

Wpływ kontaminacji gleby patogenem na skład mykobiomu ryzosfery wybranych odmian ziemniaka

Jacek Panek^{1*}, Magdalena Frąc¹, Krzysztof Treder², Anna Pawłowska², Dorota Michałowska², Stefanie N. Vink³, Joana Falcão Salles³

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

²Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin - Państwowy Instytut Badawczy, Pracownia Diagnostyki Molekularnej i Biochemii, 76-009 Bonin

³Department of Microbial Ecology, Center for Evolutionary and Ecological Studies, University of Groningen, 9700 CC, Groningen, The Netherlands

* j.panek@ipan.lublin.pl

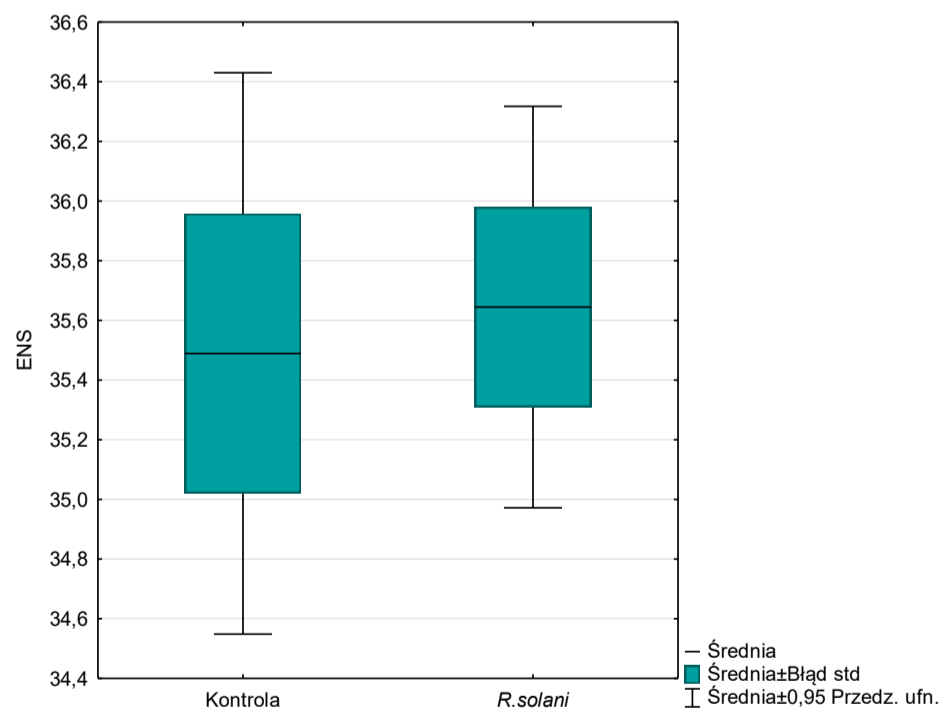
Ziemniak jest jedną z najpowszechniej uprawianych roślin na świecie, a Polska znajduje się wśród krajów o najwyższej produkcji tej rośliny w Unii Europejskiej. W ostatnich latach obserwuje się znaczny wzrost powierzchni upraw ziemniaków. Jednakże ze względu na zmieniające się warunki klimatyczne, powodujące wzrost podatności roślin na choroby, między innymi pochodzenia grzybowego, wymagania zrównoważonego rolnictwa i preferencje konsumentów, konieczne jest poszukiwanie odmian ziemniaków, które w naturalny sposób wchodzi w interakcje z pożytecznymi mikroorganizmami glebowymi oraz cechują się zwiększoną odpornością na choroby.

