

Wpływ użyźniania gleby frasem owadzi na strukturę metataksonomiczną ryzosfery pszenicy jarej

Sebastian Wojciech Przemieniecki

Katedra Entomologii, Fitopatologii i Diagnostyki Molekularnej, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa
Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie
mail: sebastian.przemieniecki@uwm.edu.pl

Wstęp

Zezwolenie Unii Europejskiej na wykorzystanie niektórych gatunków owadów na cele paszowe i spożywcze spowodowało dynamiczny wzrost hodowli mącznika młynarka (*Tenebrio molitor*) oraz czarnej muchy (*Hermetia illuscens*) w krajach zrzeszonych, w tym na terenie Polski.

Podczas produkcji surowca owadziego powstaje również pozostałość (fras) w stosunku 1:1 (produkt:pozostałość), co wiąże się z wysokim kosztem składowania odpadów organicznych. Fras jest bogatym źródłem NPK, niektórych mikroelementów oraz chityny, a więc wykazuje potencjał do jego zagospodarowania na cele nawozowe.

Celem badań było porównanie oddziaływania nawożenia mineralnego i użyźniania gleby frasem na ryzobiom pszenicy jarej

Doświadczenie wazonowe w 4 powtórzeniach

Warianty:

Tłło: brak nawożenia
Kontrola: PK(bez N)
N1/TM1: niska dawka N+PK
N2/TM2: średnia dawka N+PK
N3/TM3: wysoka dawka N+PK
**Pobór próbek w fazie
krzewienia**
N-nawożenie mineralne,
TM-fras mącznika młynarka

Zakres analiz:

Biometria
Fotosystem
NDVI
Chemia gleby
Ekspresja genów stresu
Aktywność mikrobiologiczna
Metataksonomika

Metodyka

Metataksonomika

- Pobór ryzosfery
- Izolacja DNA
(kolumny krzemionkowe)
- Metabarkoding
dla technologii ONT
> 16S Barcoding Kit 24 V14
> Native Barcoding Kit 96 V14
ze starterami uniwersalnymi dla eukaryota

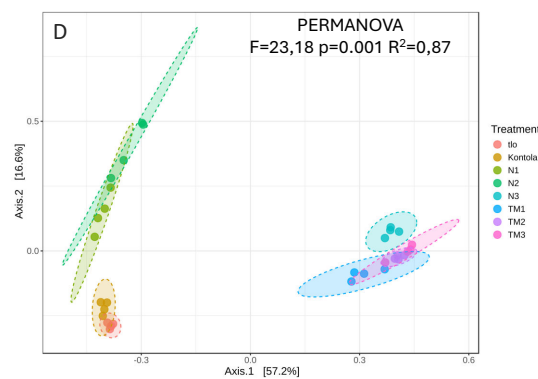
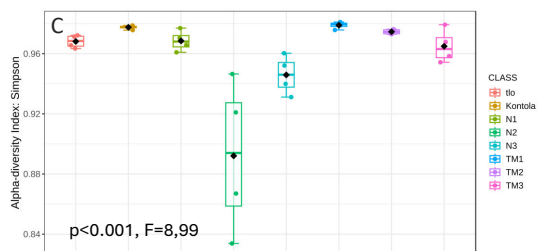
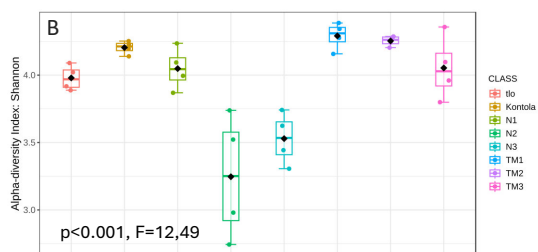
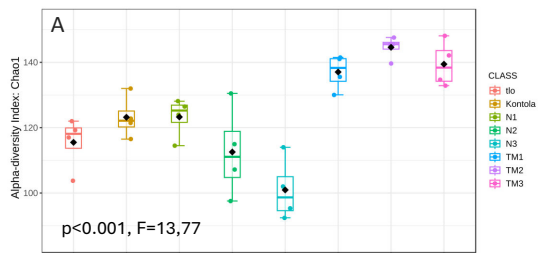
Sekwencjonowanie i obróbka odczytów

