to 29.8% in southern regions, including Turkey and Greece.

A survey on the occurrence of the *L. europaeus* in Poland was completed by 135 foresters from 26 RDLP forest districts in Katowice, Kraków and Wrocław. The results showed that 11.1% of respondents observed *L. europaeus* shrubs on oaks, 4.4% observed characteristic thickenings on oak shoots, and 1.5% observed yellow fruit under oaks.

The threat posed by the appearance of the *L. europaeus* in forests should not be ignored. Cases of its occurrence may not be recorded due to the lack of common knowledge about this mistletoe. Data obtained from the model can support decision-making regarding forest management by identifying areas requiring special attention. Monitoring the occurrence of the mistletoe is essential, which is the basis for developing breeding and protection strategies in oak stands exposed to infection by this semi-parasite. The next stage of the research will be field verification of foresters reports.

Key words: mistletoe, modelling, climate change, oaks, forecasting

Agrotechnological and biological factors of growing spring wheat in the conditions of the western forest steppe

Anastasiia Sikora

Podillia State University, Kamianets-Podilskyi, Ukraine
nasty_a_sik92@ukr.net

Spring wheat is a valuable food crop, the grain of which is used for the production of pasta and confectionery products. At the same time, in Ukraine, as well as in European countries, spring wheat is inferior to winter wheat in terms of planted areas. The main reason for the low specific weight of spring wheat in the structure of sown areas is the low yield, which does not always justify the costs of grain production.

In Ukraine, spring wheat was sown on small areas, mainly used as an insurance crop for reseeding winter wheat crops. Also, one of the reasons for insufficient distribution of spring wheat was the lack of plastic high-yielding intensive varieties. Because of this, for a long time almost no attention was paid to the development and improvement of spring wheat cultivation technology in Ukraine. In order to stabilize grain production in Ukraine, the area under spring wheat should be at least 10–15% of the area of under winter wheat, which is 600–900 thousand hectares.

V.K. Puzik and others believe that the natural and climatic conditions and fertile lands of Ukraine contribute to the cultivation of all grain crops and make it possible to obtain high-quality food grain in volumes sufficient to meet domestic needs and build export potential.

It was established that an important condition for this is the further improvement of technologies for growing grain crops, in particular spring soft wheat. However, only modern high-yielding varieties can pay well for growing costs. Therefore, the main attention should be paid to the selection of the most productive varieties of spring wheat under the given conditions, because the variety is one of the main means of increasing the productivity of agricultural crops.

Breeding work with spring wheat in Ukraine was carried out in different years in 12 institutions, where a significant number of varieties were created. According to the results of production experiments, most of them are more adapted to local conditions than varieties of foreign selection. Modern varieties have high productivity, their productivity in selection and agrotechnical experiments reaches 60-65 t/ha, and in production - 50-55 t/ha. It is known that spring wheat is quite fastidious to its predecessor. Such varieties are able to more fully realize their biological productivity potential. Spring wheat is characterized by stress resistance, it can survive in relatively dry conditions, but the presence of a sufficient amount of moisture at the beginning of the growing season is a mandatory condition. It is demanding on soil fertility. The best yield is shown on fertile and weed-free black soil and chestnut soils. Favorable soil acidity is pH at the level of 6-7.5. Therefore, in order to obtain a sufficiently high yield of spring wheat in the conditions of the Western Forest Steppe, it is necessary: First, choose the necessary spring wheat variety that would be stable and optimal for growing in this zone. Secondly, to establish the optimal sowing time when spring wheat plants can fully use the elements of agrotechnology for their growth and development and ensure the highest yield, determine the feeding area. It is also imperative to pay attention to predecessors and implementation. scientifically based crop rotation. As you know, spring wheat is quite picky about its predecessor, which affects the accumulation of moisture and nutrients in the soil and the weediness of the field.

And thirdly, for spring wheat, the use of fertilizers in all areas of crop cultivation is extremely important. In connection with the underdeveloped root system, spring wheat requires the presence of a sufficient amount of nutrients in the soil in an easily digestible form, and it is quite sensitive to the use of fertilizers.

