

Obfitość grzybów fitopatogenicznych oraz pozostałych gildii w glebie, ryzosferze, korzeniach i liściach ekologicznej truskawki

Dominika Siegieda, Jacek Panek, Magdalena Frąć

Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego PAN, ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin

e-mail: d.siegieda@ipan.lublin.pl

Badania metataksonomiczne i analizy bioinformatyczne oferują szeroki zakres zastosowań, począwszy od taksonomicznego przyporządkowania wszystkich mikroorganizmów obecnych w analizowanej próbce, po wykorzystanie baz danych do predykcji charakterystyki zbiorowiska mikroorganizmów występujących w badanym środowisku. Bazami danych, które gromadzą informacje o gildiach ekologicznych i cechach troficznych grzybów, są bazy FunGuild [1] i FungalTriats [2].

W celu zbadania, w jaki sposób struktura troficzna trybów i gildie mikroorganizmów grzybowych różnią się pomiędzy typami próbek na ekologicznych plantacjach truskawki, wyizolowaliśmy DNA z gleby, gleby ryzosferowej, korzeni i pędów zebranych z ekologicznych plantacji truskawki. Następnie zamplikowaliśmy grzybowy marker identyfikacyjny ITS1 i zsekwencjonowaliśmy materiał genetyczny przy użyciu sekwenatora Illumina MiSeq. Następnie wykorzystaliśmy środowisko QIIME2 [3] i wymienione bazy danych w RStudio (ver. 4.1.2) w celu identyfikacji poziomów troficznych i przynależności do gildii badanych grzybów.

Dominującą grupą troficzną w glebie, ryzosferze i korzeniach były saprotrofy, a w pędach - patotrofy. Dalsze badania wykazały, że patogeny roślinne są najliczniejszą grupą we wszystkich rodzajach prób na analizowanych plantacjach truskawki. Wskazuje to na konieczność przywrócenia zdrowia gleb oraz odwrócenia utraty bioróżnorodności, które należą do głównych cech charakterystycznych rolnictwa regeneracyjnego [4], a także potwierdza potrzebę opracowywania i wdrażania nowych rozwiązań biotechnologicznych i narzędzi umożliwiających szybką diagnostykę, monitoring i ochronę upraw truskawki w celu zrównoważonej i ekologicznej produkcji żywności.

Praca finansowana przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu BIOSTRATEG, numer umowy BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

Literatura

1. Nguyen, N.H.; Song, Z.; Bates, S.T.; Branco, S.; Tedersoo, L.; Menke, J.; Schilling, J.S.; Kennedy, P.G. (2016) FUNGuild : An open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. *Fungal Ecology*, 20, 241–248.
2. Pöhlme, S.; Abarenkov, K.; Henrik Nilsson, R.; Lindahl, B.D.; Clemmensen, K.E.; Kausserud, H.; Nguyen, N.; Kjølner, R.; Bates, S.T.; Baldrian, P.; et al. (2020) FungalTraits: a user-friendly traits database of fungi and fungus-like stramenopiles. *Fungal Diversity*, 105, 1–16.
3. Bolyen, E.; Rideout, J.R.; Dillon, M.R.; Bokulich, N.A.; Abnet, C.C.; Al-Ghalith, G.A.; Alexander, H.; Alm, E.J.; Arumugam, M.; Asnicar, F.; et al. (2019) Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology*, 37, 852–857
4. EASAC, Regenerative agriculture in Europe A critical analysis of contributions to European Union Farm to Fork and Biodiversity Strategies. European Academies Science Advisory Council, EASAC policy report 44, pp. 70, April 2022, ISBN: 978-3-8047-4372-4, www.easac.eu

Abundance of phytopathogenic fungi and other guilds in soil, rhizosphere, roots and leaves of organic strawberry

Dominika Siegieda, Jacek Panek, Magdalena Frąć

Institute of Agrophysics, Polish Academy of Sciences, Doświadczalna 4 street, 20-290 Lublin

e-mail: d.siegieda@ipan.lublin.pl

Metataxonomic research and bioinformatical analyses offer broad range of applications, starting from taxonomic classification of all microorganisms present in a particular sample, to utilization of databases for prediction of characterization of the microbial community found in the samples being analyzed. Such two databases, that collect the information regarding fungal trophic modes and guilds, are and FunGuild [1] and FungalTriats [2] databases.

To investigate how the structure of fungal trophic modes and guilds differentiates between different sample types inorganic strawberry plantations, we isolated the DNA from bulk soil, rhizosphere soil, roots and shoots that we collected from organic plantations of strawberry. Then, we amplified the fungal identification marker ITS1 and sequenced the genetic material with Illumina MiSeq. We then used QIIME2 [3] environment and mentioned databases in RStudio (ver. 4.1.2) to parse the taxonomy with fungal trophic modes and guilds they represent.

The dominant trophic mode in bulk soil, rhizosphere soil, and roots was Saprotrophs, and in shoots - Pathotrophs. Further investigation that showed guilds within those trophic modes revealed, that Plant Pathogens are the most abundant group within all of the sample types in analyzed plantations of strawberry. This demonstrates the need to restore soil health and to reverse biodiversity loss, which are the main characteristic features of regenerative agriculture [4], and confirms the need to develop and implement new biotechnology solutions and tools for diagnosis, monitoring and protection of strawberry crops for sustainable and organic food production.

The work was financed by The National Centre for Research and Development in frame of the project BIOSTRATEG, BIOSTRATEG3/344433/16/NCBR/2018

References

1. Nguyen, N.H.; Song, Z.; Bates, S.T.; Branco, S.; Tedersoo, L.; Menke, J.; Schilling, J.S.; Kennedy, P.G. (2016) FUNGuild : An open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. *Fungal Ecology*, 20, 241–248.
2. Pöhlme, S.; Abarenkov, K.; Henrik Nilsson, R.; Lindahl, B.D.; Clemmensen, K.E.; Kausserud, H.; Nguyen, N.; Kjølner, R.; Bates, S.T.; Baldrian, P.; et al. (2020) FungalTraits: a user-friendly traits database of fungi and fungus-like stramenopiles. *Fungal Diversity*, 105, 1–16.
3. Bolyen, E.; Rideout, J.R.; Dillon, M.R.; Bokulich, N.A.; Abnet, C.C.; Al-Ghalith, G.A.; Alexander, H.; Alm, E.J.; Arumugam, M.; Asnicar, F.; et al. (2019) Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology*, 37, 852–857
4. EASAC, Regenerative agriculture in Europe A critical analysis of contributions to European Union Farm to Fork and Biodiversity Strategies. European Academies Science Advisory Council, EASAC policy report 44, pp. 70, April 2022, ISBN: 978-3-8047-4372-4, www.easac.eu