

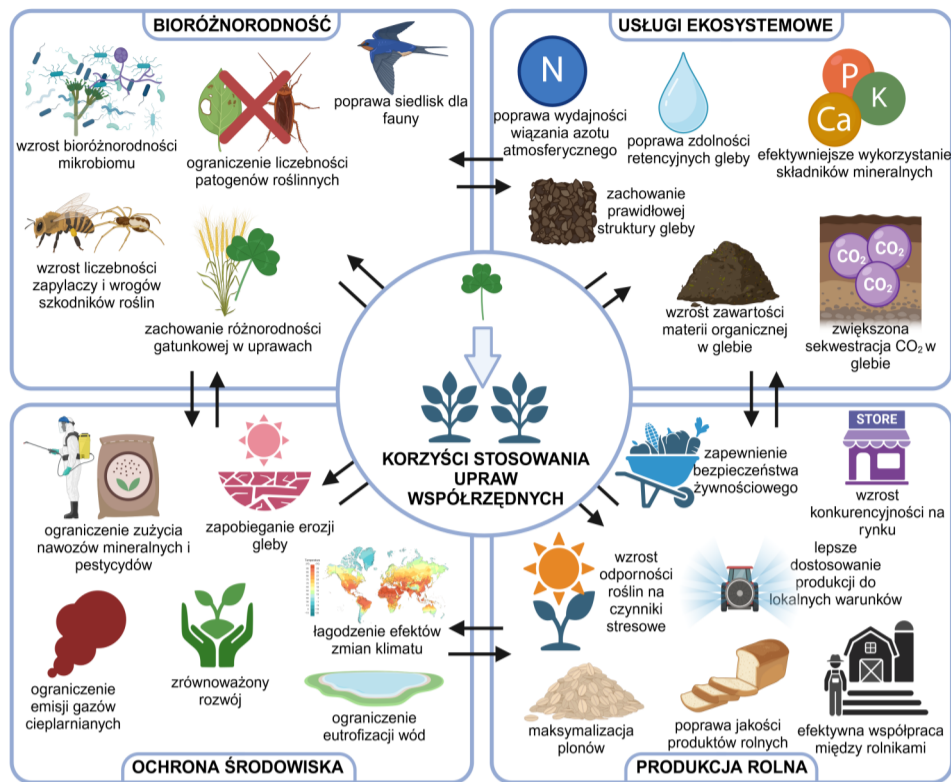


Mikrobiom glebowy pod lupą: funkcjonalna analiza zbiorowisk bakterii w uprawach współrzędnych zbóż i roślin bobowatych

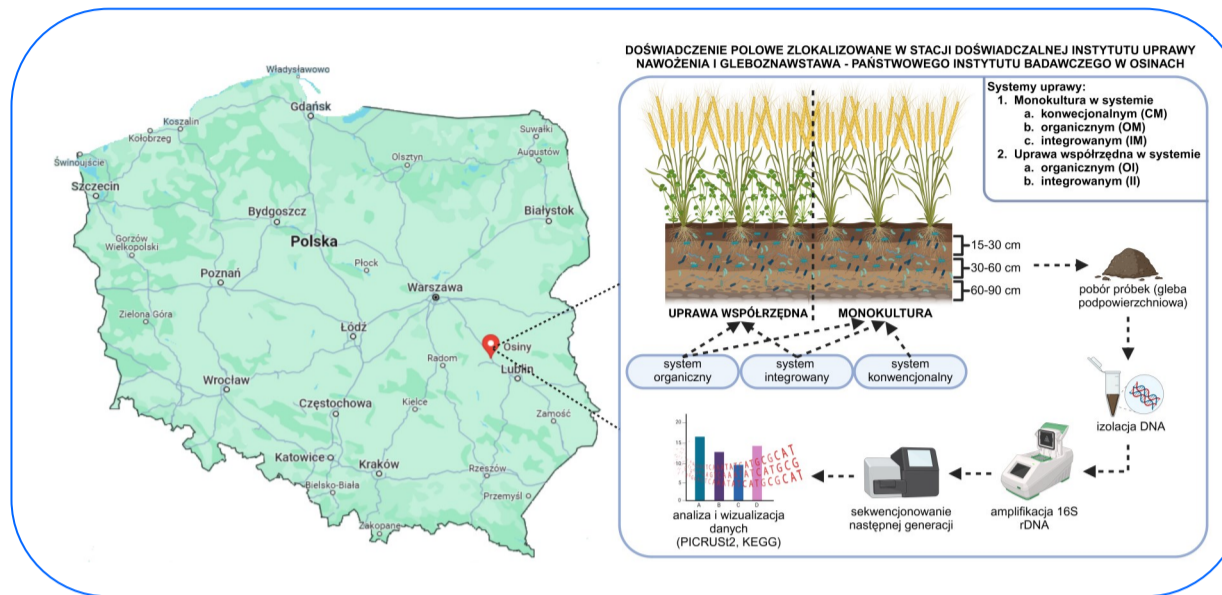
Mateusz Mącik¹, Dominika Siegieda¹, Agata Gryta¹, Jacek Panek¹, Beata Feledyn-Szewczyk², Giacomo Pietramellara³, Shamina Imran Pathan³, Magdalena Frąc¹ (e-mail: m.frac@ipan.lublin.pl)

- Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk, Lublin, Polska
- Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy, Polska
- Uniwersytet we Florencji, Włochy

DLACZEGO UPRAWY WSPÓLRZĘDNE?



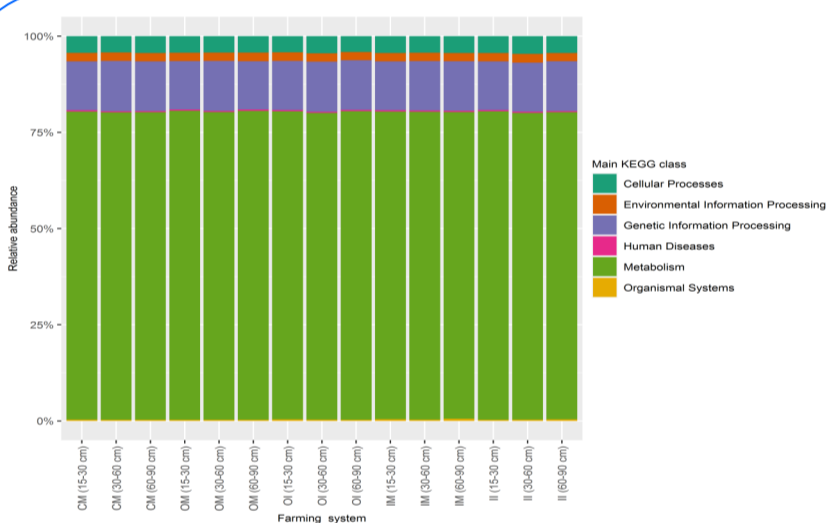
MATERIAŁY I METODY



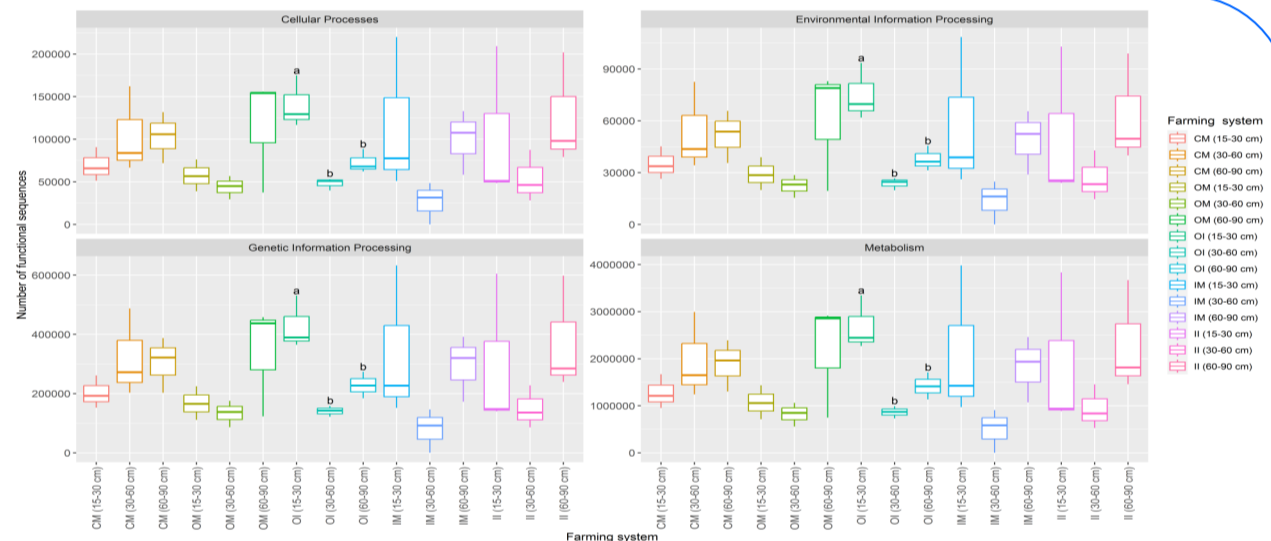
GŁÓWNY CEL BADAŃ

Celem badań była analiza profilu funkcjonalnego zbiorowisk bakterii w warstwach podpowierzchniowych gleby w różnych systemach uprawy zbóż i roślin bobowatych.

