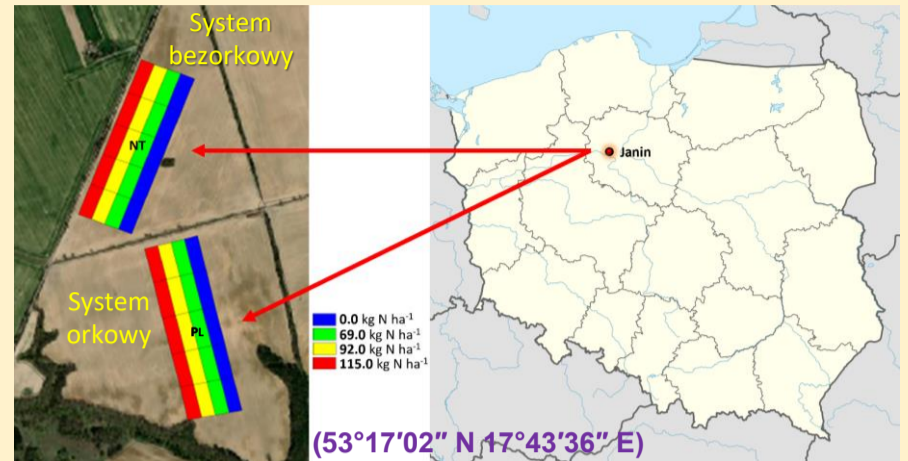


Artur Banach¹, Anna Sochaczewska¹, Sara Jurczyk¹, Andrzej Słomczewski², Jacek Podlewski², Agnieszka Wolińska¹
¹Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1, 20-708 Lublin; ²CGFP Sp. z o.o., Wojnowo 5, 86-014 Sicienka

CELEM przeprowadzonych badań było wskazanie, które z wyznaczonych parametrów fizykochemicznych gleb były odpowiedzialne za obserwowaną różnorodność mikrobiologiczną w glebach stosowanych do uprawy kukurydzy.

