

Wpływ biopreparatu opartego o bakterie z klasy *Bacilli* na strukturę glebowej mikrobioty bakteryjnej i grzybowej

Tomasz Grzyb^{1,2}, Justyna Szulc¹



IX OGÓLNOPOLSKIE SYMPOZJUM MIKROBIOLOGICZNE
„METAGENOMY RÓŻNYCH ŚRODOWISK”



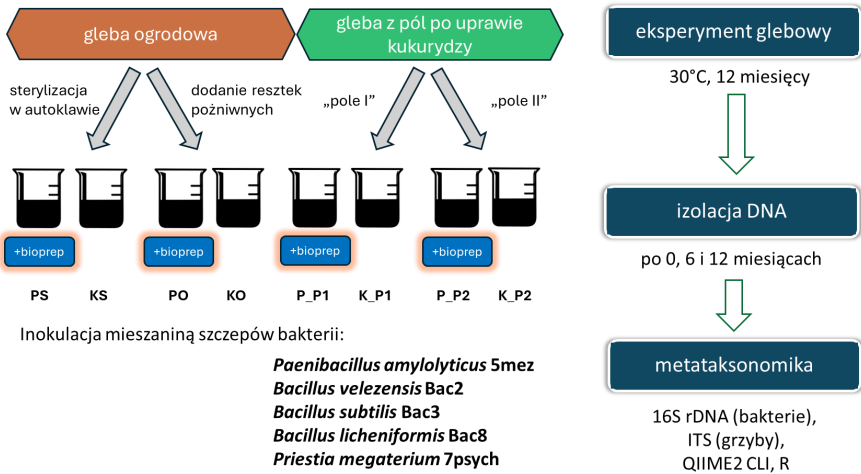
Wstęp

Współczesne rolnictwo zmagą się z przenawożeniem gleb, które wpływa na globalne zaburzenie cykli biogeochemicznych i jest ograniczane zgodnie z polityką UE. Równocześnie obserwuje się wzrost zainteresowania biopreparatami, które mogłyby stanowić alternatywę dla nawozów sztucznych. Celem badań była ocena wpływu biopreparatu, opracowanego na podstawie pięciu szczepów *Bacilli* wyizolowanych z pól uprawnych, na strukturę mikrobioty bakteryjnej i grzybowej różnych typów gleb.

Metodyka

Na podstawie pięciu szczepów bakterii wyizolowanych z pól uprawnych po zbiorze kukurydzy (woj. łódzkie) stworzono biopreparat do rozkładu resztek poźniwnych i stymulacji wzrostu kukurydzy. W rocznym eksperymencie zbadano wpływ tego biopreparatu na strukturę mikrobioty bakteryjnej i grzybowej różnych wariantów gleby. Wykorzystano metataksonomikę opartą na regionach 16S rDNA bakterii oraz ITS grzybów. Dane przekształcone z wykorzystaniem potoku QIIME2 CLI poddano analizie opisowej i statystycznej w RStudio. Użyto niemetryczne skalowanie wielowymiarowe (NMDS), testy PERMANOVA oraz klastrowanie hierarchiczne. Ponadto przeprowadzono badania α -różnorodności w oparciu o indeks Shannona.

Schemat badań



Wyniki

NMDS + PERMANOVA + klastrowanie hierarchiczne

Analiza mikrobioty bakteryjnej wskazuje na występowanie 5 klastrow i 2 par (Fig.1). O różnicowaniu próbek decydują czas badania oraz typ gleby, przy nieistotnym wpływie biopreparatu.

