

MYKOBIOM RYZOSFERY WYBRANYCH ROŚLIN RUDERALNYCH POBRANYCH Z GLEB SILNIE ZDEGRADOWANYCH I DŁUGOTRWALE ZANIECZYSZCZONYCH ROPĄ NAFTOWĄ – BADANIA WSTĘPNE

Agata Janczarek¹, Jarosław Ciepiel¹, Karolina Gawryjołek¹, Aleksandra Ukalska – Jaruga², Barbara Abramczyk¹, Anna Marzec – Grządziel¹, Anna Gałązka¹

Zakład Mikrobiologii Rolniczej¹, Zakład Gleboznawstwa Erozji i Ochrony Gruntów², Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa – Państwowy Instytut Badawczy (IUNG-PIB), Czartoryskich 8, 24-100 Puławy; e-mail: agalazka@iung.pulawy.pl; ajanczarek@iung.pulawy.pl

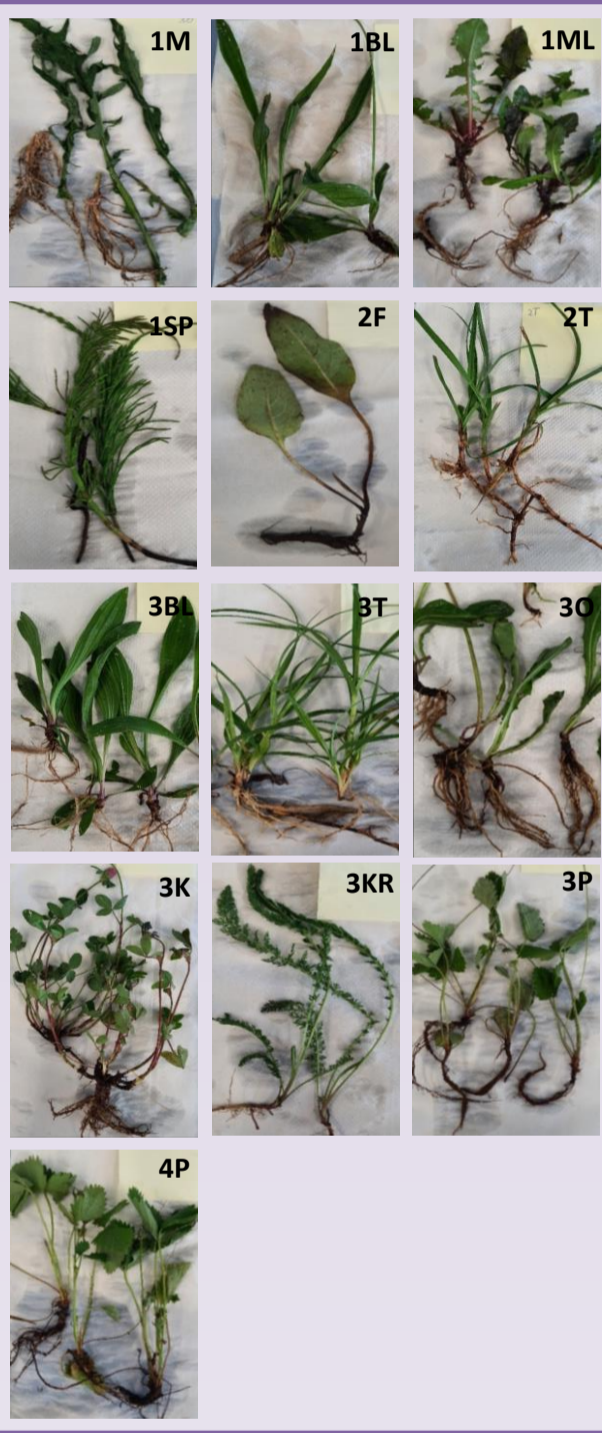
WSTĘP

Długotrwałe zanieczyszczenie gleby prowadzi do selekcji drobnoustrojów, która zależy od ich stopnia przystosowania do zmieniających warunków środowiska. Naturalne procesy bioremediacji pozwalają na pozyskiwanie mikroorganizmów zdolnych do rozkładu substancji zanieczyszczających. Mieszane kultury grzybów o różnorodnych właściwościach fizjologicznych mogą wykorzystywać węglowodory pochodzące ze złożonych mieszanin - m. in. ropa naftowa - jako źródło węgla i energii. Najczęściej degradacja węglowodorów przebiega sekwencyjnie, przy udziale różnych grup drobnoustrojów, które ze sobą współpracują. Stąd ważne jest poznanie składu oraz właściwości fizjologicznych społeczności mikroorganizmów glebowych.

