



KNJIGA SAŽETAKA BOOK OF ABSTRACTS

SIMPOZIJ HDBB
s međunarodnim sudjelovanjem

HDBB SYMPOSIUM

with international participation

12. prosinca 2025, Zagreb, Hrvatska / December 12th 2025, Zagreb, Croatia

Knjiga sažetaka
Book of Abstracts

Simpozij HDBB
s međunarodnim sudjelovanjem

HDBB Symposium
with international participation

12. prosinca 2025., Zagreb, Hrvatska
December 12th 2025, Zagreb, Croatia

Knjiga sažetaka / Book of Abstracts

**Simpozij HDBB, s međunarodnim sudjelovanjem /
HDBB Symposium, with international participation**

Izdavač / Publisher:

Hrvatsko društvo za biljnu biologiju, Rooseveltov trg 6, Zagreb,
Hrvatska / Croatian Society of Plant Biologists, Rooseveltov trg 6, Zagreb,
Croatia

Urednici / Edited by:

Mirta Tkalec, Dubravko Pavoković

Naslovnica / Cover design by: Dubravko Pavoković, Mirta Tkalec

Fotografija / Photo: Waldsteinov zvončić / *Campanula waldsteinniana*

Učestalost izlaženja / Publication frequency: godišnje / yearly

ISSN 3043-7334 (Online)

Zagreb, 2025.

Organizatori / Organizers:

Hrvatsko društvo za biljnu biologiju, Zagreb / *Croatian Society of Plant Biologists, Zagreb*

Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet, Biološki odsjek, Hrvatska / *University of Zagreb, Faculty of Science, Department of Biology, Croatia*



Organizacijski odbor / Organizing Committee:

Mirta Tkalec (predsjednica/president), Dubravko Pavoković (dopredsjednik /vice-president), Sandra Vitko, Selma Mlinarić, Snježana Jurić

Znanstveni odbor / Scientific Committee:

Nataša Bauer, Lidija Kalinić, Zorana Katanić, Dubravko Pavoković, Ivna Štolfa Čamagajevac, Mirta Tkalec, Martina Varga, Željka Vidaković-Cifrek, Rosemary Vuković

Hrvatsko društvo za biljnu biologiju zahvaljuje **Geofizičkom odsjeku** Prirodoslovno-matematičkog fakulteta Sveučilišta u Zagrebu na ustupanju prostora za održavanje Simpozija.

Svi podatci navedeni u ovoj KNJIZI SAŽETAKA isključiva su odgovornost autora sažetaka. Izdavač nije odgovoran za bilo kakvu upotrebu podataka koji se pojavljuju u ovom dokumentu. Također, izdavač neće biti odgovoran za bilo kakve pogreške, jezične i slično, koje se nalaze u sažetcima autora.

All information provided in this BOOK OF ABSTRACTS are the sole responsibility of the authors of the abstracts. Publisher is not responsible for any use of the data appearing in this document. Also, the publisher shall not be liable for any kind of errors, including language mistakes, found in the abstracts.

SADRŽAJ / CONTENT

Pozvana predavanja/Invited scientists

Régis Fichot, Alexandre Duplan, Thomas Wacquet, Alain Delaunay, Isabelle Le Jan, Alexandre Mary, Mohamed Kanté, ANR EPITREE-EPIMYC-ADAAPT consortia, Stéphane Maury

Epigenetics in plants 1-2

Boris Lazarević

Primjena senzora u biljnoj fenotipizaciji: sustavi za rano otkrivanje i mjerenje stresa kod biljaka / *Sensor-based plant phenotyping: systems for early detection and measurement of plant stress* 3-4

Lucija Nuskern, Marin Ježić, Ljiljana Krstin, Zorana Katanić, Rosemary Vuković, Igor Poljak, Marilena Idžojić, Antonio Vidaković, Daniel Rigling, Simone Prospero, Mirna Ćurković-Perica

Rak kore kestena u Hrvatskoj – Biokontrola jučer, danas, sutra / *Chestnut blight in Croatia – past, present and future of biocontrol* 5-6

Predavanja

Daria Gmižić, Ivana Šola

Razvojno i temperaturno uvjetovane promjene u metabolizmu brokule / *Developmental and temperature-induced changes in broccoli metabolism* 7-8

Iva Marković, Bernard Jarić, Jana Okleštková, Jitka Šíroká, Kristina Majsec, Jasna Milanović, Snježana Kereša, Ivanka Habuš Jerčić, Ondřej Novák, Snježana Mihaljević

Uloga jasmonske kiseline u odgovoru krumpira na viroid vretenastog gomolja krumpira - analiza transkriptoma i hormona / *The role of jasmonic acid in the response of potato to potato spindle tuber viroid - transcriptome and hormone analysis* 9-10

Dorian Loknar, Daniel Hadraba, Mirta Tkalec, Biljana Balen

Vizualizacija nanočestica srebra i mikroplastike dvofotonskom konfokalnom mikroskopijom u kopnenim i vodenim biljkama / *Visualization of silver nanoparticles and microplastics using two-photon confocal microscopy in terrestrial and aquatic plants* 11-12

Bruno Komazec, Petra Peharec Štefanić

Molekularna karakterizacija izvanstaničnih polimernih tvari (EPS) u algi *Chlorella vulgaris* / *Molecular characterization of extracellular polymers substances (EPS) in the algae Chlorella vulgaris*

13-14

Kratka priopćenja

Kristina Majsec, Nikola Major, Tvrtko K. Kovačević, Iva Orehovec, Zrinka Karačić, Nenad Jasprica, Smiljana Goreta Ban, Branka Salopek-Sondi

Analiza transkriptoma divljih kupusa s Jadranskih otoka / *Transcriptome analysis of wild cabbage from Adriatic islands*

15-16

Karlo Miškec, Marta Frilin, Ivana Šola

Učinak različitih tehnika toplinske obrade na genoprotektivna svojstva i sadržaj vodikovog peroksida u brokuli, kelju i blitvi / *Impact of various thermal processing techniques on the genoprotective properties and hydrogen peroxide content in broccoli, kale, and swiss chard*

17-18

Selma Mlinarić, Martina Šrajer Gadošik, Anja Melnjak, Doria Ban, Ivna Štolfa Čamagajevac, Martina Varga, Gabrijel Mirković, Lidija Kalinić

Utjecaj biofortifikacije na fenolni profil mikrozelenja / *Biofortification-induced changes of phenolic profile in microgreens*

19-20

Martina Varga, Gabrijel Mirković, Tomislav Horvat, Tihana Miloloža

Ekofiziološki učinci smjese bisfenola / *Ecophysiological effects of bisphenol mixtures*

21-22

Barbara Tunjić, Rosemary Vuković, Ivna Štolfa Čamagajevac, Ana Vuković Popović, Marija Gelenčir, Katarina Šunić Budmir, Valentina Španić

Ekspresija gena za prijenosnike šećera u pšenici tijekom infekcije vrstama roda *Fusarium* / *Expression of sugar transporter genes in wheat during infection with Fusarium species*

23-24

Franciska Stanić, Ana Vuković Popović, Rosemary Vuković, Marija Gelenčir, Martina Jakovljević Kovač, Maja Molnar, Ivna Štolfa Čamagajevac

Fenolni spojevi u funkcionalnoj pšeničnoj travi / *Phenolic compounds in functional wheatgrass*

25-26

Krševan Medić, Gaj Keresteš, Mateja Jagić, Karlo Miškec, Nataša Bauer

Alternativno prekrajanje gena *BPM2* i temperaturno ovisna substanična lokalizacija alternativnih proteina *BPM2* / *Alternative splicing of the BPM2 gene and temperature-dependent subcellular localization of the alternative BPM2 proteins*

27-28

Marta Frlin, Karlo Miškec, Ivana Šola

Promjene profila specijaliziranih metabolita blitve (*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* 'Cicla Group') pod utjecajem različitih termičkih tretmana / *Changes in the profile of specialized metabolites in chard (Beta vulgaris subsp. vulgaris 'Cicla Group') induced by various thermal treatments*

29-30

Zrinka Karačić, Kristina Majsec, Boris Lazarević, Smiljana Goreta Ban, Branka Salopek Sondi

Bolest crne truleži kupusnjača u Hrvatskoj – preliminarni rezultati o vrsti *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* / *Black rot disease of Brassicaceae in Croatia - preliminary results on the species Xanthomonas campestris* pv. *campestris*

31-32

Sandra Vitko, Marianne Molenaar, Edita Jurak

Metagenomsko profiliranje mikrobioma jezera izloženog plastici / *Metagenomic profiling of a lake microbiome under plastic exposure*

33-34

Kazalo autora/ Author index

35

Epigenetika u biljkama

**Régis Fichot¹, Alexandre Duplan¹, Thomas Wacquet¹, Alain Delaunay¹,
Isabelle Le Jan¹, Alexandre Mary¹, Mohamed Kanté¹, ANR EPITREE-
EPIMYC-ADAAPT consortia¹, Stéphane Maury^{1*}**

¹ Physiology, Ecology and Environment (P2e), USC1328 INRAE, UR1207,
University Orléans, 45067, Orleans, Francuska

* stephane.maury@univ-orleans.fr

Ključne riječi: epigenetika; metilacija DNA; pamćenje; plastičnost; drveće

Sažetak:

Epigenetika se odnosi na nasljedne promjene u aktivnosti gena koje se javljaju bez modifikacija temeljnog slijeda DNA. U biljkama epigenetski mehanizmi, prvenstveno metilacija DNA, modifikacije histona i preuređivanje kromatina, imaju ključnu ulogu u razvojnoj regulaciji, fenotipskoj plastičnosti i reakcijama na okolišne signale. Budući da su biljke sesilne, njihova sposobnost integriranja signala iz okoliša tijekom vremena i pohranjivanja istih kao molekularne memorije ključna je za aklimatizaciju i prilagodbu. Naše istraživanje usmjereno je na epigenetsku dinamiku u stablima, s posebnim naglaskom na topolu. Koristeći metilomske, transkriptomske i ekofiziološke analize, istražujemo kako terminalni i kambijalni meristemi ili embriji reagiraju na stresove poput suše, topline i biotičkih interakcija te kako se ti signali mogu zabilježiti i prenijeti tijekom godišnjih doba ili godina. Pokazali smo da topola pokazuje stabilne promjene u metilaciji DNA izazvane sušom u vršnim meristemima izdanka, koje utječu na hormonske putove i doprinose učincima pripreme (projekti ANR-17-CE32-0009-01 EPITREE i ANR-24-PEAE-0001 PEPR ADAAPT). Linije s modificiranim mehanizmima metilacije također pokazuju poboljšanu toleranciju i promijenjene interakcije sa simbiotskim partnerima (ANR-24-CE20-5751 EPIMYC). Sveukupno, naši rezultati podupiru ključnu ulogu epigenetske regulacije u otpornosti stabala te pružaju konceptualni i metodološki okvir za integraciju epigenetske varijabilnosti u šumarstvo i strategije oplemenjivanja biljaka uz primjenu strojnog učenja.