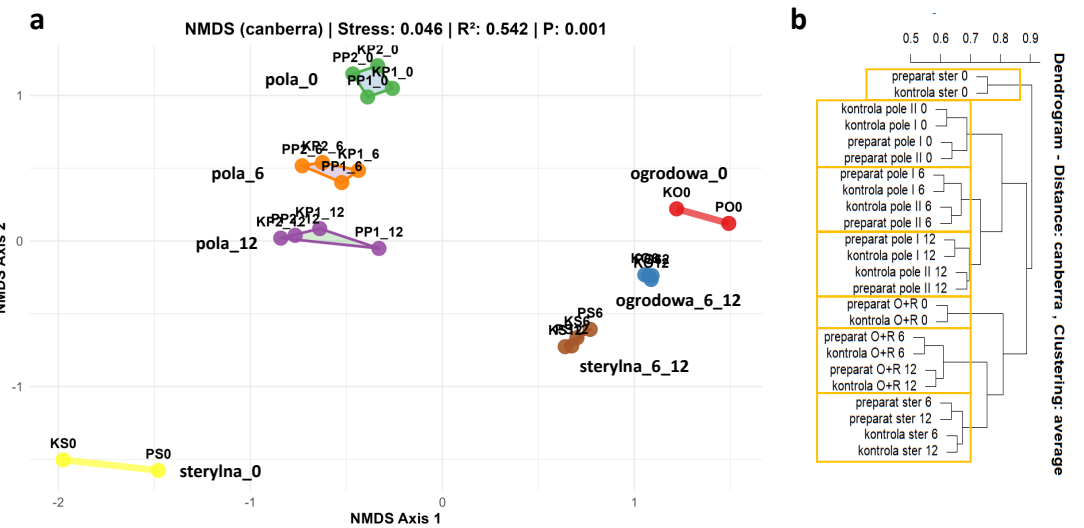


Fig. 1 Analiza mikrobioty bakteryjnej. Analiza NMDS z wykorzystaniem metody odległościowej Canberra i testy PERMANOVA (a) oraz następujące po nim klastrowanie hierarchiczne metodą UPGMA (b)

Analiza α -różnorodności

Na podstawie analizy z użyciem indeksu Shannona, u bakterii zauważono wzrost różnorodności w czasie dla gleby sterylnej oraz ogrodowej przy braku różnic dla gleby z pól uprawnych (Fig. 3a), co odzwierciedla kompozycja np. na poziomie rzędów (Fig. 4). U grzybów zauważono spadek różnorodności w czasie dla wszystkich typów gleb (Fig. 3b).

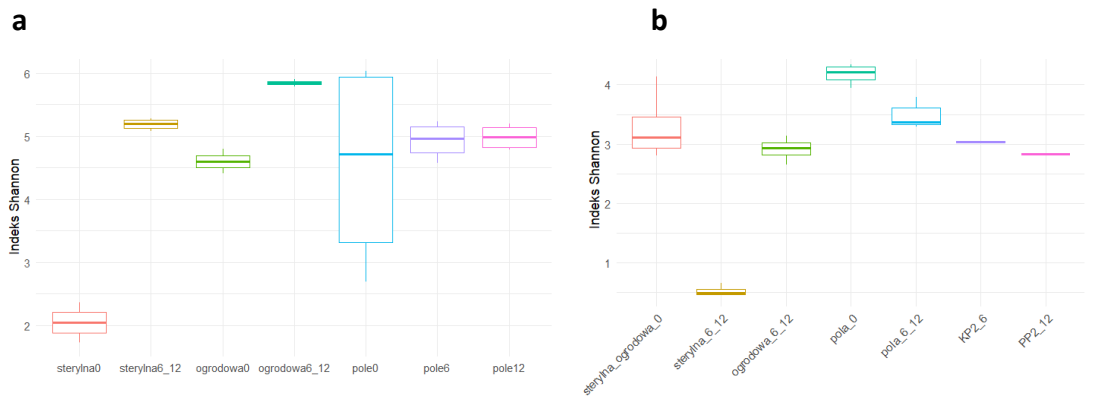


Fig. 3 Analiza α -różnorodności klastrow mikrobioty bakteryjnej (a) i grzybowej (b) z wykorzystaniem indeksu Shannona