Platforma: Minlon
Parametry: Q>9; 1300-1600 pz
Czyszczenie: Porechop
EPI2ME (bazy danych):
Standard-8, PlusPFP-8

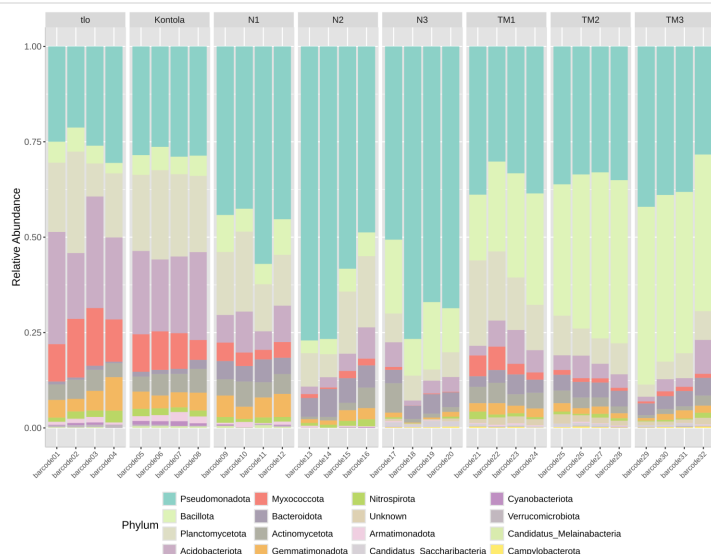
Obróbka danych

Statystyka:

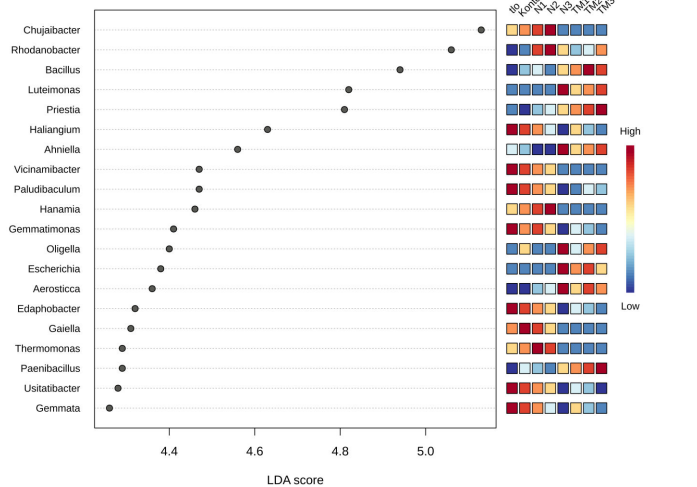
>MicrobiomeAnalyst
>STAMP
Bazy danych funkcjonalnych:
>MACADAM
(FAPROTAX+IJSEM)
>FungalTraits



Wykres 1. Wskaźniki różnorodności α (A-C) oraz biplot PCoA różnorodności β (D) struktur bakterioflory ryzosfery



Wykres 2. Udział poszczególnych typów bakterii w zależności od wariantu



Wykres 3. Analiza LEfSe (p<0.05); pokazano pierwsze 20 OTUs bakterii

Wyniki

Wskaźniki bioróżnorodności

- wysoce istotne różnice;
- warianty TM1 i TM2 charakteryzowały się najwyższą różnorodnością oraz dominacją, natomiast N2 i N3 osiągnęły niskie wskaźniki różnorodności.