Epigenetics in plants

**Régis Fichot¹, Alexandre Duplan¹, Thomas Wacquet¹, Alain Delaunay¹,
Isabelle Le Jan¹, Alexandre Mary¹, Mohamed Kanté¹, ANR EPITREE-
EPIMYC-ADAAPT consortia¹, Stéphane Maury^{1*}**

¹ Physiology, Ecology and Environment (P2e), USC1328 INRAE, UR1207,
University Orléans, 45067, Orleans, France

* stephane.mauray@univ-orleans.fr

Keywords: epigenetics; DNA methylation; memory; plasticity; trees

Abstract:

Epigenetics refers to heritable changes in gene activity that occur without modifications to the underlying DNA sequence. In plants, epigenetic mechanisms, primarily DNA methylation, histone modifications and chromatin remodeling, play major roles in developmental regulation, phenotypic plasticity and responses to environmental cues. Because plants are sessile, their capacity to integrate environmental signals over time and store them as molecular memory is central to acclimation and adaptation. Our research focuses on epigenetic dynamics in trees, with a particular emphasis on poplar. Using methylome, transcriptome and ecophysiological analyses, we investigate how terminal and cambial meristems or embryos respond to stresses such as drought, heat and biotic interactions, and how these signals may be recorded and transmitted across seasons or years. We demonstrated that poplar exhibits stable drought-induced DNA methylation changes in shoot apical meristems, affecting hormone pathways and contributing to priming effects (ANR-17-CE32-0009-01 EPITREE and ANR-24-PEAE-0001 PEPR ADAAPT projects). Epitype lines with modified methylation machinery also reveal enhanced tolerance and altered interactions with symbiotic partners (ANR-24-CE20-5751 EPIMYC). Altogether, our results support a major role of epigenetic regulation in tree resilience and provide a conceptual and methodological framework for integrating epigenetic variability into forestry and plant improvement strategies using machine learning.

Primjena senzora u biljnoj fenotipizaciji: sustavi za rano otkrivanje i mjerenje stresa kod biljaka

Boris Lazarević^{1,2*}

¹ Sveučilište u Zagrebu Agronomski fakultet, Svetošimunska cesta 25, Zagreb, Hrvatska

² Znanstveni centar izvrsnosti za bioraznolikost i molekularno oplemenjivanje bilja (ZCI CroP-BioDiv), Svetošimunska cesta 25, Zagreb, Hrvatska

* [*blazarevic@agr.hr*](mailto:blazarevic@agr.hr)

Ključne riječi: rano otkrivanje stresa, tehnologije snimanja, visokopropusna fenotipizacija

Sažetak:

Moderne fenotipizacijske platforme temeljene na naprednim senzorskim tehnologijama, u kombinaciji s pouzdanim protokolima za segmentaciju slika i ekstrakciju podataka, omogućuju kvantitativno praćenje fizioloških procesa u biljkama i ranih odgovora na stres uz dosad vrlo preciznu prostornu i vremensku razlučivost. Integracija termalnih, multispektralnih i hiperspektralnih snimaka, analize klorofilne fluorescencije te 3D skeniranja omogućuje detekciju suptilnih fizioloških promjena koje prethode pojavi vidljivih simptoma stresa. U predavanju će biti prikazani rezultati niza agronomskih istraživanja na različitim poljoprivrednim kulturama, s naglaskom na reakcije biljaka na nedostatak hranjiva, salinitet, sušu i stres izazvan herbicidima. Posebna pozornost posvećena je identifikaciji kvantitativnih biljega dobivenih iz slika, uključujući indekse spektralne refleksije, parametre klorofilne fluorescencije i morfološke značajke koje su se pokazale pouzdanim ranim pokazateljima stresa. Kombiniranjem više fenotipskih podataka s automatiziranim analitičkim procesima i naprednim statističkim modeliranjem postiže se veća preciznost u razlikovanju tretmana i genotipova te bolja interpretacija fizioloških mehanizama u pozadini biljnih odgovora na stres. Rezultati istraživanja naglašavaju rastuću važnost fenotipizacije temeljene na digitalnim senzorima kao ključnog alata u agronomskim istraživanjima, s velikim potencijalom primjene u oplemenjivanju bilja, preciznom upravljanju usjevima i razvoju održivih poljoprivrednih praksi.

Sensor-based plant phenotyping: systems for early detection and measurement of plant stress

Boris Lazarević^{1,2*}

¹ University of Zagreb Faculty of Agriculture, Department of Plant Nutrition, Svetošimunska cesta 25, Zagreb, Croatia

² Centre of Excellence for Biodiversity and Molecular Plant Breeding (CroP-BioDiv), Svetošimunska cesta 25, Zagreb, Croatia

* blazarevic@agr.hr

Keywords: early stress detection, high-throughput phenotyping, imaging technologies

Abstract:

Modern phenotyping platforms based on advanced sensor technologies, combined with robust pipelines for image segmentation and data extraction, enable quantitative monitoring of plant physiological processes and early stress responses with unprecedented spatial and temporal resolution. The integration of thermal, multispectral and hyperspectral imaging, chlorophyll fluorescence analysis, and 3D structural scanning provides a comprehensive overview of plant status. It allows the detection of subtle physiological alterations that precede the onset of visible symptoms. This lecture will present results from several agronomic studies across different crop species, focusing on plant responses to macronutrient deficiencies, salinity, drought, and herbicide-induced stress. Particular emphasis is placed on identifying quantitative image-derived indicators, including spectral reflectance indices, chlorophyll fluorescence parameters, and morphological traits that have proven reliable as early predictors of stress intensity and plant performance. By combining multiple streams of phenotypic data with automated analytical workflows and advanced statistical modelling, it is possible to achieve higher precision in distinguishing treatments and genotypes and to improve the interpretation of underlying physiological mechanisms of plant stress responses. These findings highlight the growing importance of imaging-assisted phenotyping as a key tool in modern agronomy, with strong potential for application in crop breeding programs, precision crop management, and the development of sustainable agricultural practices.

Rak kore kestena u Hrvatskoj – biokontrola jučer, danas, sutra

Lucija Nuskern^{1*}, Marin Ježić¹, Ljiljana Krstin², Zorana Katanić², Rosemary Vuković², Igor Poljak³, Marilena Idžojtić³, Antonio Vidaković³, Daniel Rigling⁴, Simone Prospero⁴, Mirna Ćurković-Perica¹

¹ Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet, Biološki odsjek, Marulićev trg 9a, Zagreb, Hrvatska

² Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Odjel za biologiju, Ulica cara Hadrijana 8/A, Osijek, Hrvatska

³ Sveučilište u Zagrebu, Fakultet šumarstva i drvne tehnologije, Svetošimunska cesta 23, Zagreb, Hrvatska

⁴ Eidgenössische Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL, Zürcherstrasse 111, Birmensdorf, Švicarska

* lucija.nuskern@biol.pmf.hr

Ključne riječi: CHV1, *Cryphonectria parasitica*, fitopatogene gljive, mikovirus

Sažetak:

Rak kore kestena, uzrokovan fitopatogenom gljivom *Cryphonectria parasitica*, jedna je od najrazornijih bolesti europskog pitomog kestena (*Castanea sativa*). Prirodna biokontrola temeljena na mikovirusu *Cryphonectria hypovirus 1* (CHV1) predstavlja najuspješniji oblik suzbijanja ove bolesti, budući da CHV1 smanjuje virulenciju patogena i omogućuje oporavak stabala. Učinkovitost biokontrole ovisi o dinamici interakcija između triju komponenti patosustava – gljive, virusa i domaćina. Populacije gljive *C. parasitica* često pokazuju znatnu genetsku raznolikost koja se s vremenom može povećati, kao i značajne razlike u osjetljivosti sojeva gljive na infekciju virusom CHV1, što može utjecati na uspješnost prijenosa virusa i stabilnost biokontrole. Istodobno, različiti genotipovi i populacije kestena mogu pokazivati različitu razinu otpornosti ili tolerancije na infekciju. U Hrvatskoj se posljednja dva desetljeća sustavno prate raznolikost gljive *C. parasitica* i zastupljenost virusa CHV1, pri čemu se pokazalo da su populacije patogena izrazito raznolike, ali i da je CHV1 široko rasprostranjen. Naša nedavna istraživanja dodatno potvrđuju da na progresiju bolesti raka kore kestena utječu genska pozadina gljive *C. parasitica* i virusa CHV1, individualne genetske karakteristike kestena te populacija porijekla domaćina. Ovi rezultati naglašavaju važnost holističkog pristupa pri procjeni i optimizaciji biokontrole raka kore kestena.

Chestnut blight in Croatia – past, present and future of biocontrol

Lucija Nuskern^{1*}, Marin Ježić¹, Ljiljana Krstin², Zorana Katanić², Rosemary Vuković², Igor Poljak³, Marilena Idžojtić³, Antonio Vidaković³, Daniel Rigling⁴, Simone Prospero⁴, Mirna Ćurković-Perica¹

¹ University of Zagreb, Faculty of Science, Department of Biology, Marulićev trg 9a, Zagreb, Croatia

² Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Department of Biology, Ulica cara Hadrijana 8/A, Osijek, Croatia

³ University of Zagreb, Faculty of Forestry and Wood Technology, Svetošimunska cesta 23, Zagreb, Croatia

⁴ The Swiss Federal Institute for Forest, Snow and Landscape Research WSL, Zürcherstrasse 111, Birmensdorf, Switzerland

* lucija.nuskern@biol.pmf.hr

Keywords: CHV1, *Cryphonectria parasitica*, phytopathogenic fungi, mycovirus

Abstract:

Chestnut blight, caused by the phytopathogenic fungus *Cryphonectria parasitica*, is one of the most devastating diseases of the European sweet chestnut (*Castanea sativa*). Natural biocontrol with the mycovirus *Cryphonectria hypovirus 1* (CHV1) represents the most successful disease management option, as CHV1 reduces fungal virulence and enables chestnut recovery. However, the effectiveness of biocontrol depends on the dynamics of interactions among the three constituents of the pathosystem—the fungus, the virus, and the host. Populations of *C. parasitica* exhibit considerable genetic diversity that may increase over time, as well as substantial differences in fungal strain susceptibility to CHV1 infection, which can affect the efficiency of virus transmission and stability of biocontrol. Furthermore, different chestnut genotypes and populations vary in their level of resistance or tolerance to infection. In Croatia, fungal diversity and CHV1 prevalence have been systematically monitored over the past two decades, revealing that pathogen populations are highly diverse and CHV1 is widespread. Our recent research further confirms that chestnut blight disease progression is influenced by genetic background of *C. parasitica* and CHV1, individual genetic characteristics of chestnut trees, and the population of origin of the host. These findings highlight the importance of a holistic approach in evaluating and optimizing biocontrol of chestnut blight.