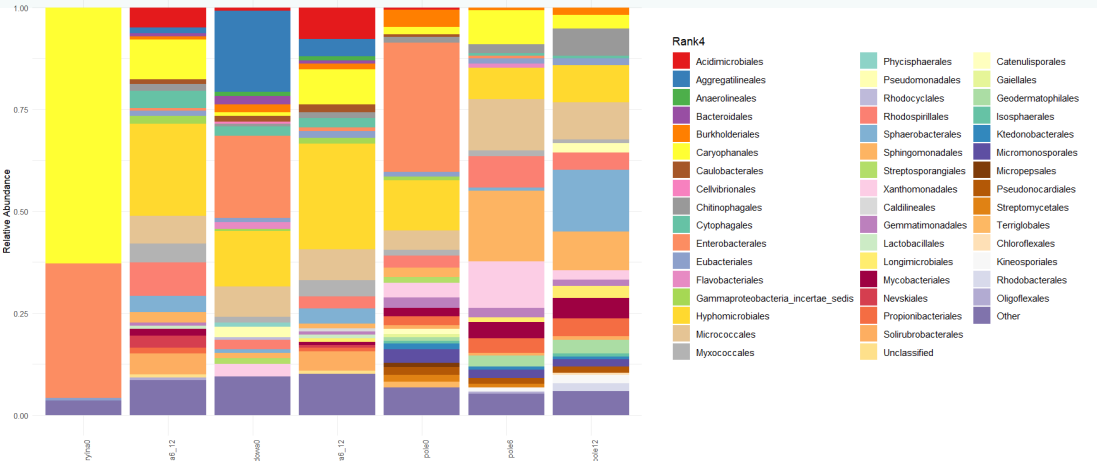


Fig. 4 Uśredniona struktura mikrobioty bakteryjnej klastrow na poziomie rzędów.

Wraz z upływem czasu, w próbkach grzybowych zaczynają dominować pojedyncze rodzaje (Fig. 5). Dla gleby sterylnej i ogrodowej jest to rodzaj *Scedosporium*, dla gleby z pól uprawnych – *Fusarium*, *Solicoccozyma* oraz *Ustilago*.

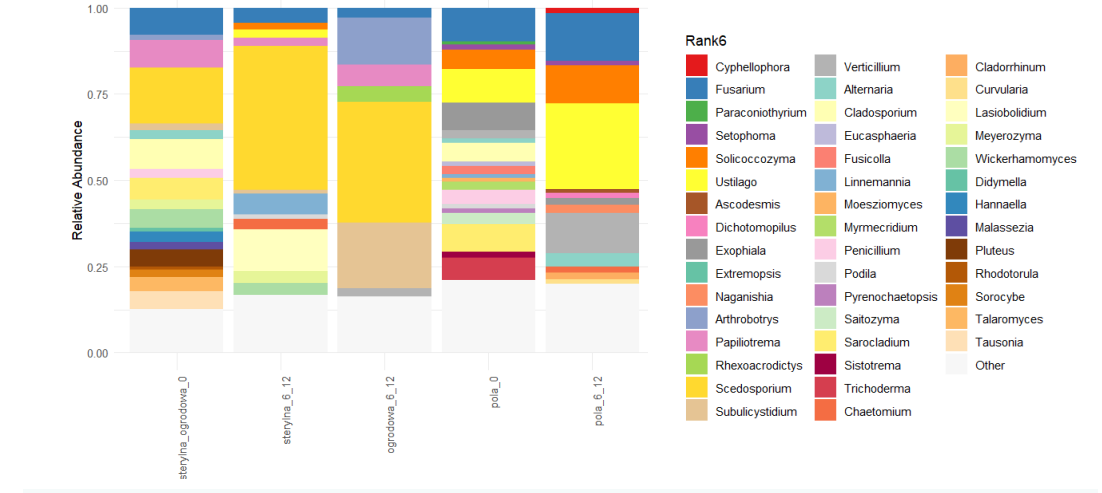


Fig. 5 Uśredniona struktura mikrobioty grzybowej klastrow na poziomie rodzajów.

Badania zrealizowane w ramach projektu: „Innowacyjna technologia i organizacja uprawy kukurydzy wsparta biologicznie” nadzorowanego przez Agencję Restrukturyzacji i Modernizacji Rolnictwa współfinansowanego ze środków Unii Europejskiej w ramach działania „Współpraca” Programu Rozwoju Obszarów Wiejskich (PROW) na lata 2014-2020 zgodnie z umową nr 00077.DDD.6509.000167. 2022.05 z 14.04.2023.

Wnioski

- struktura mikrobioty zarówno bakteryjnej, jak i grzybowej, zależy od typu gleby oraz wykazuje zmienność w czasie
- wpływ biopreparatu jest nieistotny w stosunku do innych czynników, odpowiadające sobie próbki kontrolne i te z zastosowaniem biopreparatu w każdym przypadku znajdują się wewnątrz tych samych klastrow
- α -różnorodność mikrobioty zmienia się w czasie – u bakterii rośnie lub jest niezmienna, u grzybów maleje i zaczynają dominować pojedyncze rodzaje
- biopreparat, który stymuluje wzrost kukurydzy, nie zaburza struktury mikrobioty glebowej, co wskazuje na jego wysoki potencjał aplikacyjny