Mykoflora okryw nasiennych w zdrowych i uszkodzonych nasionach buka zwyczajnego oraz wpływ zaprawiania nasion nanocząstkami miedzi

Marcin Beza¹, Marta Aleksandrowicz-Trzcńska², Jolanta Behnke-Borowczyk³

¹ Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Katedra Ochrony Lasu, Warszawa; Państwowe Gospodarstwo Leśne Lasy Państwowe, Leśny Bank Genów Kostrzyca, Miłków

² Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, Katedra Ochrony Lasu, Warszawa

³ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Entomologii i Fitopatologii Leśnej, Poznań
marcin.beza@lbg.lasy.gov.pl

Nasiona są siedliskiem złożonego zbiorowiska grzybów. Niektóre z nich są patogeniczne, dlatego nasiona są przedsięwzięcie traktowane fungicydami. Ochrona roślin stale poszukuje przyjaznych dla środowiska rozwiązań technologicznych. Wydaje się, że nanotechnologia może zapewnić przyjazne dla środowiska alternatywy dla zaprawiania nasion.

Celem badań było przeprowadzenie ilościowej i jakościowej analizy zbiorowiska grzybów zasiedlających okrywy nasienne zdrowych i uszkodzonych nasion buka zwyczajnego oraz ocena wpływu nanocząstek miedzi (CuNP) na skład tych zbiorowisk. Nasiona moczo w roztworze CuNP o stężeniu 50 ppm przez 30 minut. Wydzielono cztery partie nasion: kontrola – nietraktowana CuNP, 1 dzień (CuNP_1day) i 3 tygodnie po traktowaniu CuNP (CuNP_3weeks), oraz uszkodzone. Analizę zbiorowiska przeprowadzono na podstawie regionu ITS1 przy użyciu sekwencjonowania Illumina. Łącznie stwierdzono występowanie 70 taksonów grzybów i *Oomycota*. Zbiorowisko na nasionach kontrolnych obejmowało 38 taksonów, na uszkodzonych nasionach – 67, a na nasionach traktowanych CuNP, odpowiednio: po 1 dniu – 40 taksonów, po 3 tygodniach – 15. Wskaźniki dominacji, Shannona-Wienera, Simpsona i równomierności wykazały różnice w różnorodności biologicznej pomiędzy zbiorowiskami grzybów z nasion uszkodzonych i wszystkich innych partii. Pod względem składu gatunkowego (co potwierdza indeks podobieństwa Jaccarda) społeczność na uszkodzonych nasionach różniła się od partii CuNP_3weeks i była podobna do nasion kontrolnych. Na uszkodzonych nasionach dominującymi gatunkami były: *Botritis cinerea* (29,2%), *Globisporangium intermedium* (28,8%) i *Pythium dissotocum* (22,8%). Społeczności innych grup nasion były zdominowane przez *Fusicoccum quercus* i *Apiognomonina errabunda* (odpowiednio 16,9% i 34,3% na nasionach w partii CuNP_3weeks), które okazały się odporne na CuNP. Taksony należące do *Oomycota*, grzyby z rodzajów *Fusarium*, *Mucor* i *Penicillium* były wrażliwe na CuNP i nie występowały na nasionach partii CuNP_3weeks. Wyniki wskazują, że możliwe jest zastąpienie nanocząstkami tradycyjnie stosowanych fungicydów do zaprawiania nasion. W przyszłości należy przetestować inne nanocząstki lub ich mieszanki w szerszym zakresie stężeń i różnych czasów zaprawiania nasion.

Seed coat mycoflora of healthy and damage beech nuts and effect of seed treatment with copper nanoparticles

Marcin Beza¹, Marta Aleksandrowicz-Trzcińska², Jolanta Behnke-Borowczyk³

¹ *Warsaw University of Life Sciences, Department of Forest Protection, Warszawa; State Forests National Forest Holding, Kostrzyca Forest Gene Bank, Milków*

² *Warsaw University of Life Sciences, Department of Forest Protection, Warszawa*

³ *Poznań University of Life Sciences, Department of Forest Entomology and Phytopathology, Poznań*

marcin.beza@lbg.lasy.gov.pl

Seeds harbor a complex fungal community. Some of them are pathogenic, so the seeds are pre-sowing treated with fungicides. Plant protection is constantly looking for environmentally friendly technological solutions. It seems that nanotechnology can provide environmentally friendly alternatives for seed treatment.