Razvojno i temperaturno uvjetovane promjene u metabolizmu brokule

Daria Gmižić*, Ivana Šola

Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet, Biološki odsjek,
Horvatovac 102a, Zagreb, Hrvatska

* daria.gmizic@biol.pmf.hr

Ključne riječi: fenolni spojevi, glukozinolati, klimatske promjene, kupusnjače, visoka temperatura

Sažetak:

U ovom istraživanju analizirani su metaboliti brokule (*Brassica oleracea* var. *cymosa*) uzgojene na visokoj (VT, 38 °C 16 h/33 °C 8 h) ili sobnoj (23 °C/18 °C) temperaturi. Brokula je sakupljena u tri razvojna stadija: mikrozelenje (13 dana), klijanci (27 dana) i odrasle biljke, pri čemu su listovi i glavice analizirani odvojeno.

Koncentracija različitih skupina i pojedinačnih metabolita mjerena je spektrofotometrijskim i kromatografskim metodama. Metabolički profil brokule značajno se razlikovao među razvojnim stadijima i biljnim organima. Koncentracija kempferola se povećavala tijekom razvoja s najvišim vrijednostima u listovima, dok je koncentracija sinapinske kiseline padala. Klijanci su sadržavali najviše koncentracije kvercetina i ferulične kiseline, dok su se glavice istaknule povišenom koncentracijom L-askorbinske kiseline i glukozinolata. VT je dodatno modulirala profil metabolita, a u većini tkiva potaknula je akumulaciju šećera i prolina uz smanjenje koncentracije fotosintetskih pigmenata. U mikrozelenju je zabilježen porast koncentracije većine fenola, dok je u glavicama zabilježen pad. Unatoč utjecaju VT, koncentracija L-askorbinske kiseline bila je stabilna u ranim stadijima, a u odraslom tkivu povećana. Rezultati potvrđuju da razvojna faza snažno određuje metabolički profil brokule, dok VT specifično modulira ključne obrambene i nutritivne metabolite ovisno o stadiju i biljnom organu.

Developmental and temperature-induced changes in broccoli metabolism

Daria Gmižić*, Ivana Šola

University of Zagreb, Faculty of Science, Department of Biology, Horvatovac
102a, Zagreb, Croatia

* daria.gmizic@biol.pmf.hr

Keywords: Brassicaceae, climate change, glucosinolates, high temperature, phenolic compounds

Abstract:

This study analyzed the metabolites of broccoli (*Brassica oleracea* var. *cymosa*) cultivated at high (HT, 38 °C 16 h/33 °C 8 h) or room (23 °C/18 °C) temperature. Broccoli was collected at three developmental stages: microgreens (13 days), seedlings (27 days) and adult plants, with leaves and heads analysed separately. The concentration of metabolite groups and individual metabolites was measured using spectrophotometric and chromatographic methods. The metabolic profile of broccoli significantly differed among stages and organs. The concentration of kaempferol increased during development with the highest values recorded in leaves, while the concentration of sinapic acid decreased. Seedlings had the highest concentrations of quercetin and ferulic acid, while heads had higher concentrations of L-ascorbic acid and glucosinolates. HT further modulated the metabolic profile, and in most tissues, promoted the accumulation of sugars and proline while reducing the concentration of photosynthetic pigments. In microgreens, the concentration of most phenolics increased with HT, while a decrease was observed in heads. Despite the impact of HT, the concentration of L-ascorbic acid remained stable in younger stages, while it increased in adult tissues. The results confirm that the developmental stage strongly determines the metabolic profile of broccoli, while HT specifically modulates key defensive and nutritional metabolites depending on the stage and organ.

Uloga jasmonske kiseline u odgovoru krumpira na viroid vretenastog gomolja krumpira - analiza transkriptoma i hormona

Iva Marković¹, Bernard Jarić¹, Jana Okleštková², Jitka Široká², Kristina Majsec¹, Jasna Milanović³, Snježana Kereša⁴, Ivanka Habuš Jerčić⁴, Ondřej Novák², Snježana Mihaljević^{1*}

¹ Institut Ruđer Bošković, Zavod za molekularnu biologiju, Bijenička cesta 54, 10000 Zagreb, Hrvatska

² Palacký University, Faculty of Science, Laboratory of Growth Regulators, & Czech Academy of Sciences, Institute of Experimental Botany, Šlechtitelů 27, 77900 Olomouc, Češka

³ Hrvatska agencija za poljoprivredu i hranu, Centar za zaštitu bilja, Gorice 68b, 10000 Zagreb, Hrvatska

⁴ Sveučilište u Zagrebu, Agronomski fakultet, Odsjek za biljne znanosti, Svetošimunska cesta 25, 10000 Zagreb, Hrvatska

* Snjezana.Mihaljevic@irb.hr

Ključne riječi: biotički stres, jasmonati, krumpir, PSTVd, signalni putevi

Sažetak:

Viroid vretenastog gomolja krumpira (PSTVd) predstavlja značajnu prijetnju globalnoj proizvodnji krumpira. Jasmonska kiselina (JA) je bioaktivni spoj koji igra važnu ulogu u obrambenim odgovorima biljaka. Kako bismo bolje razumjeli biološku funkciju JA koja se nakuplja u listovima krumpira nakon infekcije PSTVd, proveli smo komparativnu transkriptomsku analizu transgeničnih JA-deficijentnih *opr3* i JA-neosjetljivih *coil* biljaka te biljaka divljeg tipa. Analiza transkriptoma otkrila je različito eksprimirane gene povezane s obrambenim odgovorima, transkripcijskim faktorima i hormonskim signalnim putevima. Inficirane *opr3* i *coil* biljke pokazale su povećanu akumulaciju viroida, ali blaže simptoma u usporedbi s biljkama divljeg tipa. Uočena je i promijenjena razina endogenih hormona, uključujući JA, auksine, abscisinsku kiselinu, brasinosteroide i salicilnu kiselinu, što sugerira da na razvoj simptoma utječu sinergističke ili antagonističke interakcije između JA i drugih hormonskih puteva. Predtretman s metil jasmonatom nije suzbio sistemsko širenje viroida u biljkama divljeg tipa i transgeničnim biljkama. Međutim, razvoj simptoma bio je manje izražen u pretretiranim biljkama divljeg tipa, što dodatno ukazuje na uključenost JA-posredovanih odgovora u razvoj simptoma. Ova studija pruža vrijedne podatke za buduće funkcionalne analize ključnih gena i za istraživanje regulatornih mehanizama bazalnog imunološkog odgovora i razvoja simptoma u interakciji krumpira i PSTVd.

The role of jasmonic acid in the response of potato to potato spindle tuber viroid - transcriptome and hormone analysis

Iva Marković¹, Bernard Jarić¹, Jana Okleštková², Jitka Široká², Kristina Majsec¹, Jasna Milanović³, Snježana Kereša⁴, Ivanka Habuš Jerčić⁴, Ondřej Novák², Snježana Mihaljević^{1*}

¹ Ruđer Bošković Institute, Division of Molecular Biology, Bijenička cesta 54, 10000 Zagreb, Croatia

² Palacký University, Faculty of Science, Laboratory of Growth Regulators, & Czech Academy of Sciences, Institute of Experimental Botany, Šlechtitelů 27, 77900 Olomouc, Czech Republic

³ Croatian Agency for Agriculture and Food, Center for Plant Protection, Gorice 68b, 10000 Zagreb, Croatia

⁴ University of Zagreb, Faculty of Agriculture, Division of Plant Science, Svetošimunska cesta 25, 10000 Zagreb, Croatia

* Snjezana.Mihaljevic@irb.hr

Keywords: biotic stress, signaling pathways, jasmonates, potato, PSTVd

Abstract:

Potato spindle tuber viroid (PSTVd) poses a significant threat to global potato production. Jasmonic acid (JA) is a bioactive compound that plays an important role in plant defense responses. To better understand the biological function of JA, which accumulates in potato leaves following PSTVd infection, we conducted a comparative transcriptomic analysis of transgenic JA-deficient *opr3* and JA-insensitive *coi1* lines compared to the wild-type plants. Transcriptomic analysis revealed differentially expressed genes associated with defense responses, transcription factors, and hormone signaling pathways. Infected *opr3* and *coi1* plants showed increased viroid accumulation but reduced symptom severity, compared to the wild-type plants. Altered levels of endogenous hormones, including JA, auxins, abscisic acid, brassinosteroids and salicylic acid were also observed, suggesting that symptom development is influenced by synergistic or antagonistic interactions between JA and other hormone pathways. Pretreatment with methyl jasmonate (MeJA) did not suppress the systemic spread of viroids in wild-type and transgenic plants. However, symptom development was less pronounced in MeJA-treated wild-type plants, further supporting the involvement of JA-mediated responses in symptom development. This study provides valuable data for future functional analyses of key genes and for investigating regulatory mechanisms underlying the basal immune response and symptom development in the potato-PSTVd interaction.

