

Metataksonomiczna analiza mikrobiomu gleby po wprowadzeniu hydrolizatu keratynowego

Justyna Bohacz, Michał Możejko

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Wydział Agrobiotechnologii, Katedra Mikrobiologii Środowiskowej,
ul. Leszczyńskiego 7, 20-069 Lublin, justyna.bohacz@up.lublin.pl

WPROWADZENIE

Mikrobiologiczny rozkład białka keratynowego, bogatego w azot i siarkę, przy udziale wyspecjalizowanych substratowo mikroorganizmów z jednoczesnym wytworzeniem użytecznych bioproduktów jest nie tylko ekonomicznie opłacalny ale i przyjazny środowisku. Pozyskiwane w ten sposób hydrolizaty keratynowe mogą stanowić alternatywę dla tradycyjnych nawozów organicznych i mineralnych, szczególnie do nawożenia roślin o wysokich wymaganiach na siarkę i użyźniania gleb ubogich w ten pierwiastek. Wprowadzanie do gleby różnych grup nawozów kształtuje skład taksonomiczny drobnoustrojów odrywających w tym środowisku różne funkcje.

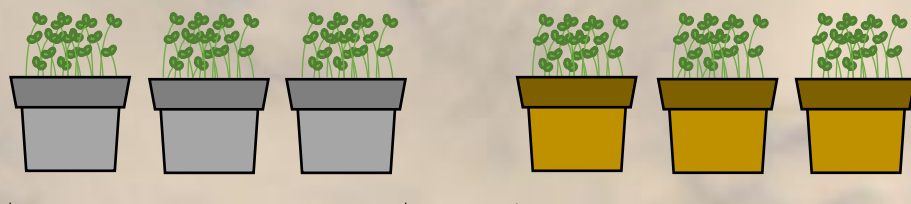
CEL PRACY

Celem pracy było określenie wpływu hydrolizatu keratynowego otrzymanego po grzybowej biodegradacji odpadowego pierza kurcząt przez grzyby z grupy *Chrysosporium* na mikrobiom gleby Haplic Podzol z obsadą rzepaku (*Brassica napus* L. var. *napus*).

MATERIAŁ I METODYKA

W doświadczeniu modelowym wykorzystano hydrolizat keratynowy otrzymany na drodze grzybowej biodegradacji poprodukcyjnego pierza kurcząt przez grzyba *Arthroderma tuberculatum* Kuehn (grupa *Chrysosporium*) zidentyfikowanego za pomocą metod tradycyjnych (ocena cech mikro- i makroskopowych) oraz metodą PCR i sekwencjonowania nukleotydów z wykorzystaniem specyficznych starterów ITS1 i ITS4.

Doświadczenie wazonowe prowadzono w warunkach szklarniowych na glebie o uziarnieniu piasku gliniastego (Haplic Podzol) wykorzystując rzepak *Brassica napus* L. var. *napus* jako roślinę testową. Wilgotność gleby utrzymywano na stałym poziomie, okresowo zwilżając wodą lub hydrolizatem. Liczebność bakterii glebowych określono po 72 godzinach oraz 14 i 30 tygodniach od założenia doświadczenia. Analizę metagenomiczną po 72 godzinach od założenia doświadczenia, przeprowadzono za pomocą sekwencjonowania nowej generacji (NGS) na bazie hiperzmiennego regionu V3-V4 16S rRNA na platformie Illumina MiSeq (Eurofins, Niemcy).

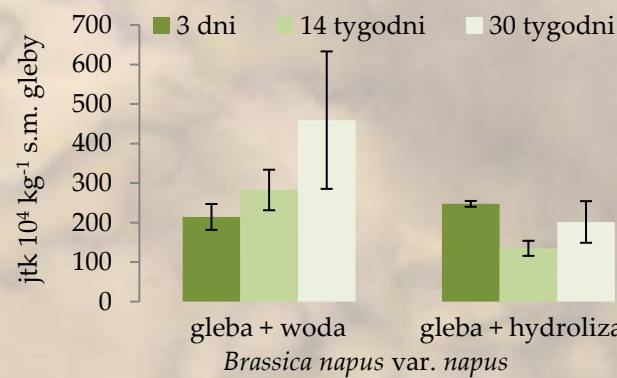


Gleba + woda +
Brassica napus L. var
napus

Gleba + hydrolizat
keratynowy +
Brassica napus L. var
napus

WAŻNIEJSZE WYNIKI I WNIOSKI

- Wykazano, że w glebie niewzbogaconej hydrolizatem keratynowym występowało 15 rodzin bakterii a we wzbogaconej 13 rodzin, spośród których najliczniejsze należały do Micrococcaceae, Bradyrhizobiaceae i Mycobacteriaceae a udział ich wynosił od 1% do 3,2% całej puli zidentyfikowanych OTU.
- W glebie nienawożonej hydrolizatem nie stwierdzono obecności rodziny Erythrobacteraceae, natomiast po wzbogaceniu gleby w hydrolizat keratynowy rodzin Oxalobacteraceae, Pseudonocardiaceae oraz Rhizobiaceae.
- Najliczniejszym przedstawicielem mikrobiomu bakteryjnego był rodzaj *Sphingomonas*, który w całej puli OTU stanowił 7,4% oraz 8,4% odpowiednio w glebie niewzbogaconej i wzbogaconej hydrolizatem.
- Dominującym gatunkiem w obu wariantach doświadczalnych okazał się *Gaiella occulta*. Jego udział w całkowitej puli zidentyfikowanych OTU wynosił od 9,1% do 10,6%.
- Wprowadzenie do gleby Haplic Podzol hydrolizatu keratynowego uwidocznilo rzadko spotykane rodzaje *Nonomuraea*.



WYNIKI