The aim of this study was to conduct a quantitative and qualitative analysis of the composition of fungal communities inhabiting the seed coats of healthy and damaged European beech seeds, and to assess the effect of copper nanoparticles (CuNPs) on the composition of these communities. The seeds were soaked in a solution of CuNPs at the concentration of 50 ppm, for 30 minutes. There were four lots of seeds: control - not treated with CuNPs, 1 day (CuNP_1day) and 3 weeks after CuNPs (CuNP_3weeks) treatment and damaged. Community analysis was conducted based on the ITS1 region using Illumina sequencing.

In total, we found 70 taxa of fungi and *Oomycota*. The community on the control seeds numbered 38 taxa, on damaged seeds - 67, and on seeds treated with CuNPs, respectively: after 1 day - 40 taxa, after 3 weeks - 15. Dominance, Shannon–Wiener, Simpson, and Evenness indices showed differences in biological diversity among fungal communities of damaged seeds and all other lots of seeds. In terms of species composition (as confirmed by the Jaccard similarity index), the community on damaged seeds was different from CuNP_3weeks and similar to control seeds.

On damaged seeds, the dominant species were: *Botritis cinerea* (29.2%), *Globisporangium intermedium* (28,8%) and *Pythium dissotocum* (22.8%). The communities of the other seed groups were dominated by *Fusicoccum quercus* and *Apiognomonina errabunda* (16.9% and 34.3% respectively on seeds CuNP_3weeks), which proved resistant to CuNPs. Taxa belonging to the *Oomycota*, fungi of the genera *Fusarium*, *Mucor* and *Penicillium* were sensitive to CuNPs and did not occur on CuNP_3weeks seeds. The results indicate that it is possible to replace traditionally applicable fungicides for seed treatment with nanoparticles. In the future, other nanoparticles or their mixtures should be tested over a wider range of concentrations and varying seed treatment times.

Sesje terenowe





założony na początku XIX w., jeden z najstarszych w Polsce, to wyjątkowe miejsce na mapie Warszawy. W centrum stolicy, naprzeciwko Urzędu Rady Ministrów i tuż przy Parku Łazienkowskim – Łazienkach Królewskich znajdziemy mały skrawek ziemi liczący 5,16 hektara, w którym rządzi nie człowiek, ale rośliny i grzyby. Nie człowiek – bo to nie estetyka kolekcji wysuwa się na pierwszy plan jako cel istnienia tego miejsca, ale zachowanie możliwie największej kolekcji roślin, które nas zachwycają, ale również uczą. Rosną tu rośliny typowe dla Mazowsza, ale również takie, które znajdziemy w innych rejonach kraju czy świata, nieraz również rośliny unikalne. Naszą dumą jest dziwidło olbrzymie *Amorphophallus titanum* i welwiczja przedziwna *Welwitschia mirabilis*. Stare pomnikowe drzewa parku, te, które opisują nasi dziadkowie i babcie w swoich dziennikach, stanowią



wartość historyczną i emocjonalną, a kiedy padają podczas wichur to nie zostają usunięte, ale profesjonalne zabiegi ogrodników podtrzymują ich dalsze istnienie jako wysp środowiskowych, które stanowią miejsce do rozwoju dla wielu gatunków drobnych zwierząt, owadów, grzybów i śluzowców. Obserwacja natury w OBUW to radość i inspiracja, a przy tym okazja do studiowania biologii organizmów, które mają kluczowe znaczenie dla trwania życia na ziemi.

Zdając sobie sprawę z tego, że coraz liczniejsze gatunki roślin są zagrożone, a przez destrukcyjną działalność ludzką chwieją się podstawy stabilności ekosystemów chcemy poznać procesy ekologiczne. Naszą misją jest odkryć świat roślin, ochronić go i uczyć o nim dla lepszej przyszłości ludzi i innych istot.

Pracownicy Ogrodu pełnią rolę służebną wobec roślin.