Vizualizacija nanočestica srebra i mikroplastike dvofotonskom konfokalnom mikroskopijom u kopnenim i vodenim biljkama

Dorian Loknar^{1*}, Daniel Hadraba², Mirta Tkalec¹, Biljana Balen¹

¹ Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet, Biološki odsjek, Horvátovac 102a, Zagreb, Hrvatska

² The Czech Academy of Sciences, IPHYS BioImaging Facility, Vídeňská 1083, Prag, Češka

* dorian.loknar@biol.pmf.hr

Ključne riječi: *Allium cepa*, FLIM, *Lemna minor*, lokalizacija, nanosrebro

Sažetak:

Nanočestice srebra (AgNP) i mikroplastika (MP) akumuliraju se u tlu i vodenim ekosustavima, gdje se adsorbiraju na površinu biljaka. U ovom istraživanju luk (*Allium cepa*) i vodena leća (*Lemna minor*) izloženi su djelovanju AgNP stabiliziranih omotačima cetiltrimetil amonijevim bromidom (CTAB) ili polivinilpirolidonom (PVP) te fluorescentno obilježenoj MP od polistirena (PS) i polimetil metakrilata (PMMA), samostalno ili u kombinaciji. Primjenom dvofotonske ekscitacijske mikroskopije s mikroskopijskim oslikavanjem vremena života fluorescencije (eng. *fluorescence-lifetime imaging microscopy*, FLIM) istovremeno su praćene AgNP i MP, što omogućuje njihovu lokalizaciju u određenim dijelovima korijena. AgNP se detektiraju kao čestice s kratkim životnim vijekom fluorescencije (50-100 ps), dok fluorescentno obilježena MP pokazuje znatno duži vijek (≥ 3000 ps), čime je osigurano precizno razlikovanje kombiniranih tretmana. U luku, AgNP-CTAB se jače vežu na korijen od AgNP-PVP, pri čemu AgNP i MP ne ulaze u tkivo korijena. MP-PS pokazuje veći afinitet vezanja za korijen od MP-PMMA u svim tretmanima. U vodenoj leći AgNP nisu detektirane. MP-PS je detektirana u malim količinama uz rubove i na površini listova, kao i na rukavcu korijena u samostalnim i kombiniranim tretmanima. Opažene razlike u vezanju AgNP i MP odražavaju utjecaj morfologije korijena i kemijske prirode omotača AgNP i polimera MP.

Visualization of silver nanoparticles and microplastics using two-photon confocal microscopy in terrestrial and aquatic plants

Dorian Loknar^{1*}, Daniel Hadraba², Mirta Tkalec¹, Biljana Balen¹

¹ University of Zagreb, Faculty of Science, Department of Biology, Horvatovac 102a, Zagreb, Croatia

² The Czech Academy of Sciences, IPHYS BioImaging Facility, Vídeňská 1083, Prague, Czech Republic

* dorian.loknar@biol.pmf.hr

Keywords: *Allium cepa*, FLIM, *Lemna minor*, localisation, nanosilver

Abstract:

Silver nanoparticles (AgNP) and microplastics (MP) accumulate in soil and aquatic ecosystems, where they adsorb onto plant surfaces. In this study, onion (*Allium cepa*) and duckweed (*Lemna minor*) were exposed to AgNP stabilized with either cetyltrimethyl ammonium bromide (CTAB) or polyvinylpyrrolidone (PVP), and to fluorescently labelled MP of two polymer types, polystyrene (PS) and polymethyl methacrylate (PMMA), applied individually or in combination. Two-photon excitation microscopy coupled with fluorescence-lifetime imaging microscopy (FLIM) enabled simultaneous tracking and localization of both AgNP and MP within root tissues. AgNP were detected as particles with short fluorescence lifetimes (50-100 ps), whereas fluorescent MPs exhibited longer lifetimes (≥ 3000 ps), allowing discrimination between combined treatments. In *A. cepa*, AgNP-CTAB bound more strongly to the root surface than AgNP-PVP. PS-MP showed a higher root-binding affinity than PMMA-MP. AgNP and MP do not penetrate the root tissue. In *L. minor*, AgNP were not detected. PS-MP were found in small amounts along leaf margins, on leaf surfaces, and on the root's sleeve-like structure under both individual and combined treatments. Differences in AgNP and MP binding reflect the influence of root morphology, as well as the chemical properties of AgNP stabilizing agents and MP polymers.

Molekularna karakterizacija izvanstaničnih polimernih tvari (EPS) u algi *Chlorella vulgaris*

Bruno Komazec*, Petra Peharec Štefanić

Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet, Biološki odsjek, Zavod za molekularnu biologiju, Horvatovac 102a, 10 000 Zagreb, Hrvatska

* bruno.komazec@biol.pmf.hr

Ključne riječi: analiza glikana, bioaktivni polisaharidi, MALDI-MS, strukturalna karakterizacija, uronska kiselina

Sažetak:

Izvanstanične polimerne tvari (EPS) koje izlučuju mikroalge bogate su polisaharidima, proteinima i drugim makromolekulama te pokazuju značajan antioksidacijski, antibakterijski i antitumorski potencijal. Unatoč njihovoj biotehnološkoj vrijednosti, sastav EPS-a još je nedovoljno razjašnjen, prvenstveno zato što je većina istraživanja usmjerena na profil monosaharida, koji ne otkriva strukturu viših razina, poput oligosaharida i polisaharidnih lanaca, što otežava identifikaciju stvarnih bioaktivnih komponenti. Primjenom naprednih analiza glikana EPS-a mikroalge *Chlorella vulgaris*, uključujući djelomičnu hidrolizu, pročišćavanje ekstrakcijom u čvrstoj fazi te spektrometriju masa (MALDI-TOF MS i MS/MS analize), identificirane su četiri strukturno različite vrste polisaharidnih lanaca: (i) lanac građen isključivo od uronskih kiselina koji tvori alginsku kiselinu (ii) oligoheksozni lanac, (iii) miješani lanac uronskih kiselina i heksoze te (iv) lanac heksoze i pentoze. Dominantni polisaharid bio je lanac uronskih kiselina koji se pokazao glavnim kandidatom za biološku aktivnost EPS-a. Ovi nalazi predstavljaju važan korak prema dubljem razumijevanju strukture EPS-a mikroalgi te postavljaju temelj za buduće funkcionalne studije, uključujući ispitivanje antibakterijskog, antioksidacijskog i antitumorskog potencijala te povezanosti između strukture i bioaktivnosti.

Molecular characterization of extracellular polymers substances (EPS) in the algae *Chlorella vulgaris*

Bruno Komazec*, Petra Peharec Štefanić

¹ University of Zagreb, Faculty of Science, Department of Biology, Division of Molecular Biology, Horvatovac 102a, 10000 Zagreb, Croatia

* bruno.komazec@biol.pmf.hr

Keywords: bioactive polysaccharides, glycan analysis, MALDI-MS, structural characterization, uronic acid

Abstract:

Extracellular polymeric substances (EPS) secreted by microalgae are rich in polysaccharides, proteins and other macromolecules and exhibit significant antioxidant, antibacterial and antitumor potential. Despite their biotechnological value, the composition of EPS remains insufficiently elucidated, primarily because most studies focus on monosaccharide profiling, which does not reveal higher-level structural features such as oligosaccharides and polysaccharide chains, making it difficult to identify the truly bioactive components. By applying advanced glycan analysis to the EPS of the microalga *Chlorella vulgaris*, including partial hydrolysis, SPE purification and mass spectrometry methods (MALDI-TOF MS and MS/MS analyses), four structurally distinct types of polysaccharide chains were identified: (i) a chain composed exclusively of uronic acids forming alginic acid, (ii) an oligohexose chain, (iii) a mixed chain of uronic acid and hexose and (iv) a chain consisting of hexose and pentose. The dominant polysaccharide was the uronic acid chain, which emerged as the main candidate for the biological activity of the EPS. These findings represent an important step towards a deeper understanding of microalgal EPS structure and provide a foundation for future functional studies, including investigations of antibacterial, antioxidant and antitumor potential as well as the relationship between structure and bioactivity.

Analiza transkriptoma divljih kupusa s Jadranskih otoka

Kristina Majsec^{1*}, Nikola Major², Tvrtko K. Kovačević², Iva Orehovec¹,
Zrinka Karačić¹, Nenad Jasprica³, Smiljana Goreta Ban², Branka
Salopek-Sondi¹

¹ Institut Ruđer Bošković, Zavod za molekularnu biologiju, Bijenička cesta
54, 10000 Zagreb, Hrvatska

² Institut za poljoprivredu i turizam Ulica Karla Huguesa 8, 52440 Poreč,
Hrvatska

³ Sveučilište u Dubrovniku, Institut za more i priobalje, Kneza Damjana
Jude 12, 20000 Dubrovnik, Hrvatska

* kmajsec@irb.hr

Ključne riječi: *Brassica incana*, *Brassica oleracea*, glukozinolati, polifenoli, transkriptom

Sažetak:

Napravljena je analiza transkriptoma za jedinke s četiri lokaliteta divljeg kupusa vrste *Brassica incana* te za jedinku s jednog lokaliteta raštike (*Brassica oleracea* var. *acephala*). Sjeme je prikupljeno u prirodnom okolišu na Jadranu, regenerirano u kontrolnim uvjetima te isključeno na 1% agaru u uvjetima dugog dana i pri 22 °C. Klijanci su prikupljeni i poslani na analizu u komercijalni servis, gdje je RNA izolirana, prepisana u cDNA te sekvencirana na Illumina Novaseq X platformi u triplikatima. Sirovi podatci su obrađeni, filtrirani te su očitavanja srađena s referentnim genomom *Brassica oleracea* *BOL61* s Ensembla. Diferencijalna analiza ekspresije napravljena je programskim jezikom R, usporedbom transkriptoma divljih kupusa s uzorcima raštike. Divlji kupusi s Jadranskih otoka imali su povećanu ekspresiju gena uključenih u biosintezu glukozinolata (GSL), a smanjenu ekspresiju gena u biosintezi polifenola. Za sve gene čija je uloga u biosintezi GSL poznata iz uročnjaka, identificirani su homolozi u vrsti *B. oleracea* te je povezana razina njihove ekspresije s koracima u biosintetskim putevima GSL. Divlji kupusi prikupljeni na jadranskim otocima imali su povišenu ekspresiju gena za produljivanje ugljikovodičnih lanaca alifatskih GSL te gena u početnim koracima biosinteze aromatskih i alifatskih GSL. Divlji kupus čije je sjeme prikupljeno na Palagruži imao je i povišenu ekspresiju gena u biosintezi indolnih GSL.

