

Od satelitarnej do rdzeniowej mikrobioty gleb charakterystycznej dla kukurydzy w różnych systemach uprawy

Kuźniar A.¹, Kruczyńska A.¹, Jurczyk S.², Goraj W.¹, Słomczewski A.³, Podlewski J.³, Wolińska A.¹

¹Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów II, 20-708 Lublin

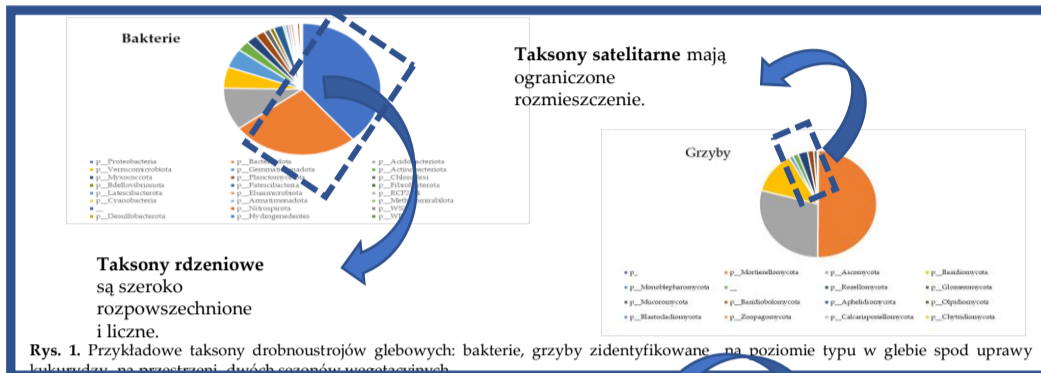
²Katedra Sztucznej Inteligencji, Wydział Nauk Przyrodniczych i Technicznych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1H, 20-708 Lublin

³CGFP Sp. z o.o. Grupa Fundacja Potulicka, Wojnowo 5, 86-014 Sienko



Cel badań

Analizy mikrobioty rdzeniowej i satelitarnej (szczególnie bakterii i grzybów) wpływającej na wielofunkcyjność ekosystemu glebowego.



Rys. 1. Przykładowe taksony drobnoustrojów glebowych: bakterie, grzyby zidentyfikowane na poziomie typu w glebie spod uprawy kukurydzy na przestrzeni dwóch sezonów wegetacyjnych.

Materiały i metody

- Próbki gleby pobrano z uprawy kukurydzy w systemie orkowym i bezorkowym. Doświadczenia polowe prowadzono w dwóch sezonach wegetacyjnych: 2021/2022 (I) i 2022/2023 (II).
- Mikrobiotę glebową pod kątem bakterii i grzybów określono stosując technikę sekwencjonowania następnej generacji amplikonów 16S i ITS (MiSeq Illumina).
- Mikrobiota rdzeniowa gleby została określona poprzez analizę wysoce obfitych (o względnej obfitości w górnych 10%) i wszechobecnych OTU (występujących w 95% wszystkich próbek gleby).
- Mikrobiota satelitarna gleby została określona poprzez analizę mało obfitych (o względnej obfitości poniżej 10%) i mało obecnych OTU (występujących w 5% wszystkich próbek gleby).

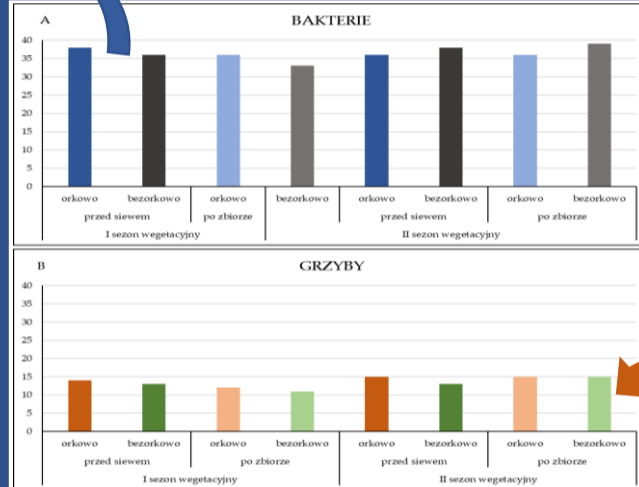
Wyniki

Analiza taksonów na poziomie TYPU rdzenia glebowego wykazała (Rys. 2):

- **I sezon wegetacyjny**
 - łącznie 52 i 48 taksonów, odpowiednio przed siewem kukurydzy i po jej zbiorze uprawianej w systemie orkowym,
 - łącznie 49 i 44 taksony odpowiednio przed siewem kukurydzy i po jej zbiorze uprawianej w systemie bezorkowym
- **II sezon wegetacyjny**
 - łącznie 51 i 51 taksonów, odpowiednio przed siewem kukurydzy i po jej zbiorze uprawianej w systemie orkowym,
 - łącznie 49 i 54 taksony odpowiednio przed siewem kukurydzy i po jej zbiorze uprawianej w systemie bezorkowym.

Tab. 1 Liczba zidentyfikowanych bakteryjnych OTU w glebie spod uprawy kukurydzy na przestrzeni dwóch sezonów wegetacyjnych.

