

Grzyby zasiedlające bagno zwyczajne (*Ledum palustre* L.) w Wigierskim Parku Narodowym

Fungi associated with the common marsh (*Ledum palustre* L.) in Wigry National Park

Wojciech Pusz¹ , Anna Baturo-Cieśniewska² 

¹Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Ochrony Roślin, pl. Grunwaldzki 24a, 50-363 Wrocław; ²Politechnika Bydgoska im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich, Katedra Mikrobiologii i Ekologii Roślin, Al. prof. S. Kaliskiego 7, 85-796 Bydgoszcz

*e-mail: wojciech.pusz@upwr.edu.pl

Abstract. Peat bogs serve as crucial biodiversity centers and environmental archives, yet they are highly sensitive to climate change. Fungi are excellent biological indicators used to diagnose the state of these ecosystems. The aim of this study was to investigate the fungal communities inhabiting dying common marsh plants (*Ledum palustre* L.) in the peat bogs of Wigry National Park. Field observations conducted at Suche Bagno, Słupie, and Czarna Hańcza revealed significant disease symptoms, including leaf spots (found on 100% of plants at Suche Bagno) and tip dieback in approximately 80% of older shrubs. Fungal isolates were obtained from diseased tissue and identified using both morphological and molecular methods, specifically through the analysis of ITS rDNA regions. A total of nine fungal taxa were isolated. The most frequent species were *Epicoccum nigrum* (35.1%) and *Fusarium sporotrichioides* (16.2%). The presence of *Fusarium* species in the vascular bundles is suggested as a direct cause of the wilting and decline of *L. palustre*. Other identified taxa included *Phacidium lacerum*, *Penicillium commune*, and *Alternaria alternata*. Notably, the study did not detect *Chrysomyxa ledi*, previously associated with this host. The results indicate that the poor health of the common marsh, particularly at the Suche Bagno site, acts as an indicator of deteriorating environmental conditions. Without improvement in water retention, further population decline and natural succession toward forest habitats are expected. Monitoring plant health in such protected areas allows for the early detection of ecological shifts within these sensitive habitats.

Słowa kluczowe: torfowiska, zmiany klimatu, fitopatogeny, bioindykatory

Keywords: peat bogs, climate change, phytopathogens, bioindicators

1. Wstęp

Torfowiska stanowiły i stanowią wyjątkowo ważne centra różnorodności biologicznej, a jednocześnie są najważniejszymi depozytami szczątków organizmów (archiwa przyrody) oraz układami, które dzięki dużym zasobom wody istotnie oddziałują na otaczające je tereny (retencja). Zachodzące szybko zmiany klimatu wywierają szczególnie duży wpływ na ekosystemy torfowisk, które są wyjątkowo wrażliwe na zmiany warunków środowiskowych. Najbardziej wiarygodne wyniki daje ocena zmian na podstawie stanu biowskaźników, ponieważ pokazuje reakcję żywych organizmów na różne czynniki ekologiczne. Świetnymi wskaźnikami biologicznymi, od lat wykorzystywanymi w diagnozach stanu środowiska, są organizmy zarodnikowe w tym grzyby (Pusz 2016; Patejuk i in. 2021).

Celem przeprowadzonych badań było zbadanie zbiorowisk grzybów zasiedlających zamierające rośliny bagna zwyczajnego, rosnącego na torfowiskach Wigierskiego Parku Narodowego (WPN).

2. Materiał i metody

Badania prowadzono na trzech torfowiskach: Suche Bagno, Czarna Hańcza (torfowisko nad Czarną Hańczą) oraz Słupie

(torfowisko nad Zatoką Słupiańską). Obiekty te, według „Planu ochrony Wigierskiego Parku Narodowego i obszaru Natura 2000 Ostoja Wigierska” są ściśle związane z ewolucją Jeziora Wigry i jego najbliższego otoczenia. Suche Bagno to fragment pierwotnego zasięgu Wigier po ustąpieniu lądolodu, przemodelowanego przez co najmniej dwie późno plejstoceny mega powodzie, które ukształtowały Pradolinę Biebrzy. Drugi z obiektów – Słupie, to także fragment Zagłębienia Wigierskiego, ale zdecydowanie później rozwijającego się niż Suche Bagno. Postglacjalne, oligotroficzne wody Jeziora Wigry z depozycją gytii węglanowej, wypełniały stopniowo misę jeziorną, prowadząc do defragmentacji części dawnych zatok. Trzecie torfowisko – Czarna Hańcza, jest specyficznym siedliskiem w dolinie rzeki o zlewni pojeziornej, o wyrównanym sezonowo przepływie. Analizowane torfowisko, po przebyciu późno plejstoceny rzecznej fazy sedymentacyjnej, przez długi okres holocenu funkcjonowało jako część Zatoki Hańczańskiej Jeziora Wigry. Przy wahaniach poziomu Jeziora Wigry i stałym uwodnieniu dna doliny, rozpoczął się proces torfotwórczy, jako efekt podparcia wodami podziemnymi wód wąskiej doliny rzecznej (Weckwerth i in. 2019).