Transcriptome analysis of wild cabbage from Adriatic islands

**Kristina Majsec^{1*}, Nikola Major², Tvrtko K. Kovačević², Iva Orehovec¹,
Zrinka Karačić¹, Nenad Jasprica³, Smiljana Goreta Ban², Branka
Salopek-Sondi¹**

¹ Ruđer Bošković Institute, Department for Molecular Biology, Bijenička
cesta 54, 10 000 Zagreb, Croatia

² Institute for Agriculture and Tourism, Karla Huguesa 8, 52 440 Poreč,
Croatia

³ University of Dubrovnik, Institute for Marine and Coastal Research, Kneza
Damjana Jude 12, 20 000 Dubrovnik Croatia

* kmajsec@irb.hr

Keywords: *Brassica incana*, *Brassica oleracea*, glucosinolates, polyphenols, transcriptome

Abstract:

A transcriptome analysis was made for specimens at four localities of wild cabbage *Brassica incana* and a specimen at one locality of leafy kale (*Brassica oleracea* var. *acephala*). The seeds were collected in the natural environment on the Adriatic, regenerated under controlled conditions and germinated on 1% agar under long day conditions at 22 °C. Seedlings were collected and sent for analysis to the commercial service, where RNA was isolated, reverse transcribed and sequenced on Illumina Novaseq X platform in triplicates. The raw data were processed, filtered and the reads were aligned to the reference genome of *Brassica oleracea* BOL61 from Ensembl. Differential expression analysis was done with programming language R, by comparing wild cabbage to leafy kale. Wild cabbages from the Adriatic islands had an elevated expression of genes involved in the biosynthesis of glucosinolates (GSL), and a reduced expression of genes involved in the biosynthesis of polyphenols. For all the genes whose role in GSL biosynthesis is known from *Arabidopsis*, homologues were identified in *B. oleracea* and their expression levels were mapped to the steps in the GSL biosynthetic pathways. Wild cabbages from Adriatic islands had elevated expression of genes for chain elongation of aliphatic GSLs and genes in the initial steps of the biosynthesis of aromatic and aliphatic GSLs. Wild cabbage, whose seeds were collected on Palagruža, additionally had elevated expression of genes involved in biosynthesis of indole GSLs.

Učinak različitih tehnika termičke obrade na genoprotektivna svojstva i udio vodikovog peroksida u brokuli, kelju i blitvi

Karlo Miškec*, Marta Frlin, Ivana Šola

Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet, Horvátovac 102a, Zagreb, Hrvatska

* karlo.miskec@biol.pmf.hr

Ključne riječi: Brassicaceae, plazmidna DNA, test zaštite DNA od cijepanja, vodikov peroksid

Sažetak:

Termička obrada povrća utječe na oslobađanje bioaktivnih spojeva korisnih za zdravlje. Narušavanje strukture biljnog tkiva omogućuje lakšu ekstrakciju fitokemijskih spojeva, osobito polifenola, što doprinosi antioksidacijskim i genoprotektivnim učincima. U ovom radu, brokula (*Brassica oleracea* var. *italica*), kelj (*Brassica oleracea* var. *acephala*) i blitva (*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* 'Cicla Group') bili su izloženi različitim tehnikama termičke obrade (kuhanje, blanširanje, uparavanje, prženje vrućim zrakom i prženje na tavi), nakon čega smo analizirali udio vodikovog peroksida (H_2O_2) i genoprotektivne učinke i na tkivu i u vodi zaostaloj nakon kuhanja (K- H_2O), blanširanja (B- H_2O) i uparavanja (U- H_2O). Kod brokule, uzorci vode (K- H_2O i B- H_2O) pokazali su najveći genoprotektivni učinak na plazmidnu DNA. Suprotno tome, prženje brokule vrućim zrakom rezultiralo je nižim genoprotektivnim učinkom, vjerojatno zbog povišene razine endogenog H_2O_2 izmjerene u tkivu. Kod kelja, uzorak pržen na tavi imao je najveći genoprotektivni učinak, dok je uzorak B- H_2O imao najslabiji. Kelj pržen vrućim zrakom pokazao je smanjeni učinak zaštite, što bi se moglo povezati s visokim udjelom H_2O_2 . Uzorci blitve općenito su bolje očuvali strukturu DNA u usporedbi s uzorcima kelja, a najbolji učinak imala je blitva kuhana na pari, vjerojatno zbog smanjene oksidacije antioksidansa. Ovo je prvo istraživanje koje ističe mogući DNA-zaštitni potencijal vode zaostale nakon kuhanja kupusnjača kao vrijednog nusproizvoda za moguće daljnje primjene.

Impact of various thermal processing techniques on the genoprotective properties and hydrogen peroxide content in broccoli, kale, and swiss chard

Karlo Miškec*, Marta Frilin, Ivana Šola

University of Zagreb, Faculty of Science, Horvátovac 102a, Zagreb, Croatia

* karlo.miskec@biol.pmf.hr

Keywords: Brassicaceae, DNA-nicking protection assay, hydrogen peroxide content, plasmid DNA

Abstract:

Thermal processing of vegetables affects the release of bioactive compounds beneficial to health. Disruption of plant tissue structure enables easier extraction of phytochemical compounds, especially polyphenols, which contribute to antioxidant and genoprotective effects. In this study, broccoli (*Brassica oleracea* var. *italica*), kale (*Brassica oleracea* var. *acephala*) and Swiss chard (*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* “Cicla Group”) were subjected to different heat-treatment techniques (boiling, blanching, steaming, air-frying and pan-frying), after which we analyzed the hydrogen peroxide (H₂O₂) content and the genoprotective effects of the tissue and the water remaining after boiling (K-H₂O), blanching (B-H₂O), and steaming (U-H₂O). In broccoli, K-H₂O and B-H₂O showed the strongest genoprotective effect on plasmid DNA. In contrast, air-frying resulted in a lower genoprotective effect, probably due to elevated levels of endogenous H₂O₂. Among the kale samples, the pan-fried sample showed the greatest genoprotective effect, while B-H₂O showed the weakest. Air-fried kale exhibited reduced protective activity, which may be related to its high H₂O₂ content. Chard samples generally preserved DNA structure better than kale, and the best effect was observed in steamed chard, likely due to reduced oxidation of antioxidants. This is the first study to highlight the DNA-protective potential of K-H₂O and B-H₂O from brassica vegetables as a valuable by-product with possible further applications.

Utjecaj biofortifikacije na fenolni profil mikrozelenja

Selma Mlinarić^{1*}, Martina Šrajer Gadošik², Anja Melnjak¹, Doria Ban²,
Ivna Štolfa Čamagajevac¹, Martina Varga¹, Gabrijel Mirković¹, Lidija
Kalinić¹

¹ Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Odjel za biologiju, Ulica
cara Hadrijana 8/A, Osijek, Hrvatska

² Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Odjel za kemiju, Ulica
cara Hadrijana 8/A, Osijek, Hrvatska

* selma@biologija.unios.hr

Ključne riječi: Brassicaceae, HPLC, polifenoli, selen

Sažetak:

Mikrozelenje je idealan kandidat za biofortifikaciju zbog kratkog ciklusa rasta i učinkovite apsorpcije hranjivih tvari. Preliminarno istraživanje pokazalo je povoljan stimulativni učinak selena (Se) na fotosintetsku učinkovitost kod četiri hidroponski uzgojene vrste mikrozelenja roda *Brassica*: brokula, kinesko zelje, koraba i kelj. Na temelju tih rezultata, ovo je istraživanje usmjereno na utjecaj biofortifikacije na akumulaciju selena, ukupni sadržaj polifenola te fenolni profil mikrozelenja. Biljke su tretirane natrijevim selenatom (Na_2SeO_3) pri koncentracijama 0 (kontrola), 2, 5 i 10 mg L⁻¹. Analiza sadržaja selena pokazala je znatno povećanje akumulacije s porastom primijenjene koncentracije, uz izražene razlike u usvajanju selena između vrsta. Različite koncentracije selena značajno su povećale ukupni sadržaj polifenola u svim vrstama mikrozelenja, pri čemu je učinak bio najizraženiji u brokuli i korabi, a najslabiji u kelju. Profiliranje fenolnih spojeva pokazalo je da selen značajno mijenja fenolni sastav mikrozelenja, osobito u skupini fenolnih kiselina (sinapinska, kafeinska i transferulična kiselina), dok su flavonoidi (miricetin, kvercetin, apigenin i kamferol) bili neujednačeno zastupljeni među vrstama. Rezultati pokazuju da biofortifikacija selenom modulira biosintezu polifenola, pri čemu se učinci značajno razlikuju među vrstama mikrozelenja i među pojedinim fenolnim spojevima. Prema tome, za učinkovitu biofortifikaciju potrebno je optimizirati tretmane prema genotipu mikrozelenja te koncentraciji selena.

Biofortification-induced changes of phenolic profile in microgreens

Selma Mlinarić^{1*}, Martina Šrajer Gadošik², Anja Melnjak¹, Doria Ban², Ivna Štolfa Čamagajevac¹, Martina Varga¹, Gabrijel Mirković¹, Lidija Kalinić¹

¹ Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Department of Biology, Cara Hadrijana 8/A, Osijek, Croatia

² Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Department of Chemistry, Cara Hadrijana 8/A, Osijek, Croatia

* selma@biologija.unios.hr

Keywords: Brassicaceae, HPLC, polyphenolics, selenium

Abstract:

Microgreens are ideal candidates for biofortification due to their short growth cycles and efficient nutrient uptake. Our recent investigation demonstrated the beneficial stimulatory effect of selenium (Se) on photosynthetic performance in four hydroponically grown Brassica microgreens (broccoli, pak choi, kohlrabi, and kale). Building on these findings, the present study focused on the impact of biofortification on Se accumulation, total phenolic content, and phenolic profiles. The plants were treated with sodium selenate (Na_2SeO_4) at 0 (control), 2, 5, and 10 mg L⁻¹. Content analysis of Se revealed a substantial increase in Se accumulation proportional to the applied concentrations, indicating species-specific differences in Se uptake. Different Se concentrations significantly increased the total polyphenol content in all microgreens, with the strongest effect observed in broccoli and kohlrabi, and the weakest in kale. The profiling of phenolic compounds showed that Se markedly altered the phenolic composition, particularly within phenolic acids (sinapic, caffeic, and trans-ferulic acids), while flavonoids (myricetin, quercetin, apigenin, and kaempferol) appeared inconsistently across species. Overall, Se biofortification modulates polyphenol biosynthesis, with effects varying markedly among species and among individual phenolic compounds. Such results suggested genotype and dose-specific optimization for effective microgreen biofortification.