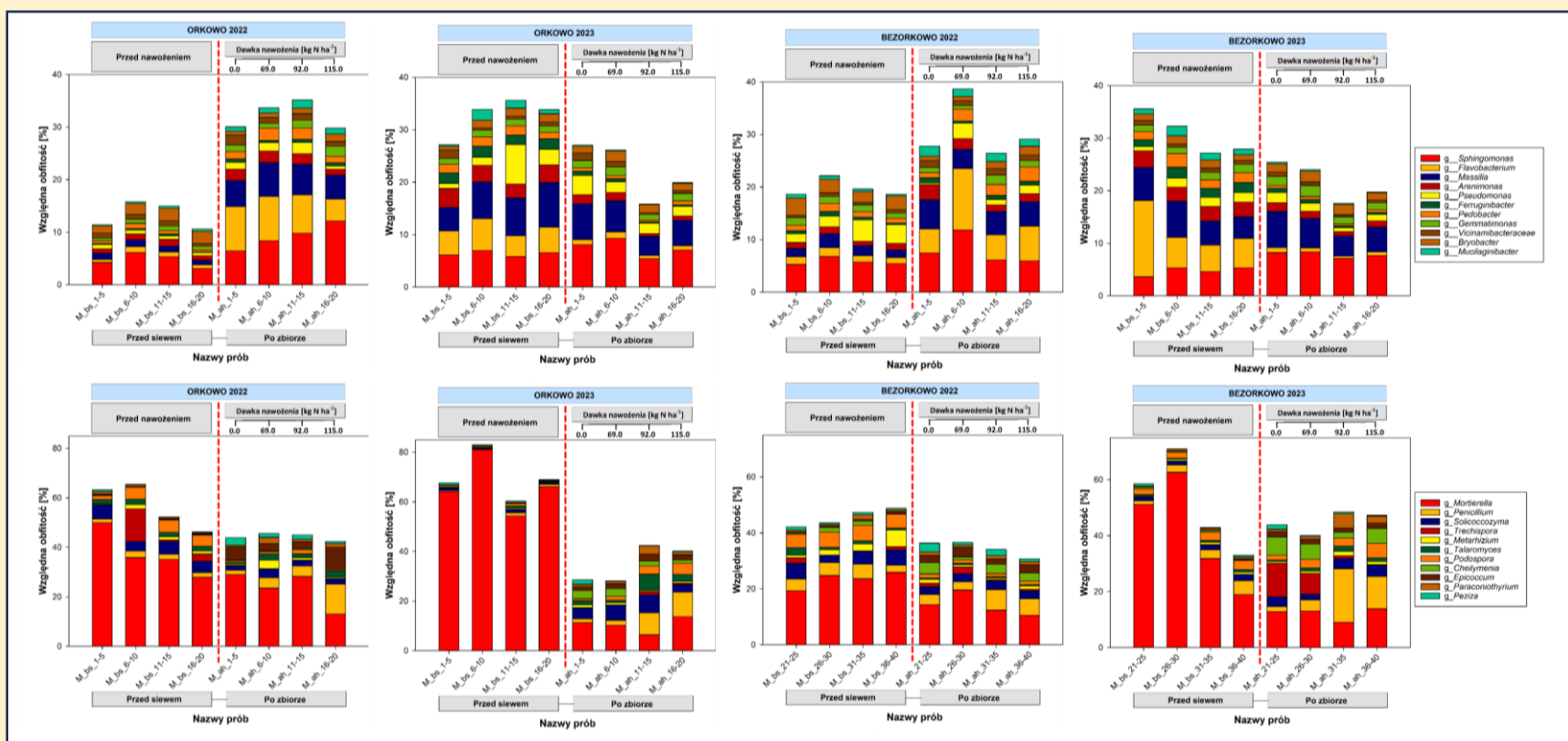
METODYKA

- Badania prowadzono na 2 polach (10 ha) wchodzących w skład zasobów CGFP Sp. z o.o.) o zróżnicowanym systemie uprawy (**orkowym, PL oraz bezorkowym, NT**) z zastosowaniem nawożenia w gradiencie **0, 69, 92 i 115 kg N/ha** (Rys. 1).
- Próby pobierano z wytypowanych punktów (n = 40) w 2 sezonach: wiosną (przed siewem) oraz jesienią (po zbiorze kukurydzy).
- W pobranych próbach wyznaczono pH, Eh, EC, wilgotność, PPW, CEC, pułki związków C, S, N i P, Ca, Mg, K, ilość substancji humusowych (cKH), wskaźnik E4/E6 oraz aktywność mikrobiologiczną (dehydrogenazową AD i respiracyjną, AR).
- DNA wyizolowano z użyciem **DNeasyPowerLyzer PowerSoil Kit**. Bioróżnorodność rozpoznano stosując technikę **NGS (MiSeq Illumina, Genomed SA, Warszawa)**, a klasyfikację taksonomiczną wykonano w oparciu o bazy **UNITE v8 i Silva 138**.



Rys. 1. Lokalizacja pól doświadczalnych i zastosowany gradient nawożenia

WYNIKI BADAŃ I WNIOSKI

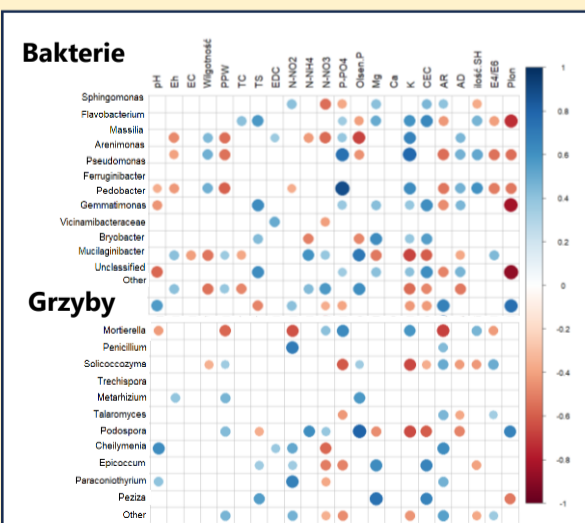


Rys. 2. Względna obfitość kluczowych mikroorganizmów (górne wykresy – bakterie, dolne – grzyby) na poziomie sezonów w poszczególnych okresach badań. Dla większej czytelności, usunięto grupy o względnej obfitości poszczególnych taksonów poniżej 5% (tzw. grupa other) oraz mikroorganizmy niezidentyfikowane.

W ciągu **dwóch lat badań** wytworzyły się określone warunki glebowe, które szczególnie uwidoczniły się w drugim roku badań. W podobny sposób kształtowała się względna obfitość zidentyfikowanych mikroorganizmów (Rys. 2).