Badania prowadzono w miesiącach maj – październik 2025 roku w odstępach 3-tygodniowych. W celu wyizolowania grzy-

bów z porażonych organów podczas każdego wyjazdu terenowego zostały pobrane zmienione chorobowo fragmenty roślin (np. liście, łodygi), które następnie były odkazane powierzchnio-wo w 0,5% roztworze podchlorynu sodu przez 10 sekund. Pobierano, w zależności od stopnia nasilenia objawów, od 10 do 20 organów wykazujących objawy chorobowe. Kolejnym etapem było wyłożenie fragmentów tkanki na płytkach Petriego z zestaloną pożywką glukozowo-ziemniaczaną PDA (ang. *Potato Dextrose Agar*, *Difco*). Wyrastające z porażonych organów kolonie grzybów oznaczono do gatunku na podstawie cech morfologicznych i molekularnych.

Przedmiotem analiz molekularnych były izolaty grzybów wyhodowane na płytkach Petriego z pożywką PDA pozyskane z porażonych roślin rosnących na torfowiskach w WPN w 2025 roku.

Na wybranych 27 izolatach wyodrębnionych na podstawie obserwacji mikroskopowych i makroskopowych, reprezentujących różne grupy morfologiczne, będących z dużym prawdopodobieństwem reprezentantami różnych jednostek taksonomicznych, przeprowadzono analizy bazujące na sekwencji regionów ITS (ang. *Internal Transcribed Spacer*) rDNA, mające na celu identyfikację gatunkową izolatów.

DNA izolowano ze zliofilizowanych kultur uzyskanych na pożywce glukozowo-ziemniaczanej PDB (ang. *Potato Dextrose Broth*, *Difco*). Do izolacji użyto zestawu Bead-Beat Micro AX Gravity (A&A Biotechnology). Uzyskane DNA zmierzono fluorymetrycznie na urządzeniu Quantus (Promega) i w przypadku zbyt wysokich stężeń rozcieńczono do dalszych analiz w ddH₂O do stężenia 10 ng·μL⁻¹. Reakcje PCR ze starterami ITS1/ITS4 (White i in. 1990) mające na celu amplifikację regionów ITS przeprowadzono w urządzeniu Eppendorf EP Mastercycler w objętości 37,5 μL z odczynnikami PCR Mix

Plus (A&A Biotechnology) według protokołu reakcyjnego: 95 °C – 5 min., 37 cykli × (95 °C – 1 min., 55 °C – 50 sec, 72 °C – 1 min.), 72 °C – 10 min. Obecność produktów reakcji zweryfikowano po rozdiale elektroforetycznym w buforze TBE przeprowadzonym na 1,2% żelu agarozowym z dodatkiem barwnika SimplySafe (EURX).

Produkty amplifikacji zostały oczyszczone i zsekwencjonowane przez Genomed S.A. (Polska). Sekwencjonowaniu poddano obie nici. Do analizy otrzymanych sekwencji użyto programu FinchTV 1.4 (Geospiza). Analizę ClustalW przeprowadzono w MEGA11 (Tamura i Nei 1993). Do identyfikacji gatunkowej na podstawie sekwencji ITS wykorzystano Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) w bazie NCBI (The National Center for Biotechnology Information) (National Library of Medicine 2025a). Przynależność taksonomiczną opracowano na podstawie danych pochodzących z Index Fungorum (IndexFungorum 2025) oraz NCBI taxonomy (National Library of Medicine 2025b).

3. Wyniki i dyskusja

W trakcie prowadzonych obserwacji terenowych, objawy chorobowe na roślinach bagna zwyczajnego stwierdzono na roślinach rosnących na torfowiskach Suche Bagno, Słupie i nad Czarną Hańczę. Najbardziej wyraźnie uwidoczniły się w przypadku bagna zwyczajnego rosnącego na Suchym Bagnie. Plamy na liściach notowano na 100% roślin, a blisko 80% dwuletnich i starszych krzewów wykazywało symptomy zamierania w postaci zasychania wierzchołków roślin (ryc. 1, 2).

W przypadku bagna zwyczajnego, tegoroczne przyrosty wykazywały symptomy chorobowe na torfowisku na Suchym Bagnie w nasileniu 30% (ryc. 1). Porażone starsze liście opadły



Rycina 1. Zamierająca roślina bagna zwyczajnego
Figure 1. Dying plants of the common marsh



Rycina 2. Liście bagna zwyczajnego z objawami plamistości
Figure 2. Leaves of the common marsh with spot symptoms

(ryc. 2). Taka sytuacja miała miejsce także na torfowisku w Słupiu. W przypadku torfowiska nad Czarną Hańczą nie stwierdzono objawów porażenia na roślinach bagna zwyczajnego.