Ekofiziološki učinci smjese bisfenola

Martina Varga*, Gabrijel Mirković, Tomislav Horvat, Tihana Miloloža

Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Odjel za biologiju, Ulica
cara Hadrijana 8/A, Osijek, Hrvatska

* martina.varga@biologija.unios.hr

Ključne riječi: ekofiziologija, procjena okolišnog rizika, smjese bisfenola, vodeni makrofiti

Sažetak:

Bisfenol A (BPA), unatoč dobro dokumentiranoj toksičnosti, i dalje je jedna od najviše korištenih industrijskih kemikalija. Kao sigurnije zamjene uvedeni su strukturno slični analozi BPA, poput BPS, BPF i BPAF, no njihovi zajednički učinci još su uvijek slabo istraženi. U ovom istraživanju ispitani su ekofiziološki učinci smjese bisfenola (BPA, BPS, BPF, BPAF) na modelnu vodenu biljku *Spirodela polyrhiza* u okolišno relevantnom scenariju (engl. environmentally relevant scenario, ERS) i scenariju najgoreg slučaja (engl. worst-case scenario, WCS), pri čemu je u ERS smjesi svaki pojedini bisfenol dodan u koncentraciji 0,3125 mg L⁻¹, dok je u WCS smjesi svaki bisfenol dodan u koncentraciji 6,25 mg L⁻¹. U biljaka izloženih WCS-u zabilježena je degradacija fotosintetskih pigmenata, smanjena učinkovitost fotosustava II (F_v/F_m), pojačana peroksidacija lipida, indukcija antioksidacijskih enzima i inhibicija rasta. Suprotno tome, izloženost ERS-u potaknula je rast biljaka i povećala sadržaj fotosintetskih pigmenata, dok F_v/F_m, razina proteina i markeri oksidacijskog stresa nisu bili promijenjeni. Iako stimulacija rasta zabilježena u ERS-u može djelovati povoljno, ona može izmijeniti dinamiku životne zajednice povećanjem kompetitivnosti *S. polyrhiza* za prostor i nutrijente. Nasuprot tome, stres i inhibicija rasta u WCS-u mogu smanjiti njezinu konkurentnost i otvoriti ekološke niše tolerantnijim ili invazivnim vrstama. Stoga i niske i visoke koncentracije smjesa bisfenola mogu mijenjati strukturu biljnih zajednica kroz različite mehanizme. Ovi rezultati naglašavaju potrebu uključivanja toksičnosti smjesa u procjene okolišnog rizika.

Ecophysiological effects of bisphenol mixtures

Martina Varga*, Gabrijel Mirković, Tomislav Horvat, Tihana Miloloža

Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Department of Biology, Cara
Hadrijana 8/A, Osijek, Croatia

* martina.varga@biologija.unios.hr

Keywords: aquatic macrophytes, bisphenol mixtures, ecophysiology, environmental risk assessment

Abstract:

Bisphenol A (BPA), despite its well-documented toxicity, remains one of the most widely produced industrial chemicals. Structurally similar BPA analogues, such as BPS, BPF and BPAF, have been introduced as safer alternatives, yet their combined effects are still poorly understood. In this study, the ecophysiological effects of a bisphenol mixtures (BPA, BPS, BPF, BPAF) were investigated in the aquatic model plant *Spirodela polyrhiza* under an environmentally relevant scenario (ERS) and a worst-case scenario (WCS), with each individual bisphenol added to the mixture at a concentration of 0.3125 mg L⁻¹ in the ERS and 6.25 mg L⁻¹ in the WCS. Plants exposed to the WCS showed pronounced stress responses, including degradation of photosynthetic pigments, reduced photosystem II efficiency (F_v/F_m), increased lipid peroxidation, induction of antioxidant enzymes, and inhibited growth. ERS exposure stimulated plant growth and increased photosynthetic pigment content, while F_v/F_m , protein levels and oxidative stress markers remained unchanged. Although growth stimulation at ERS may appear beneficial, it could shift community dynamics by increasing the competitive advantage of *S. polyrhiza* for space and nutrients, potentially suppressing co-occurring species. In contrast, WCS-induced stress and growth inhibition may reduce its competitiveness and create ecological niches for more tolerant or invasive species. Thus, both low and high concentrations of bisphenol mixtures may alter aquatic plant community structure through distinct mechanisms. These findings highlight the need to include mixture toxicity in environmental risk assessments.

Ekspresija gena za prijenosnike šećera u pšenici tijekom infekcije vrstama roda *Fusarium*

Barbara Tunjić^{1*}, Rosemary Vuković¹, Ivna Štolfa Čamagajevac¹, Ana Vuković Popović¹, Marija Golenčir¹, Katarina Šunić Budmir², Valentina Španić²

¹ Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Odjel za biologiju, Ulica cara Hadrijana 8/A, Osijek, Hrvatska

² Poljoprivredni institut Osijek, Južno predgrađe 17, Osijek, Hrvatska

* barbara.tunjic@biologija.unios.hr

Ključne riječi: *Fusarium* spp., prijenosnici šećera (SWEET, SUT, MST), *Triticum aestivum*

Sažetak:

Patogeni su razvili mehanizme kojima tijekom infekcije iskorištavaju šećere koje sintetizira biljka domaćin, dok inficirane biljke modificiraju svoj sadržaj šećera i pokreću obrambene reakcije. Patogeni se natječu s biljkom za hranjive tvari, a proteinski prijenosnici šećera ključni su elementi kojima patogeni i biljka domaćin manipuliraju i antagonistički iskorištavaju za distribuciju hranjivih tvari. Cilj ovog rada bio je istražiti ulogu prijenosnika šećera u interakciji između pšenice i gljiva roda *Fusarium*, uzročnika fuzarijske paleži klasa (FHB). Istraživanje je provedeno na listu zastavičaru šest genotipova ozime pšenice inokulirane vrstama *Fusarium culmorum* i *F. graminearum*. Ekspresija gena koji kodiraju prijenosnike šećera (*SWEET15*, *SWEET16*, *SUT2A* i *MST5*) određena je kvantitativnim PCR-om. Inokulacija klasa pšenice vrstama roda *Fusarium* uzrokovala je smanjenje ekspresije gena *SWEET15*, *SWEET16*, *SUT2A* i *MST5* u listu zastavičaru većine analiziranih genotipova, u odnosu na neinokulirane biljke. Galloper, genotip otporan na FHB imao je najvišu, dok je FHB-osjetljiv genotip, El Nino, imao najnižu bazalnu ekspresiju svih gena. Velika bazalna razina ekspresije istraživanih prijenosnika šećera, u listu zastavičaru pšenice, ukazuje na učinkovitu dostupnost šećera za procese rasta i razvoja, dok represija ekspresije istih gena u prisutnosti patogena ukazuje na aktivaciju obrambenih mehanizama zatvaranjem šećernih tokova.

Expression of sugar transporter genes in wheat during infection with *Fusarium* species

Barbara Tunjić^{1*}, Rosemary Vuković¹, Ivna Štolfa Čamagajevac¹, Ana Vuković Popović¹, Marija Gelenčir¹, Katarina Šunić Budmir², Valentina Španić²

¹ Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Department of Biology, Cara Hadrijana 8/A, Osijek, Croatia

² Agricultural Institute Osijek, Južno predgrađe 17, Osijek, Croatia

* barbara.tunjic@biologija.unios.hr

Keywords: *Fusarium* spp., sugar transporters (SWEET, SUT, MST), *Triticum aestivum*

Abstract:

Pathogens have evolved mechanisms that, during infection, enable them to exploit the sugars synthesised by the host plant, while the host plant modulates its sugar pool and activates defense responses. Pathogens compete with the host for nutrients, and sugar transporter proteins constitute key molecular components that both, the pathogen and the plant, antagonistically manipulate for nutrient allocation. The aim of this study is to investigate whether gene expression for sugar transporters is affected by the interaction between wheat and *Fusarium* species, the causal agents of Fusarium head blight (FHB). The research was conducted on the flag leaf of six winter wheat genotypes inoculated with *Fusarium culmorum* and *F. graminearum*. Expression of genes encoding sugar transporters (*SWEET15*, *SWEET16*, *SUT2A* and *MST5*) was determined by quantitative PCR. Inoculation of wheat spikes with *Fusarium* spp. resulted in reduced expression of *SWEET15*, *SWEET16*, *SUT2A* and *MST5* in the flag leaf of most genotypes compared with non-inoculated plants. Galloper, the FHB-resistant genotype, exhibited the highest basal expression of all genes, while the FHB-susceptible genotype El Nino showed the lowest. High basal expression of the investigated sugar transporters in the wheat flag leaf suggests efficient sugar availability to support growth and development, whereas pathogen-induced repression of these genes indicates activation of defense mechanisms through restriction of sugar fluxes.

Fenolni spojevi u funkcionalnoj pšeničnoj travi

Franciska Stanić^{1*}, Ana Vuković Popović¹, Rosemary Vuković¹, Marija Gelenčir¹, Martina Jakovljević Kovač², Maja Molnar², Ivna Štolfa Čamagajevac¹

¹ Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Odjel za biologiju, Cara Hadrijana 8A, Osijek, Hrvatska

² Sveučilište Josipa Jurja Strossmayera u Osijeku, Prehrambeno tehnološki fakultet Osijek, Franje Kuhača 18, Osijek, Hrvatska

* franciska.stanic@biologija.unios.hr

Ključne riječi: fenolne kiseline, flavonoidi, pšenična trava, selenat, selenit

Sažetak:

Sadržaj selena u prehrani prvenstveno odražava njegovu dostupnost u tlu, a brojna područja siromašna selenom povezana su s povećanim rizikom od malnutricije. Problem smanjenog unosa selena može se ublažiti ili riješiti biofortifikacijom biljaka te različitim dodacima prehrani. Pšenična trava (*Triticum aestivum* L.) postala je uobičajen dodatak prehrani zbog svoje nutritivne vrijednosti. Budući da su biljke glavni izvor selena u ljudskoj prehrani, ovo je istraživanje bilo usmjereno na dobivanje pšenične trave obogaćene ovim elementom. Cilj istraživanja je bio utvrditi utjecaj selenata i selenita u različitim koncentracijama na fenilpropanoidni put, odnosno na sadržaj fenolnih spojeva pšenične trave. Profil fenolnih spojeva kvantitativno i kvalitativno je određen primjenom tekućinske kromatografije visoke djelotvornosti. Obogaćivanje pšenične trave selenom rezultiralo je promjenama profila fenola, ovisno o primijenjenom kemijskom obliku i koncentraciji. Detektirane su p-kumarinska, kofeinska, klorogenska i neoklorogenska kiselina te flavonoidi luteolin, apigenin i katehini, pri čemu je klorogenska kiselina bila najzastupljenija. Tretman selenatom nije imao značajni utjecaj na sadržaj većine detektiranih fenolnih spojeva, dok je tretman selenitom značajno smanjio sadržaj neoklorogenske kiseline i luteolina, u odnosu na kontrolu. Sadržaj katehina i p-kumarinske kiseline bio je povećan uslijed oba tretmana. Dobiveni rezultati ukazuju na povećani funkcionalni potencijal pšenične trave tretirane selenatom, što može biti osobito relevantno za prehranu populacija izloženih nedostatku selena.