Bakterie_OTU							
I sezon wegetacyjny							
przed siewem				po zbiorze			
orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo
rdzeniowe	satelitarnie	rdzeniowe	satelitarnie	rdzeniowe	satelitarnie	rdzeniowe	satelitarnie
62	10316	60	10310	17	8478	15	8470
II sezon wegetacyjny							
przed siewem				po zbiorze			
orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo
rdzeniowe	satelitarnie	rdzeniowe	satelitarnie	rdzeniowe	satelitarnie	rdzeniowe	satelitarnie
177	16743	181	16740	140	12118	145	12115



Rys. 2. Liczba taksonów drobnoustrojów glebowych (A - Bakterie, B - Grzyby) zidentyfikowanych na poziomie typu w glebie spod uprawy kukurydzy na przestrzeni dwóch sezonów wegetacyjnych.

Wyniki

Analiza OTU rdzenia glebowego w uprawie bezorkowej kukurydzy wykazała (Tab. 1 i 2):

- **I sezon wegetacyjny**
 - obniżenie liczby bakteryjnych OTU stanowiących rdzeniową mikrobiotę (45 OTU↓) i 1840 OTU satelitarnych po uprawie,
 - obniżenie liczby grzybowych OTU stanowiących rdzeniową mikrobiotę (12 OTU↓) i wzrost 641 grzybowych OTU, tworzących satelitarne taksony glebowe po uprawie
- **II sezon wegetacyjny**
 - obniżenie liczby bakteryjnych OTU stanowiących rdzeniową mikrobiotę (36 OTU↓) i 4625 OTU satelitarnych po uprawie,
 - zwiększenie liczby grzybowych OTU stanowiących rdzeniową mikrobiotę (17 OTU↑) i obniżenie 1899 grzybowych OTU tworzących satelitarne taksony glebowe po uprawie

Analiza bioróżnorodności mierzona wskaźnikiem Shanonna (H) (Tab. 3 i 4):

- odnotowano wzrost różnorodności – wskaźnik Shanonna mikrobioty bakteryjnej i grzybowej po uprawie kukurydzy w dwóch systemach: orkowym i bezorkowym (sezon I),
- odnotowano wzrost różnorodności – wskaźnik Shanonna tylko mikrobioty grzybowej po uprawie kukurydzy w dwóch systemach: orkowym i bezorkowym (sezon II),

Tab. 2 Liczba zidentyfikowanych bakteryjnych OTU w glebie spod uprawy kukurydzy na przestrzeni dwóch sezonów wegetacyjnych.

Grzyby_OTU							
I sezon wegetacyjny							
przed siewem				po zbiorze			
orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo
rdzeniowe	satelitarnie	rdzeniowe	satelitarnie	rdzeniowe	satelitarnie	rdzeniowe	satelitarnie
25	3009	25	3009	13	3650	13	3650
II sezon wegetacyjny							
przed siewem				po zbiorze			
orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo
rdzeniowe	satelitarnie	rdzeniowe	satelitarnie	rdzeniowe	satelitarnie	rdzeniowe	satelitarnie
9	5741	9	5740	25	7635	26	7639

Tab. 4 Bioróżnorodność grzybów oznaczona wskaźnikiem Shanonna w glebie spod uprawy kukurydzy na przestrzeni dwóch sezonów wegetacyjnych.

Grzyby_indeks H			
I sezon wegetacyjny			
przed siewem		po zbiorze	
orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo
9,677±0,338	10,490±0,174	10,226±0,285	10,220±0,428
II sezon wegetacyjny			
przed siewem		po zbiorze	
orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo
5,453±0,770	6,639±1,046	7,660±0,369	7,381±0,686

Tab. 3 Bioróżnorodność bakterii oznaczona wskaźnikiem Shanonna w glebie spod uprawy kukurydzy na przestrzeni dwóch sezonów wegetacyjnych.

Bakterie_indeks H			
I sezon wegetacyjny			
przed siewem		po zbiorze	
orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo
9,640±0,382	10,215±0,273	10,226±0,255	10,220±0,174
II sezon wegetacyjny			
przed siewem		po zbiorze	
orkowo	bezorkowo	orkowo	bezorkowo
9,895±0,277	10,093±1,046	7,711±0,636	7,450±0,705

Wnioski

1. Podczas uprawy kukurydzy w dwóch systemach odnotowano dynamikę zmian mikrobioty glebowej: bakteryjnej i grzybowej, tworzącej taksony rdzeniowe i satelitarne.
2. W I sezonie wegetacyjnym wystąpiły znaczne zmiany zarówno mikrobioty rdzeniowej jak i satelitarnej (ubytek 45 OTU).
3. Rdzeniowa mikrobiota glebowa w uprawie kukurydzy w latach 2022/2023 (II sezon wegetacyjny) charakteryzowała się mniej intensywnymi zmianami (wzrost 16 OTU grzybowych).
4. Odnotowano potencjalne ustrukturyzowanie się składu taksonomicznego rdzeniowej mikrobioty glebowej w uprawie kukurydzy w obu systemach uprawy.