Jesteśmy emisariuszami zieleni w silnie zurbanizowanym świecie betonu i szkła. Chcemy zabezpieczyć rośliny tak, by



były inspiracją dla twórców, miejsce tak, by było wytchnieniem dla Warszawiaków, chcemy poznać rośliny i grzyby przez procesy życiowe – od ich kiełkowania do obumierania, by odkryć to, co jeszcze niejasne i niepewne.

Naszą misję realizujemy w szczególności poprzez:

- tworzenie i utrzymywanie odpowiednio udokumentowanych kolekcji roślin żywych oraz przyrodniczych zbiorów o charakterze muzealnym;
- prowadzenie i udział w interdyscyplinarnych badaniach naukowych oraz poprzez udostępnianie instytucjom naukowym materiału roślinnego oraz terenu OB do badań naukowych;
- działania o charakterze konserwatorskim, mające na celu ochronę *in situ* i *ex situ* różnorodności biologicznej roślin, w szczególności gatunków ginących i zagrożonych;



świecie, więź człowieka z przyrodą oraz działania mające na celu spowolnienie zmian klimatycznych.

- dydaktykę akademicką, w szczególności skupioną na biologii i ekologii roślin i grzybów, ich różnorodności, relacjach roślin z innymi organizmami i ich kulturowej roli w społeczeństwach ludzkich;
- edukację społeczną opartą na rzetelnej wiedzy naukowej promującą metodę naukową do poznawania świata, skierowaną do wszystkich chętnych pragnących zgłębiać tajemnice roślin i całej przyrody;
- działania o charakterze społecznym, artystycznym i promocyjnym, których głównym celem jest zwrócenie uwagi na rolę roślin w

W ramach sesji terenowej PTFit zapraszamy do spaceru po naszych kolekcjach – zarówno w parku, jak i szklarniach. Opowiemy o naszej historii, o badaniach prowadzonych przez pracowników naukowych, o naszej walce z fitopatogenami, ale również o naszej zgodzie na ich istnienie.

Link do strony OBUW: <https://www.ogrod.uw.edu.pl>

Instytut Badawczy Leśnictwa (IBL)



powołano w 1930 r. jako Zakład Doświadczalny Lasów Państwowych. W 1934 r. został przekształcony w Instytut Badawczy Lasów Państwowych, a od 1945 r. istnieje pod obecną nazwą. Nadzór nad IBL sprawuje Minister Klimatu i Środowiska. W skład Instytutu wchodzi siedem zakładów naukowych. W Sękocinie Starym mieszczą się zakłady: Ekologii Lasu, Geomatyki, Hodowli Lasu i Genetyki Drzew Leśnych, Ochrony Lasu, Zarządzania Zasobami Leśnymi. W Białowieży funkcjonuje Zakład Lasów Naturalnych, a w Krakowie Zakład Lasów Górskich. Ponadto, w Sękocinie działają dwa laboratoria: Chemii Środowiska Przyrodniczego (posiada certyfikat Polskiego Centrum Akredytacji) oraz Ochrony Przeciwożarowej Lasu.



Badania naukowe i prace rozwojowe prowadzone w IBL dotyczą:

- biologii i ekologii zbiorowisk leśnych oraz właściwości środowisk i siedlisk leśnych;
 - stanu, zachowania i rozwoju zasobów leśnych oraz kształtowania ich zdolności do pełnienia różnorodnych funkcji;
 - abiotycznych, biotycznych i antropogenicznych czynników wpływających na stan lasu oraz monitoringu środowiska leśnego;
 - stabilności i produktywności ekosystemów leśnych;
- zrównoważonego użytkowania lasu wielofunkcyjnego;
 - instrumentów polityki leśnej oraz rozwoju gospodarki leśnej w skali lokalnej, regionalnej i ogólnokrajowej.

Inne zadania Instytutu obejmują m.in.: doradztwo naukowe dla instytucji i osób fizycznych, osłonę naukową wdrażania wyników badań do praktyki, opracowywanie ekspertyz i opinii, organizowanie krajowych i międzynarodowych spotkań naukowych m.in. „Zimowej Szkoły Leśnej”, prowadzenie kursów i szkoleń z zakresu gospodarki leśnej oraz edukacji przyrodniczo-leśnej (np. współorganizacja Festiwalu Nauki i Międzynarodowego Dnia Ziemi).

