STRESZCZENIE

W celu oceny skutków oddziaływania zanieczyszczeń glebowych związkami fluoru na rośliny wykorzystano wodne ekstrakty gleby pobranej w pobliżu fermy brojlerów, w której stosowano ciprofloksacynę – antybiotyk z grupy fluorochinolonów. Ekstrakty te zastosowano jako podłoże do uprawy roślin modelowych – rzęsy drobnej (*Lemna minor* L.). W celu wykluczenia wpływu innych potencjalnych zanieczyszczeń równolegle prowadzono hodowle *L. minor* na pożywkach Murashige i Skoog'a (MS), zawierających stężenia jonów fluoru odpowiadające wartościom oznaczonym w ekstraktach glebowych. Analizie poddano cechy morfologiczne roślin, zawartość chlorofilu oraz aktywność enzymów zaangażowanych w jego metabolizm. Dodatkowo przeprowadzono eksperyment *in vitro* polegający na inkubacji komercyjnego chlorofilu *a* z NaF w celu identyfikacji potencjalnych oddziaływań chemicznych między chlorofilem a jonami fluorkowymi.

Nie stwierdzono istotnych zmian morfologicznych ani u roślin uprawianych w ekstraktach glebowych, ani w warunkach kontrolnych. W obu wariantach zaobserwowano jednak wyraźny spadek zawartości chlorofilu oraz zaburzenia aktywności enzymów uczestniczących w jego metabolizmie, w tym dehydratazy kwasu δ-aminolewulinowego (enzymu biosyntezy chlorofilu) oraz chlorofilazy (enzymu odpowiedzialnego za jego degradację). Inkubacja chlorofilu *a* z NaF *in vitro* prowadziła do przesunięć maksimum absorbancji w pasmach Soreta i Qy. Obserwowane zmiany widmowe są zbliżone do opisanych w literaturze efektów substytucji fluoru przy atomie węgla 3^2 cząsteczki chlorofilu.

Rukola (*Eruca sativa* L.) to przykład powszechnie stosowanej rośliny spożywczej. Z tego względu stanowi aplikacyjny w kontekście epidemiologicznym model do badań nad zmianami mikrobiomu roślin pod wpływem zanieczyszczeń środowiskowych. W celu porównania wpływu jonów fluorkowych oraz fluorochinolonu (pefloksacyny) na mikrobiom roślin przeprowadzono czterotygodniową uprawę *E. sativa* na glebach wzbogaconych w NaF lub pefloksacynę. Zastosowano stężenia NaF odpowiadające wartościom środowiskowych stężeń F^- oraz równomolowe stężenia antybiotyku. Następnie przeprowadzono metabarcoding ukierunkowany na 16S rDNA, co umożliwiło analizę zmian w składzie mikrobiomu ryzosfery i fylosfery. NaF i pefloksacyna nie wywołały istotnych zmian morfologicznych u *E. sativa*. Obie substancje istotnie wpływały jednak na strukturę mikrobiomu zarówno w ryzosferze, jak i w fylosferze. Zmiany były bardziej wyraźne w obrębie fylosfery, szczególnie w odniesieniu do NaF, gdzie zaobserwowano większe wahania udziału poszczególnych taksonów. W obu wariantach doszło do zaniku grup bakterii związanych ze wzrostem roślin oraz przyswajaniem azotu. W próbach z NaF odnotowano znaczący wzrost liczebności przedstawicieli rzędu

Burkholderiales w fylosferze, natomiast we wszystkich wariantach badawczych zaobserwowano zanik rodzaju *Pedobacter.* Oba taksony obejmują liczne bakterie środowiskowe, wśród których występują również gatunki oportunistycznie patogenne oraz szczepy mogące stanowić rezerwuar genów oporności na antybiotyki.

Ponadto przeprowadzono profilowanie funkcjonalne mikrobiomu z wykorzystaniem narzędzia PICRUSt2 (Phylogenetic Investigation of Communities by Reconstruction of Unobserved States). Najbardziej istotne zmiany dotyczyły liczebności genów związanych ze szlakami metabolicznymi, w szczególności zaangażowanymi w metabolizm węgla, co wskazuje na istotne zaburzenia funkcjonowania centralnych procesów metabolicznych.

Na podstawie uzyskanych wyników można stwierdzić, że składowanie odchodów drobiu pochodzącego od zwierząt poddawanych antybiotykoterapii prowadzi do uwalniania związków fluoru w ilościach szkodliwych dla roślin. Negatywne efekty ich działania ujawniają się głównie na poziomie fizjologicznym i biochemicznym, co wskazuje, że ocena morfologiczna roślin bioindykatorowych jest niewystarczająca do pełnej oceny toksyczności tych zanieczyszczeń. Uzyskane wyniki sugerują ponadto możliwość bezpośrednich oddziaływań chemicznych jonów fluorkowych z chlorofilem. Zarówno pefloksacyna, jak i jony fluorkowe wywierają silną presję selekcyjną na mikrobiom roślinny, prowadząc do eliminacji mikroorganizmów korzystnych oraz selekcji taksonów potencjalnie patogennych i lekoopornych. Zaobserwowane zmiany w profilach funkcjonalnych mikrobiomu, szczególnie w obrębie metabolizmu węgla, wskazują na głęboki wpływ tych zanieczyszczeń na funkcjonowanie ekosystemów roślinnych.