

Zróżnicowanie mikrobiomu Bacteria i Archaea ryzosfery sorgo (*Sorghum sudanense x bicolor*) uprawianego na glebie zanieczyszczonej metalami w obecności biostymulantów

Karolina Jaros-Tsoj^{1,3*}, Jolanta Jaroszuk-Ścisiel², Sofie Thijs³, Piotr Sugier⁴, Dawid Świstak¹, Jaco Vangronsveld^{1,3}, Francois Rineau³, Małgorzata Wójcik¹

¹Katedra Fizjologii Roślin i Biofizyki, ²Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, ⁴Katedra Botaniki, Mykologii i Ekologii, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie Skłodowskiej w Lublinie, ³Centre for Environmental Sciences, Hasselt University, Belgium
*karolinajaros430@gmail.com

Wstęp

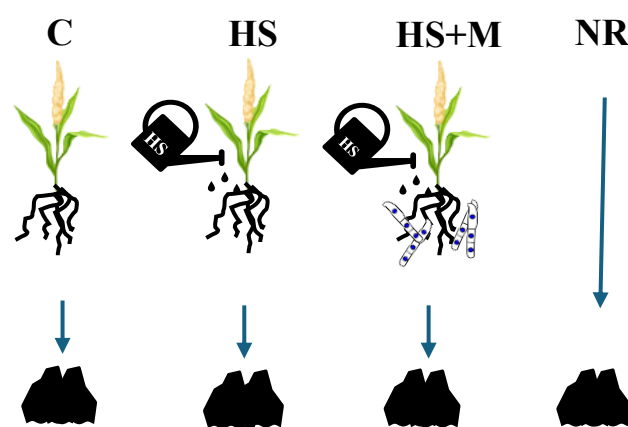
Biostymulanty to preparaty wspomagające wzrost i rozwój roślin, niezależnie od obecności w nich składników odżywczych. Działanie biostymulantów jest złożone i może obejmować m.in. zmiany w ekspresji genów, poziomie metabolitów w komórkach roślinnych, a także wpływać na właściwości gleby oraz skład i liczebność mikroorganizmów.

Celem przeprowadzonego doświadczenia było określenie, czy zastosowanie biostymulantów – substancji humusowych oraz substancji humusowych razem z grzybami mykoryzowymi – wpływa na zwiększenie różnorodności fizjologicznej i gatunkowej mikroorganizmów ryzosfery sorga uprawianego na glebie zanieczyszczonej metalami ciężkimi.

Metodologia

Sorgo (*Sorghum sudanense x bicolor*) uprawiano na glebie o wysokim stężeniu Cd (51.56 mg kg⁻¹), Pb (2939.7 mg kg⁻¹) i Zn (8057.15 mg kg⁻¹) w trzech wariantach doświadczalnych: bez dodatku biostymulantów (kontrola, C) oraz z dodatkiem substancji humusowych (HS), substancji humusowych i grzybów mykoryzowych (HS+M), na 3 poletkach dla każdego z wariantów.

Glebę ryzosferową (z każdego poletka) oraz nieryzosferową (NR) pobrano pod koniec okresu wegetacyjnego roślin (wrzesień).

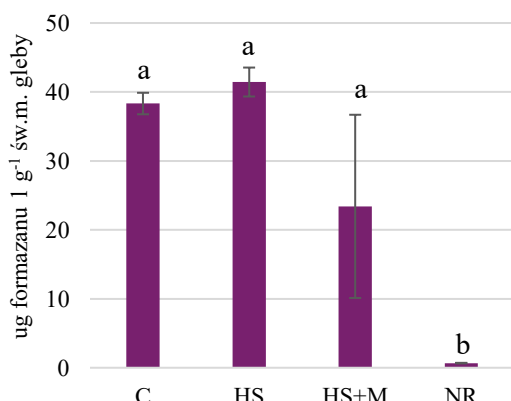


- Oznaczenie aktywności dehydrogenazy (wg Nowak i in., 2024; <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2024.122007>)
- Hodowla na płytkach Eco Plate Biolog® w temperaturze 28 °C przez 8 dni
- Ekstrakcja DNA, łańcuchowa reakcja polimerazy (PCR), sekwencjonowanie DNA metodą metabarcodingu