Phenolic compounds in functional wheatgrass

Franciska Stanić^{1*}, Ana Vuković Popović¹, Rosemary Vuković¹, Marija Gelenčir¹, Martina Jakovljević Kovač², Maja Molnar², Ivna Štolfa Čamagajevac¹

¹ Josip Juraj Strossmayer University of Osijek, Department of Biology, Cara Hadrijana 8A, Osijek, Croatia

² Juraj Strossmayer University of Osijek, Faculty of Food Technology Osijek, Franje Kuhača 18, Osijek, Croatia

* franciska.stanic@biologija.unios.hr

Keywords: flavonoids, phenolic acids, selenate, selenite, wheatgrass

Abstract:

Selenium (Se) content in the diet largely reflects its availability in soil, and many Se-deficient regions are associated with an increased risk of malnutrition. The problem of insufficient Se intake can be addressed through biofortification of crops or dietary supplements. Wheatgrass (*Triticum aestivum* L.) has become a common dietary supplement due to its nutritional value. Since plants are the main dietary source of Se, this study focused on producing Se-enriched wheatgrass. The aim of the research was to determine the impact of selenate and selenite at different concentrations on the phenylpropanoid pathway, specifically on the phenolic compound content in wheatgrass. The profile of phenolic compounds was quantitatively and qualitatively determined by high-performance liquid chromatography. Enrichment of wheatgrass with Se altered the phenolic profile, depending on the applied chemical form and concentration. The detected compounds included p-coumaric, caffeic, chlorogenic, and neochlorogenic acids, as well as the flavonoids luteolin, apigenin, and catechins, with chlorogenic acid being the most abundant. Selenate treatment had no significant effect on the content of most detected phenolic compounds, whereas selenite treatment significantly reduced the levels of neochlorogenic acid and luteolin compared to the control. The content of catechins and p-coumaric acid increased under both treatments. The results indicate an enhanced functional potential of wheatgrass treated with selenate, which may be particularly relevant for the nutrition of populations exposed to Se deficiency.

Alternativno prekranje gena *BPM2* i temperaturno ovisna substanična lokalizacija alternativnih proteina *BPM2*

Krševan Medić*, Gaj Keresteš, Mateja Jagić, Karlo Miškec, Nataša Bauer

Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet, Horvatovac 102a,
Zagreb, Hrvatska

* krsevanmedic@gmail.com; nbauer@biol.pmf.hr

Ključne riječi: alternativno prekranje, *BPM2*, lokalizacija *in planta*

Sažetak:

Proteini BPM (BTB/POZ-MATH) u vrste *Arabidopsis thaliana* djeluju kao adaptor kompleksi ubikvitinske ligaze E3 posredovanog kulinom 3 te sudjeluju u regulaciji i razgradnji različitih proteina važnih za rast, razvoj i odgovor na stres. Nakon transkripcije gena *BPM2* pre-mRNA se alternativno prekraja i kodira za više varijanti proteina *BPM2*. Uz najčešće prisutnu kanonsku varijantu *BPM2.12*, u ovom su istraživanju analizirane i alternativne varijante *BPM2.10* i *BPM2.13*, s ciljem ispitivanja njihovih potencijalnih funkcionalnih razlika u odnosu na *BPM2.12*. Odabrane varijante *BPM2* su fuzionirane s genom za zeleni fluorescentni protein (*GFP*), te je nakon agroinfiltracije listova duhana *Nicotiana benthamiana* konfokalnom mikroskopijom analizirana substanična lokalizacija proteina *BPM2.10*, *BPM2.12* i *BPM2.13* pri sobnoj (23 °C) i povišenoj temperaturi (37 °C). Kanonska varijanta *BPM2.12* je imala očekivanu, temperaturno neovisnu, nuklearnu lokalizaciju. Varijanta *BPM2.10* je pri sobnoj temperaturi lokalizirala u citosolu, a pri povišenoj temperaturi nakupljala se u jezgri, dok je varijanta *BPM2.13* lokalizirala u jezgri i citoplazmi pri 23 °C, a na povišenoj temperaturi smanjena je lokalizacija u jezgri. Razlike u substaničnoj lokalizaciji pojedinih *BPM2*-varijanti ukazuju na njihovu potencijalno različitu ulogu u regulaciji odgovora na toplinski stres i interakciju s potencijalnim proteinskim partnerima.

Alternative splicing of the BPM2 gene and temperature-dependent subcellular localization of the alternative BPM2 proteins

Krševan Medić*, Gaj Keresteš, Mateja Jagić, Karlo Miškec, Nataša Bauer

University of Zagreb, Faculty of Science, Horvatovac 102a, Zagreb, Croatia

* krsevanmedic@gmail.com; nbauer@biol.pmf.hr

Keywords: Alternative splicing, BPM2, *in planta* localization

Abstract:

BPM (BTB/POZ-MATH) proteins in *Arabidopsis thaliana* act as adaptors of the cullin 3-mediated E3 ubiquitin ligase complex and participate in the regulation and targeted degradation of diverse proteins that underpin growth, development, and stress responses. After transcription, *BPM2* pre-mRNA undergoes alternative splicing and may encode several BPM2 protein variants. In this study, the most common canonical variant, BPM2.12, and the alternative variants BPM2.10 and BPM2.13 were analyzed to examine their potential functional differences. The selected *BPM2* coding sequences were fused to the gene for green fluorescent protein (*GFP*), and following agroinfiltration of *Nicotiana benthamiana* leaves, the subcellular localization of BPM2.10, BPM2.12, and BPM2.13 was analyzed by confocal microscopy in plants maintained at room temperature (23 °C) or exposed to elevated temperature (37 °C). The canonical BPM2.12 variant showed the expected, temperature-independent nuclear localization. The BPM2.10 variant localized in the cytosol at 23 °C, whereas at elevated temperature it accumulated in the nucleus. The BPM2.13 variant was localized to both the nucleus and the cytoplasm at 23 °C, and its nuclear localization decreased at elevated temperature. The observed differences in BPM2 variant subcellular localization suggest their potentially distinct roles in the response to heat stress and in the interaction with potential protein partners.

Promjene profila specijaliziranih metabolita blitve (*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* 'Cicla Group') pod utjecajem različitih termičkih tretmana

Marta Frlin*, Karlo Miškec, Ivana Šola

Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet, Horvátovac 102a,
Zagreb, Hrvatska

* marta.frlin@biol.pmf.hr

Ključne riječi: flavonoli, flavonoidi, hidroksicimetne kiseline, proantocijanidini, tanini

Sažetak:

Povrće se prije konzumacije najčešće termički obrađuje radi poboljšanja okusa i probavljivosti. Međutim, termički tretmani mogu promijeniti koncentracije specijaliziranih metabolita (SM) te negativno utjecati na nutritivnu vrijednost i bioaktivnost povrća. U ovom radu istražen je utjecaj različitih termičkih tretmana – kuhanja, blanširanja, kuhanja na pari, blanširanja praćenog pečenjem na tavi i prženja u fritezi na vrući zrak – na SM blitve (*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* 'Cicla Group'). Kada je bilo primjenjivo, uz biljno tkivo analizirana je i voda preostala nakon tretmana kako bi se procijenio stupanj ekstrakcije spojeva u vodu. Koncentracije različitih skupina fenolnih spojeva određene su spektrofotometrijski u 70% etanolnim i vodenim ekstraktima, dok su ukupni intaktni glukozinolati kvantificirani u 80% metanolnim ekstraktima. Blitva pržena u fritezi na vrući zrak i voda preostala nakon kuhanja sadržavale su najviše ukupnih fenola, tanina, flavonoida i flavonola. Voda preostala nakon kuhanja imala je također najviše ukupnih proantocijanidina i hidroksicimetnih kiselina. Udio ukupnih glukozinolata nije bio značajno različit nakon termičkih tretmana. Rezultati pokazuju da se tijekom kuhanja znatna količina svih izmjerenih specijaliziranih metabolita ekstrahirala u vodu, što bi potencijalno moglo imati primjenu u prehrambenoj industriji. Budući da je prženje u fritezi na vrući zrak očuvalo najviše bioaktivnih spojeva, to bi mogla biti optimalna metoda pripreme blitve.

Changes in the profile of specialized metabolites in chard (*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* 'Cicla Group') induced by various thermal treatments

Marta Frlin*, Karlo Miškec, Ivana Šola

University of Zagreb, Faculty of Science, Horvatovac 102a, Zagreb, Croatia

* marta.frlin@biol.pmf.hr

Keywords: flavonoids, flavonols, hydroxycinnamic acids, proanthocyanidns, tannins

Abstract:

Vegetables are commonly thermally processed before consumption to improve flavor and digestibility. However, thermal treatments can significantly alter the concentrations of specialized metabolites and negatively affect their nutritional quality and biological activity. This study investigated the effect of different thermal processing techniques – boiling, blanching, steaming, steaming followed by pan-frying and air-frying – on the specialized metabolites of chard (*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* 'Cicla Group'). Where applicable, both plant tissue and residual cooking water were analyzed to assess the leaching of bioactive compounds. Concentrations of different groups of polyphenols were determined spectrophotometrically in 70% ethanolic and aqueous extracts, while total intact glucosinolates were quantified in 80% methanolic extracts. Air-fried chard and water remained after boiling contained the highest levels of total phenols, tannins, flavonoids and flavonols. Water remained after boiling also had the highest concentrations of total proanthocyanidins and hydroxycinnamic acids. Thermal treatments did not result in significantly different levels of total intact glucosinolates. The results demonstrate substantial extraction of all measured specialized metabolites into the cooking water, suggesting its potential for dietary use rather than disposal. Since air-frying preserved the greatest amount of bioactive compounds, it may represent the optimal thermal processing technique for chard preparation.

