

Zmiany w strukturze społeczności bakterii ryzosferowych wybranych warzyw korzeniowych w odpowiedzi na aplikację bionawozu z dodatkiem *Trichoderma asperellum*

Agnieszka Wolna-Maruwka¹, Alicja Niewiadomska¹, Dariusz Kayzer², Adrianna Kubiak¹, Agnieszka A. Pilarska³, Katarzyna Panasiewicz⁴, Marek Selwet¹, Dorota Swędrzyńska¹

¹Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Szydlowska 50, 60-656 Poznań

²Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, UP w Poznaniu, ul. Wojska Polskiego 28, 60 -637 Poznań

³Katedry Inżynierii Wodnej i Sanitarnej, UP w Poznaniu, ul. Piątkowska 94 A, 60-649 Poznań

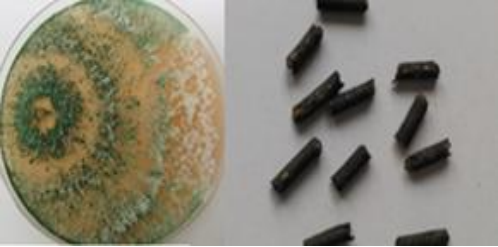
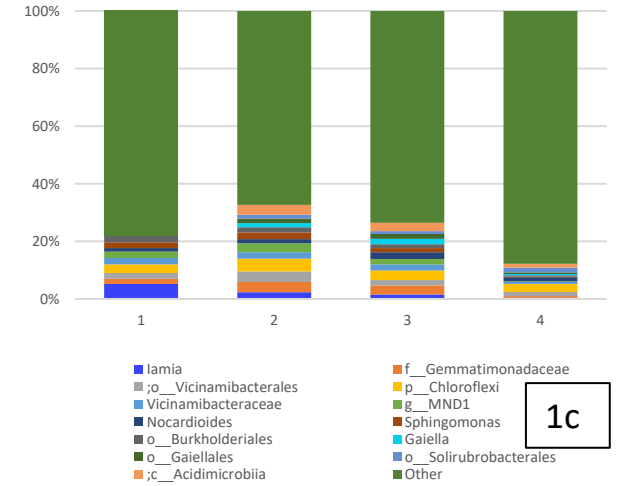
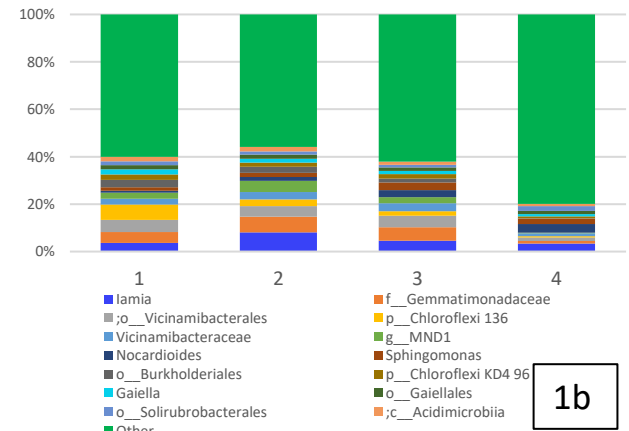
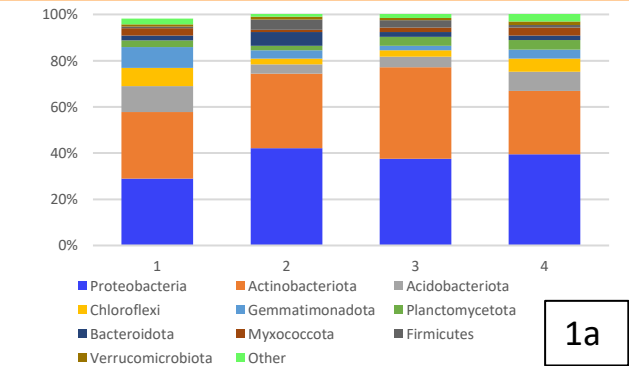
⁴Katedra Agronomii, UP w Poznaniu, ul. Dojazd 11, 60-631 Poznań

Wprowadzenie

Jednym z istotnych wyzwań stojących przed współczesną nauką, a zarazem szansą na poprawę efektywności produkcji roślinnej jest opracowanie bionawozów nowej generacji, które usprawniają procesy fizjologiczne roślin poprzez stymulację ich potencjału biologicznego, jednocześnie przyczyniając się do zachowania i wspierania bioróżnorodności środowiska glebowego. W kontekście aktualnych założeń polityki Unii Europejskiej, ukierunkowanej na realizację celów rolnictwa zrównoważonego, konieczne jest poszukiwanie alternatywnych, środowiskowo bezpiecznych rozwiązań w zakresie gospodarki nawozowej.

Bionawozy będące kompilacją materii organicznej oraz mikroorganizmów promujących wzrost roślin (PGPF), stanowią obiecującą grupę produktów, które oprócz wartości nawozowych wykazują także właściwości bioprotekcyjne. Ich zastosowanie wpisuje się w ideę agroekologii oraz biologizacji rolnictwa, zmierzających do redukcji stosowania nawozów syntetycznych i środków ochrony roślin.