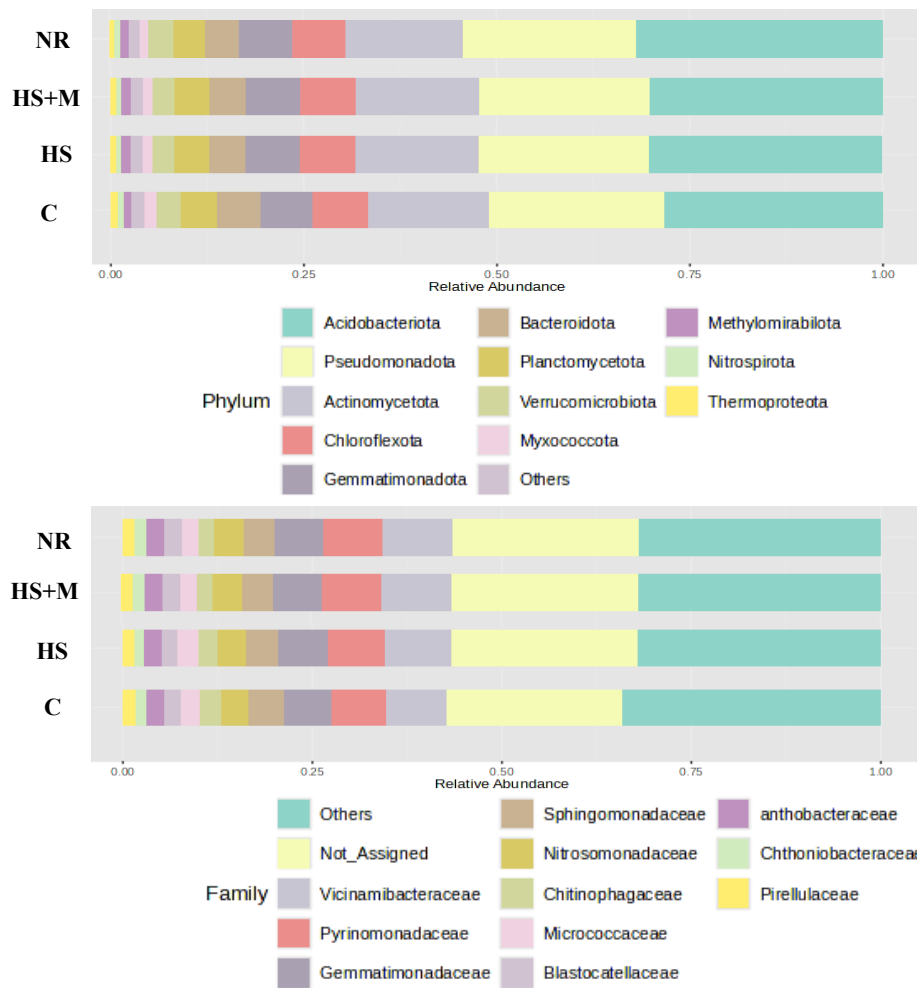
Wyniki

Tab. 1 Mapa cieplna zmian w poziomie wskaźnika AWCD, wskaźnika różnorodności gatunkowej (Shannon index) oraz substrate richness (R index) gleby ryzosferowej sorgo z każdego wariantu uprawy oraz gleby nieryzosferowej.

Czas inkubacji (h)	AWCD				Shannon index				R index			
	C	HS	HS+M	NR	C	HS	HS+M	NR	C	HS	HS+M	NR
0	0,007	0,015	0,012	0,015	2,059	2,477	1,818	1,870	0,000	0,000	0,000	0,000
24	0,064	0,191	0,092	0,043	1,069	2,734	2,595	2,177	2,333	7,000	5,000	1,333
48	0,755	1,047	0,782	0,626	2,887	3,072	2,884	2,659	18,667	23,000	18,667	15,667
72	1,076	1,252	1,110	0,925	3,074	3,186	3,127	2,898	21,667	25,333	23,667	19,333
96	1,205	1,379	1,271	1,214	3,145	3,267	3,196	3,098	23,667	28,000	25,333	23,667
120	1,290	1,471	1,389	1,413	3,210	3,321	3,263	3,232	25,333	29,333	27,333	27,000
144	1,189	1,245	1,209	1,288	3,242	3,294	3,283	3,256	26,333	27,667	28,000	27,667
168	1,096	1,206	1,174	1,237	3,235	3,325	3,276	3,294	26,000	28,667	27,667	28,000
192	0,683	1,012	0,943	1,251	3,063	3,149	3,137	3,318	22,000	24,333	23,667	28,667



- Aktywność dehydrogenazy gleby ryzosfery sorgo była istotnie wyższa niż gleby nieryzosferowej, ale różnice aktywności gleb z różnymi wariantami doświadczalnymi były nieistotne statystycznie (Ryc. 1).
- Wartość wskaźnika AWCD pomiędzy 24 a 120 h inkubacji była najwyższa w glebie ryzosferowej HS (Tab.1).
- Wskaźnik Shannona był najwyższy w glebie HS pomiędzy 24 a 168 h inkubacji (Tab.1).
- Wskaźnik substrate richness (R) był najwyższy w glebie HS pomiędzy 24 a 120 h i po 168 h inkubacji (Tab.1).
- Różnice składu typów i rodzin bakterii w różnych wariantach doświadczalnych były nieznaczne (Ryc.2).



Ryc. 2 Skład społeczności bakterii w próbach gleby różnych wariantów doświadczalnych.

Wnioski

- Aktywność metaboliczna mikrobioty ryzosfery sorgo była najwyższa w glebie wariantu doświadczalnego HS, a najniższa w glebie kontrolnej bez dodatku biostymulantów, co sugeruje, że substancje humusowe wpływają pozytywnie na metabolizm mikroorganizmów zasiedlających ryzosferę.
- Aktywność dehydrogenazy była wyższa w glebie ryzosferowej ale nie zależała od aplikacji biostymulantów.
- Biostymulanty nie wpłynęły istotnie na skład społeczności bakterii. W każdej wersji doświadczalnej zanotowano przewagę Acidobacteriota (31%), Pseudomonadota (22%) i Actinomycetota (18%).