Różnorodność β

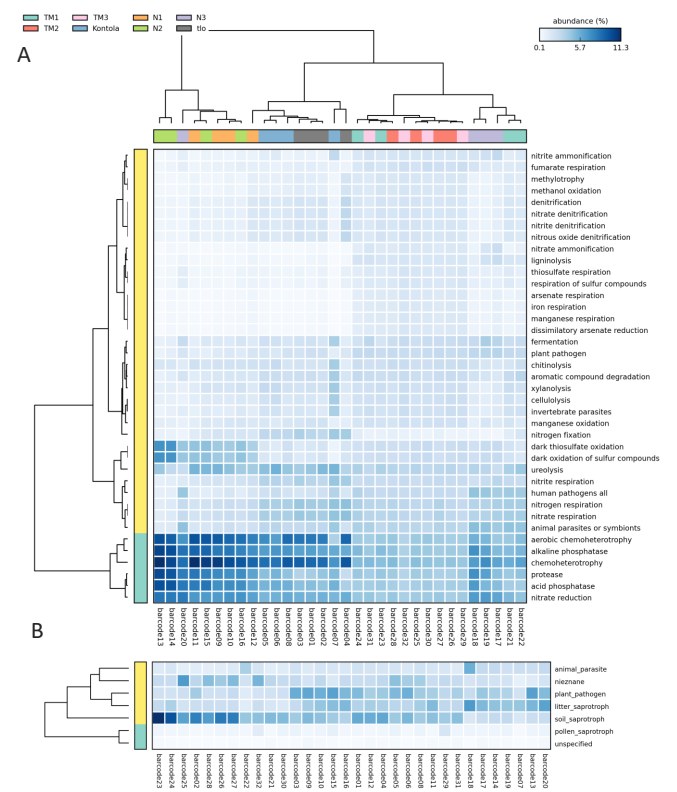
- wysoce istotne różnice, dobra segregacja pomiędzy wariantami ($R^2>0,8$);
- częściowe podobieństwo N3 do grupy TM.

Zmienność taksonomiczna

- nawożenie mineralne-dominacja Pseudomonadota;
- nawożenie fras-zwiększenie udziału Bacillota;
- do najbardziej zróżnicowanych rodzajów bakterii należały *Chujabacter* (najwyższy w N2), *Rhodanobacter* (N2), *Bacillus* (TM2), *Luteimonas* (N3), *Priestia* (TM3), *Haliangium* (tło) i *Ahniella* (N3).

Cechy funkcjonalne

- tło i kontrola wykazywały cechy pośrednie, pomiędzy nawożeniem N i TM;
- cechami charakterystycznymi dla N były chemoheterotrofizm, aktywność fosfataz i proteaz, ale też redukcja azotanów, utlenianie związków S i ureoliza;
- w TM nie zidentyfikowano przewagi żadnej grupy funkcjonalnej, ale warianty te charakteryzowały się niskim lub średnim potencjałem dla niemal wszystkich badanych cech ujętych w analizie;
- nie zaobserwowano zmienności w strukturze mikrobioty eukariotycznej TM, ale w globalnym ujęciu potencjału metabolicznego zaobserwowano zwiększenie udziału grzybów saprotroficznych i zmniejszenie udziału patogenów roślin.



Wykres 4. Mapa ciepła cech funkcjonalnych bakterioflory (A) i mykobioty (B)

Podsumowanie

- Nawożenie organiczne (TM1, TM2)** istotnie wpływały na strukturę mikrobiomu glebowego, zwiększając bioróżnorodność w porównaniu do kontroli i nawożenia N.
- Analiza β-różnorodności** wykazała wyraźne rozdzielanie wariantów nawożenia, przy częściowym podobieństwie mikrobiomu wariantu N3 do grupy TM.
- Skład taksonomiczny bakterii** różnicował się w zależności od rodzaju nawożenia – dominację Pseudomonadota obserwowano przy nawożeniu mineralnym, a zwiększony udział Bacillota przy nawożeniu organicznym.
- Największe zróżnicowanie rodzajów bakterii** zaobserwowano m.in. dla *Chujabacter*, *Rhodanobacter*, *Bacillus* i *Luteimonas*.
- Potencjał metaboliczny** gleby był silnie zależny od rodzaju nawożenia. Nawożenie N sprzyjało aktywności fosfataz, proteaz i procesom związanym z obiegiem azotu i siarki. Warianty TM charakteryzowały się brakiem dominujących cech funkcjonalnych oraz większą ich różnorodnością.
- Nie odnotowano zmian w strukturze mikrobioty eukariotycznej (OTUs)**, jednak stwierdzono wzrost udziału grzybów saprotroficznych i spadek udziału patogenów roślin w warunkach nawożenia organicznego.

*Badania finansowane przez Uniwersytet
Warmińsko-Mazurski w Olsztynie
w ramach konkursu
„Naukowy Grant Rektora 2”*