Instytut Badawczy Leśnictwa przygotowuje coroczne prognozy, a w szczególności:

- zagrożenia pożarowego lasu;
- występowania szkodników i patogenów leśnych;
- zagrożenia biotycznego i abiotycznego w lasach górskich.



Link do strony IBL: <https://ibles.pl>

Biblioteka Instytutu od ponad 90 lat gromadzi publikacje z zakresu leśnictwa i dziedzin pokrewnych. Jej zbiory stanowią największy w kraju i w Europie Środkowej leśny księgozbiór naukowy. Podczas sesji terenowej PTFit w Sękocinie Starym zaplanowano zwiedzanie wybranych zakładów naukowych i laboratoriów, spacer ścieżką przyrodniczo-leśną oraz lunch.

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy (IHAR-PIB)



został utworzony w 1951 r. jako placówka naukowa, do prowadzenia badań w zakresie hodowli i nasiennictwa rolniczych roślin uprawnych, technologii uprawy roślin oleistych, korzeniowych i ziemniaka oraz prac wdrożeniowych, upowszechnieniowych, normalizacyjnych i unifikacyjnych. Działalność Instytutu prowadzona jest w 22 lokalizacjach na terenie całego kraju: w oddziałach naukowych, zakładach doświadczalnych i spółkach hodowli roślin. IHAR-PIB to Instytut o dużym potencjale naukowym i rozwojowym umocowanym na trzech filarach: nauce, działaniach aplikacyjnych i wdrożeniach oraz upowszechnianiu wiedzy i komercjalizacji. Stanowi ważne zaplecze naukowo-badawcze dla polskiej hodowli i nasiennictwa rolniczych roślin uprawnych.



Dotychczasowym przedmiotem działania Instytutu jest prowadzenie badań naukowych i prac rozwojowych z zakresu agronomii, biotechnologii w rolnictwie, technologii produkcji, przechowywania i przetwórstwa roślin rolniczych i energetycznych.

Działalność Instytutu koncentruje się na:

- genetycznych podstawach hodowli roślin uprawnych;
- mechanizmach warunkujących odporność roślin na stresy biotyczne i abiotyczne;
- wykorzystaniu metod molekularnych w hodowli roślin uprawnych;
- opracowaniu nowoczesnych metod hodowli twórczej, w tym metod oceny cech użytkowych materiałów wyjściowych i hodowlanych w warunkach laboratoryjnych i polowych;
- monitorowaniu, dla potrzeb nauki i hodowli występowania w kraju gospodarczo ważnych patogenów i szkodników roślin uprawnych, w tym organizmów kwarantannowych;
- nowych technologiach i technikach przechowywania materiału siewnego; podnoszenia wartości biologicznej, technologicznej i przechowalniczej materiału siewnego odmian;
- ocenie postępu odmianowego, ekonomice hodowli i optymalizacji produkcji nasiennej roślin uprawnych;
- opracowywaniu, doskonaleniu i monitorowaniu krajowych norm nasiennych oraz metod oceny jakości materiału siewnego roślin uprawnych i sadzeniaków ziemniaka.



Instytut oferuje także usługi dla firm hodowlanych, przedsiębiorstw branżowych i placówek naukowych w zakresie:

- oceny odporności, wykrywania i identyfikacji patogenów;
- analiz biochemicznych i oceny jakości produktów roślinnych;
- wytwarzania materiałów wyjściowych do hodowli przez rekombinację i metodami biotechnologicznymi;
- identyfikacji genetycznej (fingerprinting) oraz badania ekspresji i obecności genów;
- agrotechnicznej i użytkowej oceny wartości odmian ziemniaka;
- analiz bioinformatycznych i statystycznych.



Podczas sesji terenowej PTFit w Centrali Instytutu w Radzikowie położonym na Równinie Łowicko-Błońskiej przewidziano zwiedzanie wybranych zakładów naukowych i laboratoriów oraz prezentacje poletek doświadczalnych. W programie sesji przewidziano także czas na zwiedzanie pobliskiej Żelazowej Woli.
Link do strony IHAR: <https://ihar.edu.pl>