W trakcie analizy mykologicznej wyisobniono ze zmienionych chorobowo tkanek bagna zwyczajnego dziewięć gatunków grzybów należących do dziewięciu rodzajów (tab. 1). Największym udziałem charakteryzowały się *Epicoccum nigrum* oraz *Fusarium sporotrichioides*. Świadczyć to może o zasiedleniu wiązek przewodzących przez grzybnię i zarodniki *Fusarium*, które mogą być bezpośrednim powodem wędnięcia bagna zwyczajnego. Grzyby tego rodzaju odpowiadać mogą za zamieranie roślin rosnących w ekstremalnych środowiskach (Elmer, Marra 2021). Grzyb *Phacidium lacerum*, stanowił ponad 13% udziału w ogólnej liczbie wyisobnionych z tkanek bagna zwyczajnego. Jest on wymieniany w literaturze jako ważny gospodarczo patogen roślin sadowniczych (Wiseman i in 2016). To także saprotrof stwierdzany na zamierających igłach sosny (Nawrot-Chorabik i in. 2016). W przypadku badanych osobników bagna zwyczajnego zasiedlał on zamierające tkanki tej rośliny. Saprotrofem jest także stwierdzany na poziomie 10% gatunek *Penicillium commune*, który jest typowym przedstawicielem zbiorowisk grzybów glebowych związanych z martwą tkanką organiczną (Požárová i in. 2001).

W warunkach kolekcji ogrodów botanicznych i arboretów roślina ta wykazywała objawy pogorszenia stanu zdrowia, objawiające się rozległą nekrozą liści, ich zamieraniem i defoliacją, co w dalszej kolejności prowadziło do usychania pędów i całych krzewów. Za głównego sprawcę zamierania liści uznaje się nekrotroficznego grzyba *Pestalotiopsis sydowia*, który stanowił 35% wszystkich wyizolowanych kolonii grzybów (Kowalik i in. 2015). Z zainfekowanych liści wyizolowano łącznie 15 gatunków grzybów. Obok dominantów, najczęściej występowały gatunki *Alternaria alternata* (10%) oraz *Epicoccum nigrum* (10%). Na liściach bytowały również takie grzyby jak: *Penicillium expansum*, *Phialophora cyclaminis*, *Phoma medicaginis*, *Leptosphaeria maculans*, *Sordaria fimicola* oraz gatunki z rodzajów *Fusarium* (np. *Fusarium oxysporum*) i *Mortierella* (Kowalik i in. 2015). Nie stwierdzono natomiast występowania grzyba, który według Crane’a (2001) jest odpowiedzialny za zamieranie bagna zwyczajnego, czyli *Chrysomyxa ledi*.

Na podstawie wykonanych badań stwierdzono, że rośliny

bagna zwyczajnego na badanym terenie wykazują wyraźne objawy chorobowe, w tym plamistość liści (u 100% roślin na Suchym Bagnie) oraz zamieranie wierzchołków pędów, które dotyczy blisko 80% dwuletnich i starszych krzewów. Za bezpośrednią przyczynę wędnięcia i zamierania roślin uznaje się grzyby z rodzaju *Fusarium* (zwłaszcza *F. sporotrichioides*), które zasiedlają wiązki przewodzące, co jest charakterystyczne dla roślin rosnących w ekstremalnych środowiskach. Niska kondycja bagna zwyczajnego, szczególnie na torfowisku Suche Bagno może być wskaźnikiem pogarszających się warunków siedliskowych i negatywnego wpływu zmian klimatycznych na ekosystemy torfowiskowe. Należy jednak przeprowadzić dokładniejsze analizy tego stanu rzeczy. W przypadku braku poprawy warunków wodnych i retencji, przewiduje się dalsze zamieranie populacji bagna zwyczajnego oraz sukcesję naturalną w kierunku innych niż borowe siedlisk leśnych co zmieni dotychczasowy charakter tych terenów. Prowadzenie regularnych badań zdrowotności roślin na obszarach chronionych pozwala na wcześniejsze wykrycie niepokojących zmian ekologicznych zachodzących w cennych przyrodniczo siedliskach (Pusz 2016). Wydaje się, że cenne byłoby kontynuowanie badań w celu określenia potencjalnego wykorzystania patogenów roślinnych jako bioindykatorów zmian na torfowiskach. Tym bardziej, że znajduje to potwierdzenie w badaniach innych autorów (Chlebicki i Olejniczak 2007).

Konflikt interesów

Autorzy deklarują brak potencjalnych konfliktów.