Celem badań było wykazanie różnic w strukturze bakterii ryzosferowych marchwi (*Daucus carota* L.) oraz rzodkwi (*Raphanus* L.) po aplikacji innowacyjnego bionawozu organicznego wytworzonego z łuski owsa z dodatkiem melasy oraz szczepu *Trichoderma asperellum*, przy zastosowaniu analizy metagenomicznej genu kodującego 16S rRNA.

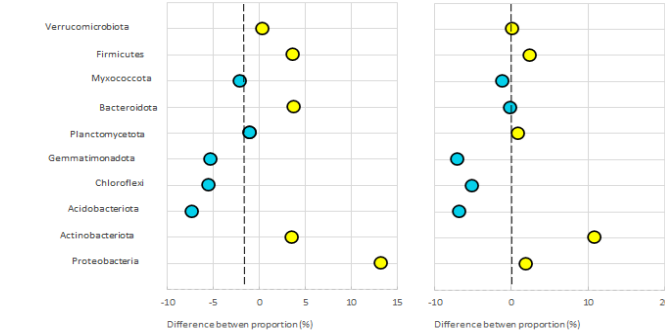


Wyniki

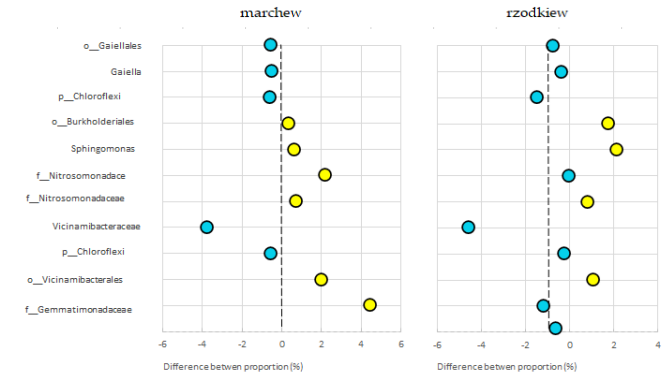
Wyk. 1a-c. Zawartość procentowa operacyjnych jednostek taksonomicznych (OTU) dominujących 1a-typów, 1b-rodzajów, 1c-gatunków bakterii

Objaśnienia: Klasyfikacje z liczbą mniejszą niż 1% są gromadzone w kategorii „Inne”; 1- kontrola (marchew), 2-bionawóz (marchew), 3-kontrola (rzodkiew), 4-bionawóz (rzodkiew)

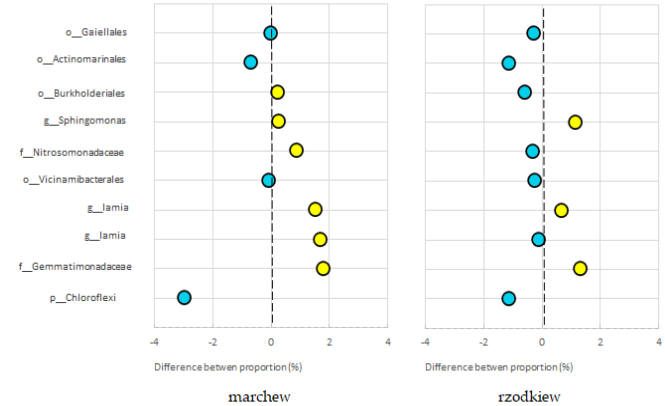
Wyk. 2a-c. Względne liczby OTU dominujących 2a – typów, 2b –rodzajów, 2c-gatunków bakterii



2a



2b



2c

Podsumowanie

Stwierdzono, że rodzaj rośliny modyfikował zmiany ilościowe i jakościowe mikrobiomu bakteryjnego gleby. Uprawa marchwi sprzyjała obfitszemu rozwojowi typów *Chloroflexi*, *Acidobacteriota* i *Gemmatimonadota*, natomiast rzodkwi *Verrucomicrobiota*, *Planctomycetota*, *Firmicutes* oraz *Myxococcota*. Również dodatek bionawozu wpływał zarówno na strukturę mikrobiomu glebowego, jak i liczbę operacyjnych jednostek taksonomicznych (OTU). Przyczynił się bowiem do stymulacji ważnego z punktu widzenia rolnictwa regeneratywnego rodzaju *Nocardioide*s oraz obniżenia liczebności niektórych gatunków oligotrofów, należących do rzędu *Vicinamibacterales* i *Gaiellales* oraz charakterystycznego dla gleb kwaśnych gatunku KD4-96 (*Chloroflexi*), co może świadczyć o przesunięciu warunków środowiska glebowego w kierunku bardziej zasobnych. Na podstawie uzyskanych wyników badań wykazano, że świadomy dobór odpowiedniego bionawozu może być sprawnym narzędziem biologizacji rolnictwa oraz elementem wspierającym rewitalizację życia biologicznego gleby w kontekście strategii Zielonego Ładu i rolnictwa regeneratywnego.

Projekt finansowany ze środków Regionalnego Programu Operacyjnego – Lubuskie 2020 z działania 1.1. Badania innowacyjne RPLB.01.01.00-08 0004/18; „Opracowanie technologii wytwarzania i stosowania innowacyjnych biopreparatów wspomagających wzrost roślin” 2019–2021.