CEL BADAŃ

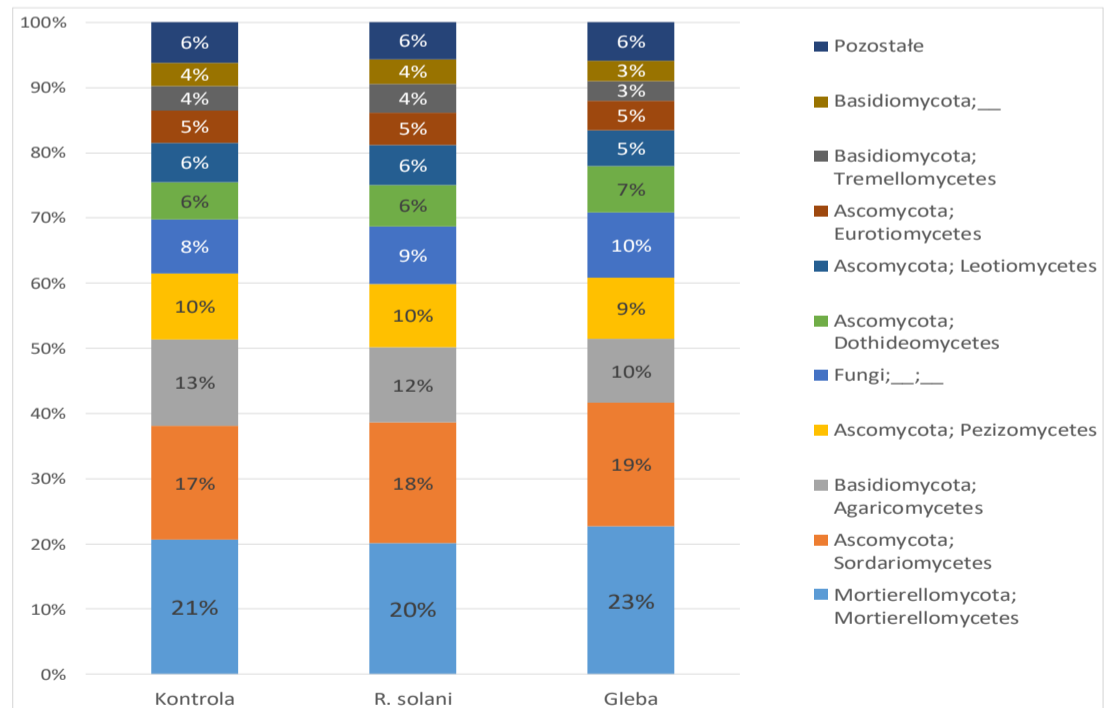
Celem badań było określenie zmian składu mykobiomu ryzosfery wybranych odmian ziemniaka pod wpływem kontaminacji gleby patogenem *Rhizoctonia solani*.

METODY

Próbki ryzosfery pobrano po 19 tygodniach wzrostu w wazonach. Badano 51 odmian ziemniaka oraz glebę kontrolną bez rośliny. Doświadczenie prowadzono w wariancie kontrolnym oraz wariancie, w którym gleba została zakażona patogenem, w 3 powtórzeniach. Zsekwencjonowano region markerowy ITS2 badanych próbek z wykorzystaniem technologii Illumina MiSeq. Uzyskane sekwencje analizowano w środowisku QIIME2, zaś identyfikację taksonomiczną wariantów sekwencji ampikonów (ASV) prowadzono w oparciu o bazę danych UNITE 8.2.



Rys. 1 Zmiana bioróżnorodności mykobiomu ryzosfery ziemniaków pod wpływem kontaminacji gleby przez *R. solani*



Rys. 2 Skład mykobiomu ryzosfery wybranych odmian ziemniaka w oparciu o analizę sekwencji ITS2

WYNIKI

W wyniku wstępnej analizy nie zaobserwowano istotnych różnic we wskaźniku bioróżnorodności ani w składzie mykobiomu pomiędzy wariantem kontrolnym, a infekowanym patogenem.



Praca finansowana przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach programu ERA-NET SusCrop, numer umowy SUSCROP/I/POTATOMETABIOME/01/2019



INSTYTUT
AGROFIZYKI
P A N