Źródła finansowania badań

Dofinansowano ze środków funduszu leśnego przez Lasy Państwowe, w ramach Umowy nr EZ.0290.1.61.2024 (działanie 29).

Wkład autorów

W.P. – koncepcja, prace terenowe i laboratoryjne, analiza danych, napisanie pracy; A.B-Ć – prace laboratoryjne, redakcja tekstu.

Tabela 1. Frekwencja występowania grzybów wyizolowanych z tkanek bagna zwyczajnego

Table 1. Frequency of occurrence of fungi isolated from the tissues of the common marsh

Gatunek grzyba Fungal taxa	Frekwencja występowania grzybów Frequency of occurrence of fungi [%]	Zgodność z izolatami z NCBI Concordance with isolates from NCBI [%]	Przykład zgodności z sekwencją z NCBI Example of a match with the NCBI sequence
<i>Alternaria alternata</i>	8,1	100	MT269274
<i>Apiospora arundinis</i>	2,7	100	OP237039
<i>Epicoccum nigrum</i>	35,1	100	JN545798
<i>Fusarium sporotrichioides</i>	16,2	100	AY188917
<i>Penicillium commune</i>	10,8	100	GQ340555
<i>Phacidium lacerum</i>	13,5	100	MG098312
<i>Sordaria fimicola</i>	5,4	100	PV454709
<i>Sydowia polyspora</i>	5,5	100	MH855019
<i>Trichoderma strigosellum</i>	2,7	100	Z95926

Literatura

- Chlebicki A., Olejniczak P. 2007. Symbiotic drift as a consequence of declining host populations, *Acta Biologica Cracoviensia Series Botanica* 49(1): 89–93.
- Crane PE. 2001. Morphology, taxonomy, and nomenclature of the *Chrysomyxa* ledi complex and related rust fungi on spruce and Ericaceae in North America and Europe, *Can. J. Bot.* 79: 957–982. DOI: <http://dx.doi.org/10.1139/cjb-79-8-957>.
- Elmer W.H., Marra R.E. 2011. New species of *Fusarium* associated with dieback of *Spartina alterniflora* in Atlantic salt marshes, *Mycologia*, 103(4), 806–819.
- IndexFungorum 2025. Published on the Internet <http://www.indexfungorum.org> The Royal Botanic Gardens, Kew. (dostęp 1.02.2026)
- Kowalik M., Bonio J., Duda-Franiak K. 2015. Micromycetes on ericaceous plant leaves, *Acta Mycologica* 50(1). 1055
- National Library of Medicine 2025a. Blasthome. https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome (dostęp 1.02.2026)
- National Library of Medicine 2025b. Taxonomy. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/taxonomy> (dostęp 1.02.2026)
- Nawrot-Chorabik K., Grad B., Kowalski T. 2016. Interactions between callus cultures of *Pinus sylvestris* and pine fungi with different trophic properties, *Forest Pathology* 46(3): 179–186. DOI: <https://doi.org/10.1111/efp.12240>.
- Patejuk K., Batur-Cieśniewska A., Kaczmarek-Pieńczęwska A., Pusz W. 2021. Mycobiota of peat-bog pine (*Pinus × rhaetica*) needles in the Stołowe Mountains National Park, Poland, *Nova Hedwigia* 112(1–2): 253–265. DOI: https://doi.org/10.1127/nova_hedwigia/2021/0619.
- Požárová E., Herben T., Gryndler M. 2001. Soil saprotrophic microfungi associated with roots of *Calamagrostis epigeios* on an abandoned deposit of toxic waste from smelter factory processing pyrite raw materials, *Microbial ecology* 41(2): 162–171.
- Pusz W. 2016. Plants' healthiness assessment as part of the environmental monitoring of protected mountainous area in the example of Karkonosze (Giant) Mts. (SW Poland), *Environmental Monitoring and Assessment* 188(10): 1–15. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10661-016-5551-5>
- Tamura K., Nei M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees, *Molecular Biology and Evolution* 10: 512–526.
- Weckwerth P., Wysota W., Piotrowski J.A., Adamczyk A., Krawiec A., Dąbrowski M. 2019. Late Weichselian glacier outburst in North-Eastern Poland; Landform evidence and paleohydraulic significance. *Earth-Science Reviews* 194: 216–233. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.earscirev.2019.05.006>.
- White T.J., Bruns T., Lee S., Taylor J., 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. w: M.A. Innis, D.H. Gelfand, J.J. Sninsky, T.J. White (red.) PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications. Academic Press, San Diego. s. 315–322.
- Wiseman M.S., Kim Y.K., Dugan F.M., Rogers J.D., Xiao C.L. 2016. A new postharvest fruit rot in apple and pear caused by *Phacidium lacerum*, *Plant Disease* 100(1): 32–39. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-15-0158-RE>.