WYNIKI

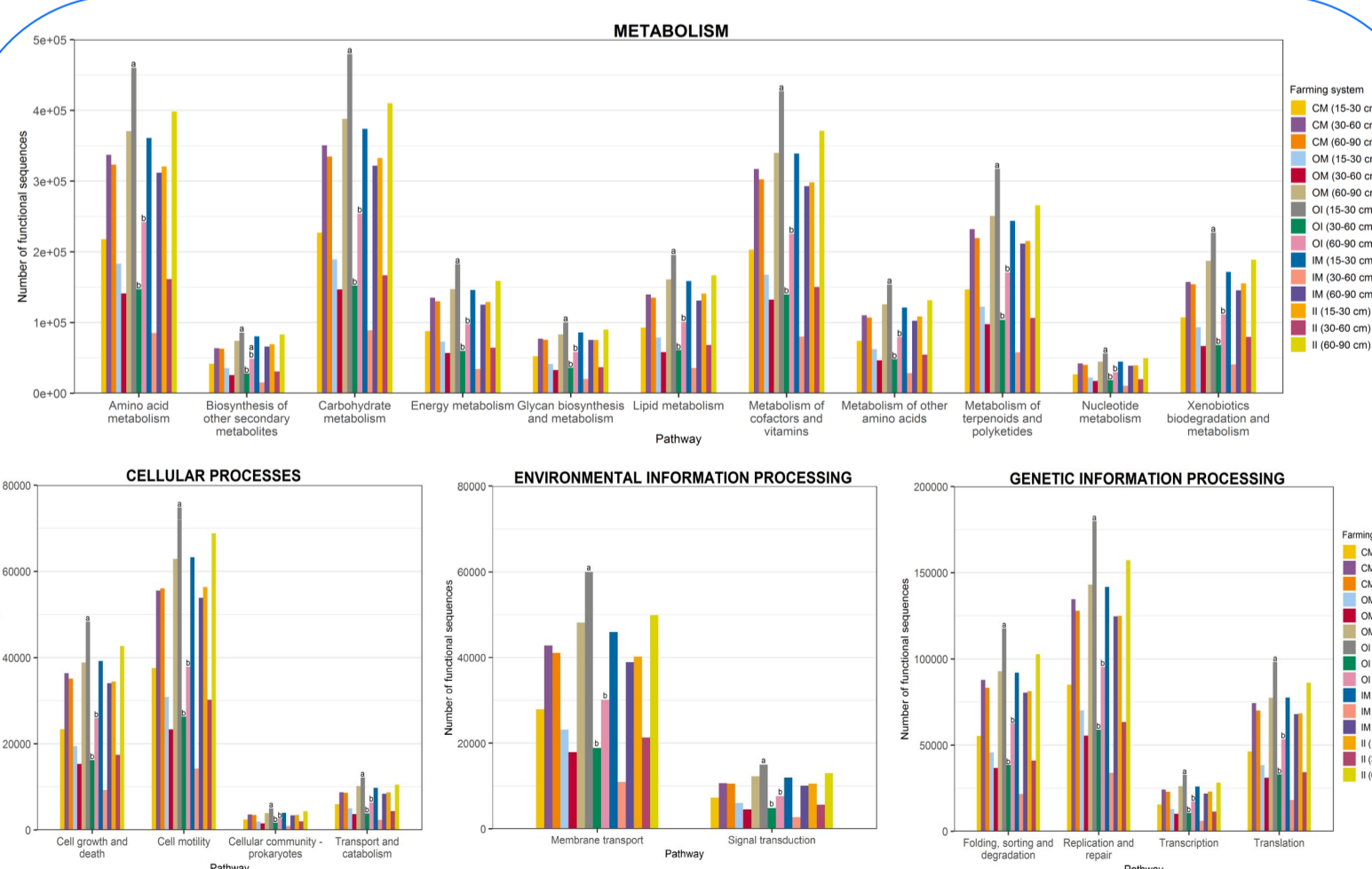


Rys. 1. Względna obfitość głównych klas metabolicznych uzyskanych na podstawie przewidywania profilu funkcjonalnego zbiorowisk bakterii z wykorzystaniem narzędzia PICRUSt oraz bazy danych KEGG.



Rys. 2. Liczba funkcjonalnych sekwencji przypisanych do poszczególnych warstw podpowierzchniowych w danym systemie uprawy. Oznaczenia literowe wskazują na statystycznie istotne różnice ($p < 0.05$) pomiędzy poszczególnymi warstwami podpowierzchniowymi w danym systemie uprawy. Brak oznaczeń literowych wskazuje na brak istotnych różnic ($p < 0.05$).

WYNIKI



Rys. 3. Liczba funkcjonalnych sekwencji przypisanych do poszczególnych dominujących szlaków metabolicznych w obrębie głównych klas KEGG. Oznaczenia literowe wskazują na statystycznie istotne różnice ($p < 0.05$) pomiędzy poszczególnymi warstwami podpowierzchniowymi w danym systemie uprawy. Brak oznaczeń literowych wskazuje na brak istotnych różnic ($p < 0.05$).

PODSUMOWANIE

Największą liczbę sekwencji dla każdego z zidentyfikowanych szlaków zanotowano w warstwie 15-30 cm w uprawie współrzędnej w systemie organicznym. W porównaniu z konwencjonalną metodą, liczba sekwencji wzrosła w warstwie 15-30 cm w integrowanych systemach oraz w uprawie współrzędnej w systemie organicznym. W organicznych i integrowanych systemach uprawy zanotowano również obniżenie liczby sekwencji w warstwie 30-60 cm oraz zwiększenie w warstwie 60-90 cm. Uzyskane wyniki wskazują, że na kształt profilu funkcjonalnego zbiorowisk bakterii wpływa nie tylko sposób uprawy, ale także głębokość profilu glebowego.

