

Czy mikrobiom gleby uprawnej wpływa na rozwój chorób czarnej nóżki i mokrej zgnilizny wywoływanych przez bakterie pektynolityczne z rodzaju *Dickeya* i *Pectobacterium*?

Czynnikami chorobotwórczymi powodującymi czarną nóżkę i mokrą zgnilizną są bakterie pektynolityczne z rodzajów *Dickeya* i *Pectobacterium* zaliczane przez fitopatologów do dziesięciu najważniejszych bakteryjnych patogenów roślin. Włączone zostały do wspomnianego zestawienia z uwagi na fakt, że są one odpowiedzialne za straty sięgające około 46 mln € rocznie tylko w europejskim sektorze produkcji ziemniaka. Inne badania wskazują że bakterie pektynolityczne odpowiadają za 32% strat w sektorze produkcji ziemniaków sadzeniaków. Badania przeprowadzone przed grupę prof. Ewy Łojkowskiej potwierdzają również powszechną obecność bakterii pektynolitycznych na terenie Polski a co za tym idzie odpowiadają one za ogromne straty ekonomiczne również na terenie naszego kraju. Istotnym jest, że pomimo odnotowanych wysokich strat ekonomicznych nie opracowano jak dotąd skutecznych metod ochrony roślin przed tymi patogenami. Obecnie stosowane podejścia obejmują jedynie środki zapobiegawcze, polegające na wczesnym wykrywaniu bakterii i eliminowaniu zainfekowanego materiału siewnego jednak mają one ograniczoną skuteczność. Badania naukowe wskazują na możliwość rozprzestrzeniania się bakterii z rodzajów *Dickeya* i *Pectobacterium* nie tylko poprzez zainfekowane ziemniaki sadzeniaki, ale także przez skażoną glebę. Ze względu na to pojawiły się hipotezy, iż na występowanie na roślinach uprawnych objawów chorobowych może mieć wpływ skład mikrobiologiczny gleby czyli tzw. supresyjność gleby. Wspomniana hipoteza wskazuje, iż unikatowy skład gatunkowy mikroorganizmów obecny w glebie supresyjnej hamuje rozwój patogenów w efekcie nie pozwalając na rozwój wywoływanych przez nie objawów chorobowych na roślinach. Z kolei w przypadku gleby niesupresyjnej, jej skład mikrobiologiczny może sprzyjać podziałom komórkowym chorobotwórczych patogenów. Doniesienia o związku supresyjności gleby z rozwojem chorób powodowanych przez grzyby i bakterie takie jak: *Fusarium oxysporum*, *Rhizoctonia solani*, *Streptomyces scabies* oraz *Ralstonia solanacearum*, pochodzą z różnych regionów świata.

Jak dotąd nie analizowano natomiast związku pomiędzy supresyjnością gleby, a natężeniem objawów chorobowych powodowanych przez bakterie z rodzaju *Pectobacterium* i *Dickeya*. Dlatego w proponowanym do realizacji projekcie postawiona została hipoteza mówiąca, że hamowanie rozwoju objawów chorobowych czarnej nóżki i mokrej zgnilizny na roślinach ziemniaka może być związane ze składem mikrobiomu gleby. Celem projektu jest analiza mikrobiomu gleby z pól uprawnych ziemniaka o różnym nasileniu objawów czarnej nóżki i mokrej zgnilizny. W efekcie powinno być możliwe wytypowanie pojedynczych mikroorganizmów lub kompozycji mikroorganizmów odpowiedzialnych za hamowanie rozwoju infekcji bakteryjnych wywołanych przez bakterie z rodzajów *Dickeya* i *Pectobacterium*.

Pierwsze badania będą obejmowały wskazanie gatunków bakterii pektynolitycznych stanowiących największe zagrożenie dla upraw ziemniaka na terenie Polski. W tym celu zastosowane zostaną metody diagnostyki molekularnej (PCR) i metody spektrometryczne (MALDI-TOF-MS). Kolejno na podstawie dotychczas przeprowadzonych przez nasz zespół badań wyselekcjonowane zostaną pola uprawne ziemniaków na których występują gleby supresyjne i niesupresyjne w stosunku do bakterii powodujących choroby zwane czarną nóżką i mokrą zgnilizną. Następnie określone zostaną właściwości fizykochemiczne pobranych prób gleby w celu wykluczenia ich jako czynnika odpowiedzialnego za supresyjność gleby. W tym samym czasie zostanie określony skład mikrobiologiczny gleby klasycznymi metodami hodowlanymi. W następnym etapie w ramach badań laboratoryjnych określona zostanie przeżywalność wybranych szczepów bakterii pektynolitycznych w glebie supresyjnej i niesupresyjnej. Kolejne eksperymenty będą dotyczyły zbadania potencjału bakterii pektynolitycznych do wywoływania objawów chorobowych na roślinach ziemniaka rosnących w glebie supresyjnej i niesupresyjnej. Finalna część projektu będzie obejmowała analizę metagenomiczną ryzosfery pobieranej po okresie wegetacji ziemniaka w warunkach fitotronowych pod kątem identyfikacji mikroorganizmów obecnych w glebie a niezdolnych do wzrostu na podłożach hodowlanych, które mogą przyczyniać się do określenia gleby jako supresyjnej lub niesupresyjnej.

Planowane do przeprowadzenia w niniejszym projekcie badania mają na celu stwierdzenie czy istnieje związek między składem mikrobiomu gleb a występowaniem objawów chorobowych zwanych: czarną nóżką i mokrą zgnilizną na roślinach ziemniaka. Uzyskane wyniki powinny umożliwić wskazanie gatunków/izolatów bakterii o wysokim potencjale praktycznym – mogących po wykonaniu badań szklarniowych i/lub polowych znaleźć zastosowanie jako środki do biokontroli plantacji nasiennych ziemniaka.