1. **Wyjściowy mikrobiom bakteryjny był zbliżony w obu systemach upraw** (*Sphingomonas*, *Flavobacterium*, *Massilia*, *Arenimonas* oraz *Bryobacter*). W wyniku zastosowania gradientu nawożenia już w pierwszym roku nastąpił wzrost względnej obfitości głównych taksonów bakteryjnych za wyjątkiem *Bryobacter*.
2. W kolejnym roku wytworzony **mikrobiom bakteryjny utrzymał swoją strukturę** z największym udziałem *Sphingomonas*, *Flavobacterium*, *Massilia*, *Arenimonas* i *Pseudomonas*, a **jesienią suma wszystkich taksonów obniżyła się** w porównaniu do poprzednich okresów, szczególnie pod względem obfitości *Flavobacterium* i *Pedobacter*.
3. **W mykobiomie grzybowym dominował rodzaj *Mortierella***. Zastosowanie nawożenia przyczyniło się do redukcji udziału *Mortierella* i wzrostu *Penicillium*, *Cheilymenia*, *Epicoccum*, *Paraconiothyrium* oraz *Peziza*.
4. W roku kolejnym, wiosną, **obfitość *Mortierella* wzrosła ponownie do maksymalnie 81%**, **mocno ograniczając pozostałe rodzaje (<1%)**, za wyjątkiem *Penicillium* (NT), *Solicoccozyma* (NT) i *Podospora* (PL). Po kolejnym zbiorze kukurydzy **względna obfitość *Mortierella* obniżyła się drastycznie** tworząc **bardziej różnorodny i obfity mykobiom grzybowy** z dominującymi rodzajami *Penicillium* i *Solicoccozyma*, a w NT dodatkowo *Trechispora*.

Wykazano istotny wpływ na obfitość poszczególnych taksonów:



Rys. 3. Korelogram współczynników korelacji Pearsona między taksonami a czynnikami fizykochemicznymi. Kolorami oznaczono korelacje istotne statystycznie, $p < 0,05$.

Projekt dofinansowany ze środków budżetu państwa w ramach programu Ministra Edukacji i Nauki pod nazwą „Nauka dla Społeczeństwa” nr projektu Nds/531260/2021/2021, kwota dofinansowania 100%, całkowita wartość projektu 625 910,50 PLN

	+	-		+	-
<i>Sphingomonas</i>	N-NO ₂ , Mg, CEC, AR	N-NO ₃ , P-PO ₄ , cKH	<i>Mortierella</i>	N-NO ₃ , P-PO ₄ , K, cKH	pH, PPW, N-NO ₂ , AR, E4/E6
<i>Flavobacterium</i>	TC, TS, P-PO ₄ , Mg, K, CEC, cKH	Olsen P, AR, E4/E6	<i>Penicillium</i>	N-NO ₂ , AR	Brak
<i>Massilia</i>	Wilgotność, EDC, P-PO ₄ , K, AD	Eh, PPW, N-NH ₄ , N-NO ₃ , Olsen P	<i>Solicoccozyma</i>	PPW, Olsen P, AR, E4/E6	Wilgotność, P-PO ₄ , K, CEC, AD, cKH
<i>Arenimonas</i>	Wilgotność, P-PO ₄ , K, AD, cKH	Eh, PPW, Olsen P, AR, E4/E6	<i>Trechispora</i>	Brak	Brak
<i>Pseudomonas</i>	Brak	Brak	<i>Metarhizium</i>	Eh, PPW, Olsen P	Brak
<i>Ferruginibacter</i>	Wilgotność, P-PO ₄ , K, AD, cKH	pH, Eh, PPW, N-NO ₂ , AR, E4/E6	<i>Talaromyces</i>	AR, E4/E6	P-PO ₄ , AD
<i>Pedobacter</i>	TS, P-PO ₄ , Mg, K, CEC, AD	pH, AR	<i>Podospora</i>	PPW, N-NH ₄ , N-NO ₃ , Olsen P	TS, Mg, K, CEC, AD
<i>Gemmatimonas</i>	EDC	N-NO ₃	<i>Cheilymenia</i>	pH, EDC, N-NO ₂ , AR	N-NO ₃
<i>Vicinamibacteraceae</i>	TS, K, CEC	N-NH ₄ , Olsen P	<i>Epicoccum</i>	TS, N-NO ₂ , Mg, CEC	N-NO ₃ , P-PO ₄ , cKH
<i>Bryobacter</i>	Eh, PPW, N-NH ₄ , N-NO ₃ , Olsen PE4/E6	EC, wilgotność, TC, Mg, K, CEC, AD	<i>Paraconiothyrium</i>	pH, N-NO ₂ , AR	N-NO ₃
<i>Mucilaginibacter</i>	TS, P-PO ₄ , Mg, K, CEC, AD	pH, AR	<i>Peziza</i>	TS, Mg, CEC	N-NO ₃
<i>Unclassified</i>	Eh, PPW, N-NH ₄ , N-NO ₃ , Olsen P	Wilgotność, TC, K, CEC, AD	<i>Other</i>	PPW, N-NO ₂ , AR, E4/E6	N-NO ₃ , P-PO ₄ , K, cKH
<i>Other</i>	pH, N-NO ₂ , AR	EDC, N-NO ₃ , P-PO ₄ , K, CEC, AD			