Głównym celem badań była ocena mykobiomu wybranej roślinności ruderalnej, jej ryzosfery, mikroorganizmów autochtonicznych w procesach naturalnej, samoistnej bioremediacji gleb długoletnio zanieczyszczonych ropą naftową.

METODYKA

Materiał do badań został pobrany z terenów zabytkowej Kopalni Ropy Naftowej w Węglówce, założonej w 1888 roku. Wybrano następujące rośliny: mniszek lekarski, skrzyp polny, babkę lancetowatą, żywokost, koniczynę czerwoną.



DNA ekstrahowano bezpośrednio z ryzosfery. Wykonano badania mykobiomu ryzosfery roślin ruderalnych. Przeprowadzono następujące analizy: różnicowanie funkcjonalne przy użyciu systemu Biolog FF Plates, sekwencjonowanie nowej generacji (NGS) regionów zmiennych (ITS dla grzybów). Oznaczono podstawowe parametry chemiczne próbek ryzosfery, w tym zawartość WWA.

Fig 1. Struktura różnorodności grzybów – NGS ITS.

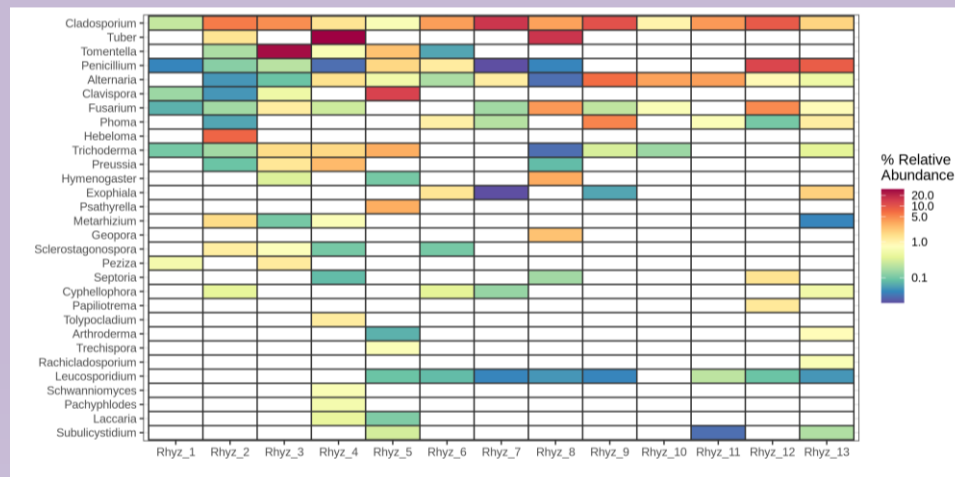


Fig 2. Diagram Venna'a – NGS ITS.

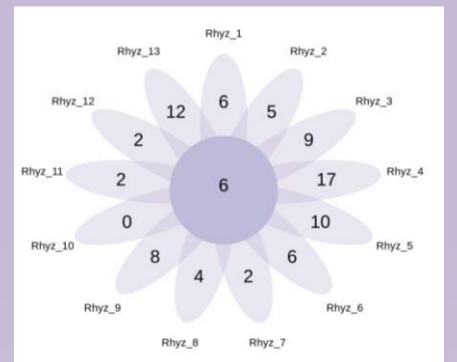


Fig 2. Profil metaboliczny – NGS ITS.