Bolest crne truleži kupusnjača u Hrvatskoj - preliminarni rezultati o vrsti *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*

Zrinka Karačić^{1*}, Kristina Majsec¹, Boris Lazarević², Smiljana Goreta Ban³, Branka Salopek Sondi¹

¹ Institut Ruđer Bošković, Bijenička cesta 54, Zagreb, Hrvatska

² Sveučilište u Zagrebu, Agronomski fakultet, Svetošimunska cesta 25, Zagreb, Hrvatska

³ Institut za poljoprivredu i turizam, Karla Huguesa 8, Poreč, Hrvatska

* zkaracic@irb.hr

Ključne riječi: Brassicaceae, divlji kupus, *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*

Sažetak:

Uzročnik bolesti crne truleži kupusnjača je patogen *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc), koji uzrokuje znatne gubitke u poljoprivrednoj proizvodnji. Ova bakterija širi se zaraženim sjemenom i preko tla. Zaražene biljke imaju karakteristične lezije V-oblika koje se kreću od rubova prema sredini lista, a posljedice su venuće, nekroza i oštećenja provodnih tkiva. Ekonomski gubici u proizvodnji kupusa zbog ovog patogena procjenjuju se na 50%. Trenutno nema sustavnog istraživanja prisutnosti ovog patogena na području Hrvatske. Cilj našeg istraživanja je sakupiti, identificirati i klasificirati Xcc, te ispitati otpornost lokalnih sorti kupusa i populacija divljeg kupusa sa jadranskih otoka. U preliminarnim istraživanjima identificiran je traženi patogen na tri lokacije, metodom PCR-a sa specifičnim početnicama. Naši preliminarni rezultati sugeriraju da će za taksonomsku kvantifikaciju patogena biti potrebna sekvenciranje DNA uzoraka. Nadalje, razvijamo *in vitro* test na odvojenim listovima na čvrstoj podlozi (engl. *detached leaf assay*) i metode njegove kvantifikacije nedestruktivnim mjerenjem fluorescencije klorofila i multispektralnim analizama. *In vitro* testom možemo razlikovati sorte kupusa prema otpornosti na patogen kod mladih biljaka.

Black rot disease of Brassicaceae in Croatia - preliminary results on the species *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*

Zrinka Karačić^{1*}, Kristina Majsec¹, Boris Lazarević², Smiljana Goreta Ban³, Branka Salopek Sondi¹

¹ Ruđer Bošković Institute, Bijenička cesta 54, Zagreb, Croatia

² University of Zagreb, Faculty of Agriculture, Svetošimunska cesta 25, Zagreb, Croatia

³ Institute of Agriculture and Tourism, Karla Huguesa 8, Poreč, Croatia

* zkaracic@irb.hr

Keywords: Brassicaceae, wild cabbage, *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*

Abstract:

The cause of black rot disease of cabbage is the pathogen *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc), which causes significant loss in agricultural production. This bacterium is spread by infected seeds and through the soil. Infected plants have characteristic V-shaped lesions from the edges to the middle of the leaf, and the consequences are wilting, necrosis and damage to vascular tissues. Economic losses in cabbage production due to this pathogen are estimated at 50%. There is currently no systematic research on the presence of this pathogen in Croatia. The aim of our research is to sample, identify and classify Xcc, and to examine the resistance of local cabbage varieties and wild cabbage populations from the Adriatic islands. In preliminary research, the desired pathogen was identified at three locations by PCR with specific primers. Our preliminary results suggest that DNA sequencing of samples will be required for taxonomic quantification of pathogens. Furthermore, we are developing an *in vitro* detached leaf assay and methods for quantification by non-destructive measurement of chlorophyll fluorescence and multispectral analyses. Using this assay, we can differentiate cabbage varieties according to pathogen resistance in young plants.

Metagenomsko profiliranje mikrobioma jezera izloženog plastici

Sandra Vitko^{1*}, Marianne Molenaar², Edita Jurak²

¹ Sveučilište u Zagrebu, Prirodoslovno-matematički fakultet, Horvátovac
102a, 10000 Zagreb, Hrvatska

² University of Groningen, Faculty of Science and Engineering, Nijenborgh 3,
9747 AG Groningen, Nizozemska

* sandra.vitko@biol.pmf.hr

Ključne riječi: biorazgradnja, metagenomika, plastični polimeri, slatkovodni ekosustavi

Sažetak:

Onečišćenje plastikom jedan je od najkritičnijih ekoloških izazova današnjice, potaknut eksponencijalnom proizvodnjom plastičnih materijala za jednokratnu uporabu. Određeni mikroorganizmi posjeduju enzime sposobne razgraditi specifične plastike, nudeći potencijalna biološka rješenja za ovaj problem. U ovom istraživanju, uzorci vode i sedimenta iz jezera poslužili su kao prirodni izvor mikroorganizama za probir zajednica koje potencijalno razgrađuju plastiku. Uzorci su obogaćeni s pet vrsta makroplastike dimenzija 2×1 cm: polivinil kloridom (PVC), polipropilenom (PP), obojenim polietilenom (PEc), prozirnim polietilenom (PEt) i polistirenom (PS). Svaka dva dana tijekom dva tjedna mjerena je razina CO₂ kako bi se pratila mikrobna aktivnost. Svi uzorci pokazali su kontinuirano oslobađanje CO₂, pri čemu su uzorci obogaćeni plastikom imali blago višu razinu od kontrolnih uzoraka, što ukazuje na metabolički aktivne zajednice tijekom cijelog eksperimenta. Metagenomsko profiliranje nakon dva tjedna otkrilo je da je vrsta plastike utjecala na sastav mikrobnih zajednica. Multivarijatnom analizom (PCoA) na razini porodice uočena su dva klastera. Plastike PP, PEt, PEc i PS rezultirale su sličnijim mikrobnim profilima u usporedbi s PVC-om i kontrolom. PVC je izazvao minimalne promjene u zajednicama i pokazao najveću sličnost s kontrolnim uzorcima, iako su ti rezultati i dalje vrijedni zbog velike komercijalne važnosti PVC-a. Budući da je preliminarna analiza pokazala da se mikrobne zajednice razlikuju na razini porodice ovisno o vrsti plastike, u tijeku je daljnja taksonomska karakterizacija kako bi se identificirale potencijalne vrste uključene u razgradnju plastike.

Metagenomic profiling of a lake microbiome under plastic exposure

Sandra Vitko^{1*}, Marianne Molenaar², Edita Jurak²

¹ University of Zagreb, Faculty of Science, Horvatovac 102a, 10000 Zagreb, Croatia

² University of Groningen, Faculty of Science and Engineering, Nijenborgh 3, 9747 AG Groningen, Netherlands

* sandra.vitko@biol.pmf.hr

Keywords: biodegradation, freshwater ecosystems, metagenomics, plastic polymers

Abstract:

Plastic pollution is one of today's most critical environmental challenges, driven by the exponential production of disposable plastic materials. Certain microorganisms possess enzymes capable of degrading specific plastics, offering potential biological solutions to this problem. In this study, lake water and sediment samples were used as natural microbial sources to screen for plastic-degrading communities by enrichment with five types of macroplastics measuring 2×1 cm: polyvinyl chloride (PVC), polypropylene (PP), colored polyethylene (Pec), transparent polyethylene (Pet), and polystyrene (PS). CO₂ evolution was measured every two days over two weeks to monitor microbial activity. All samples showed sustained CO₂ production, with plastic-enriched samples moderately higher than control samples, indicating metabolically active communities throughout the experiment. Metagenomic profiling after two weeks revealed that plastic type influenced microbial community composition. A multivariate analysis (PcoA) at the family level showed two clusters. The plastics PP, Pec, Pet, and PS resulted in more similar microbial assemblages compared with PVC and the control. PVC induced minimal community shifts and showed the greatest similarity to the control samples, although these findings remain relevant due to the high commercial importance of PVC. Since the preliminary analysis showed that microbial communities differ at the family level depending on the type of plastic, further taxonomic characterization is underway to identify potential species involved in plastic degradation.

Kazalo autora / Author index

- „ANR EPITREE-EPIMYC-ADAAPT consortia“ 1-2
Balen, Biljana 11-12
Ban, Doria 19-20
Bauer, Nataša 27-28
Ćurković-Perica, Mirna 5-6
Delaunay, Alain 1-2
Duplan, Alexandre 1-2
Fichot, Régis 1-2
Frilin, Marta 17-18, 29-30
Gelenčir, Marija 23-24, 25-26
Gmižić, Daria 7-8
Goreta Ban, Smiljana 15-16, 31-32
Idžojtić, Marilena 5-6
Jarić, Bernard 9-10
Habuš Jerčić, Ivanka 9-10
Hadraba, Daniel 11-12
Horvat, Tomislav 21-22
Jagić, Mateja 27-28
Jakovljević Kovač, Martina 25-26
Jasprica, Nenad 15-16
Ježić, Marin 5-6
Jurak, Edita 33-34
Kovačević, Tvrtko 15-16
Kalinić, Lidija 19-20
Kanté, Mohamed 1-2
Karačić, Zrinka 15-16, 31-32
Katanić, Zorana 5-6
Keresteš, Gaj 27-28
Kereša, Snježana 9-10
Krstin, Ljiljana 5-6
Komazec, Bruno 13-14,
Lazarević, Boris 3-4, 31-32
Le Jan, Isabelle 1-2
Loknar, Dorian 11-12
Major, Nikola 15-16
Majsec, Kristina 9-10, 15-16, 31-32
Marković, Iva 9-10
Mary, Alexandre 1-2
Mauray, Stéphane 1-2
Medić, Krševan 27-28
Melnjak, Anja 19-20
Mihaljević, Snježana 9-10
Milanović, Jasna 9-10
Miloloža, Tihana 21-22
Mirković, Gabrijel 19-20, 21-22
Miškec, Karlo 17-18, 27-28, 29-30
Mlinarić, Selma 19-20
Molenaar, Marianne 33-34
Molnar, Maja 25-26
Novák, Ondřej 9-10
Nuskern, Lucija 5-6
Jana Okleštková 9-10
Orehovec, Iva 15-16
Peharec Štefanić, Petra 13-14
Poljak, Igor 5-6
Prospero, Simone 5-6
Rigling, Daniel 5-6
Vidaković, Antonio 5-6
Salopek-Sondi, Branka 15-16, 31-32
Stanić, Franciska 25-26
Široká, Jitka 9-10
Šola, Ivana 7-8, 17-18, 29-30
Španić, Valentina 23-24
Šrajer Gadošik, Martina 19-20
Štolfa Čamagajevac, Ivna 23-24, 25-26
Šunić Budmir, Katarina 23-24
Tkalec, Mirta 11-12
Tunjić, Barbara 23-24
Varga, Martina 19-20, 21-22
Vitko, Sandra 33-34
Vuković, Rosemary 5-6, 23-24, 25-26
Vuković Popović, Ana 23-24, 25-26
Wacquet, Thomas 1-2