W profilu funkcjonalnym zbiorowisk bakterii dominowały sekwencje związane z metabolizmem (~80%), przetwarzaniem informacji genetycznej (~13%) oraz procesami komórkowymi (~4%). Gleba stanowi heterogeniczne i często nieprzyjazne środowisko, dlatego mikroorganizmy dostosowały swój metabolizm w kierunku jak najefektywniejszego wykorzystania związków należących do różnych grup oraz do wydajnego przeprowadzania procesów związanych z poruszaniem się z wykorzystaniem energii metabolicznej, ekspresją informacji genetycznej oraz transportem sygnałów między komórką a otoczeniem.

Wśród szlaków metabolicznych największą liczbę sekwencji przypisano do procesów związanych z przemianami aminokwasów i węglowodanów, co wskazuje, że związki te stanowią łatwo przyswajalne źródło energii dla mikroorganizmów. Stosunkowo wysoką liczbę funkcjonalnych sekwencji przypisano również do szlaków związanych z metabolizmem terpenoidów i poliketydów oraz biodegradacją ksenobiotyków. Enzymy uczestniczące w tych procesach występują w niewielkiej liczbie mikroorganizmów, a ich wyspecjalizowane funkcje odgrywają kluczową rolę w łagodzeniu stresów środowiskowych, a tym samym zapewniają wysoką jakość mikrobiomu.

Badania finansowane w ramach Programu Horizont Europa finansowanego przez Unię Europejską, numer umowy: Project 101082289 — LEGUMINOSE



LEGUMINOSE
the way to a green transition