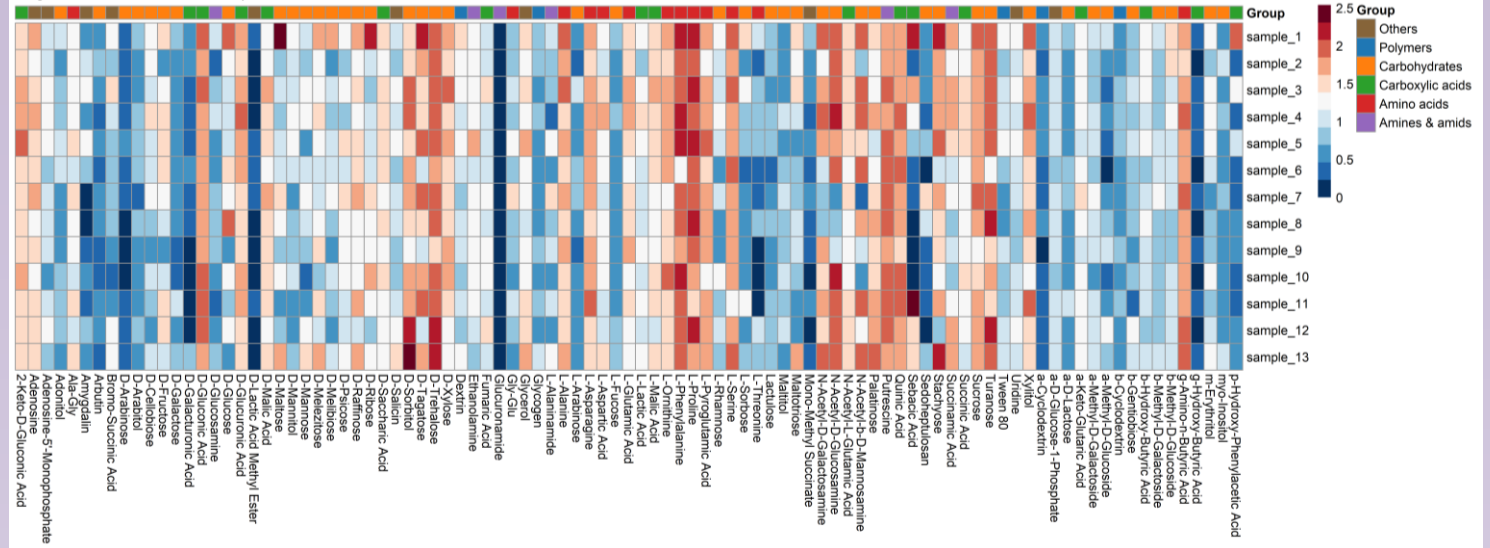


Tabela 1. Nazwy badanych roślin ruderalnych.

Nr	Wyciąg	Skrót	Roślina
1		1M	mniszek pospolity
2	nr 1	1ML	mniszek lekarski
3		1SP	skrzyp polny
4		1BL	babka lancetowata
5	nr 2	2F	żywokost lekarski
6		2T	trawa, turzycza
7		3P	poziomka leśna
8		3BL	babka lancetowata
9	nr 3	3T	trawa, turzycza
10		3O	oset kędzierzawy
11		3K	koniczyna czerwona
12		3KR	Krwawnik
13	nr 4	4P	poziomka leśna

Tabela 2. Właściwości chemiczne - ryzosfera wybranych roślin ruderalnych.

Symbol	Naphtalene ug kg ⁻¹	Acenaphthylene ug kg ⁻¹	Acenaphthene ug kg ⁻¹	Fluorene ug kg ⁻¹	Phenanthrene ug kg ⁻¹	Anthracene ug kg ⁻¹	Fluoranthene ug kg ⁻¹	Pyrene ug kg ⁻¹	Chrysene ug kg ⁻¹
1 M korzeń	1187,72	770,14	162,28	1125,68	177,02	241,02	957,75	907,63	1474,16
1 ML korzeń	1174,57	1093,68	n.d	1325,34	214,70	1206,17	564,25	520,08	1290,83
1 BL korzeń	1131,81	716,91	92,09	974,18	216,90	1233,68	458,03	482,36	1170,86
1 SP korzeń	1135,24	813,52	n.d	7336,35	152,33	445,01	469,45	622,37	1150,36
2 F korzeń	13692,58	9536,48	n.d	11468,04	1644,45	7398,54	4542,69	4673,51	8958,40
2 T korzeń	13078,89	469,90	n.d	629,72	192,91	468,73	200,77	229,47	2386,35
3 T korzeń	11717,13	20191,70	77597,61	250261,49	38815,62	47920,40	7325,82	3330,39	13290,18
3 K korzeń	1079,99	830,50	130,75	1181,42	376,30	149,35	959,29	1821,78	4127,07
3 P korzeń	1460,40	823,80	60,16	1283,17	726,67	1310,07	717,56	657,89	1726,35
3 BL korzeń	879,65	932,39	n.d	1233,41	150,54	975,64	361,66	428,76	852,81
3 KR korzeń	1089,33	1831,92	356,80	2309,02	1507,54	1401,56	423,97	436,99	1495,40
4 P korzeń	2109,10	1020,61	n.d	1869,03	1065,30	249,15	1731,02	1722,77	5402,56

PODSUMOWANIE

Najwyższą zawartość sumy 16 WWA stwierdzono w strefie ryzosfery roślin: 3T, 2F, 2T. Najwyższą aktywność metaboliczną grzybów potwierdzono w próbkach 1M, 3K, 4P. W próbkach 1SP, 1BL, 2F, 4P wykazano najwyższą ilość specyficznych dla miejsca unikalnych wariantów sekwencji ampikonu (ASV) i mykobiomu rdzenia, a tym samym najwyższą różnorodność strukturalną. Wśród społeczności grzybów dominowały rodzaje *Cladosporium*, *Penicillium*, *Alternaria*, *Clavospora*, *Tuber* oraz *Tomentella*.

