

Struktura zespołów bakterii i grzybów oraz aktywność enzymatyczna ryzosfery *Vicia faba* L.

Małgorzata Baćmaga, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski, Agata Borowik

Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Wydział Rolnictwa i Leśnictwa, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

Wstęp

Podczas wzrostu i rozwoju roślin w glebie zachodzi szereg procesów biochemicznych, które mają znaczący wpływ na jej mikrobiotę. Wydzieliny korzeniowe roślin są podstawowym czynnikiem wpływającym zarówno na aktywność, jak i różnorodność mikroorganizmów ryzosfery ze względu na ich właściwości odżywcze, antybiotyczne i sygnalizacyjne. Mogą one istotnie modyfikować interakcję pomiędzy składem zbiorowisk roślinnych a składem i strukturą zespołów mikroorganizmów glebowych. Każda roślina uprawna pozostawia dla rośliny następczej określone stanowisko zmieniając właściwości fizyczne, chemiczne i biologiczne gleby. Mogą one prowadzić do zwiększenia zawartości węgla organicznego i dostępności składników odżywczych, poprawy agregacji, porowatości i gęstości gleby, a także ograniczenia parowania wody z gleby zachowując w ten sposób jej wilgotność do uprawy kolejnych roślin.

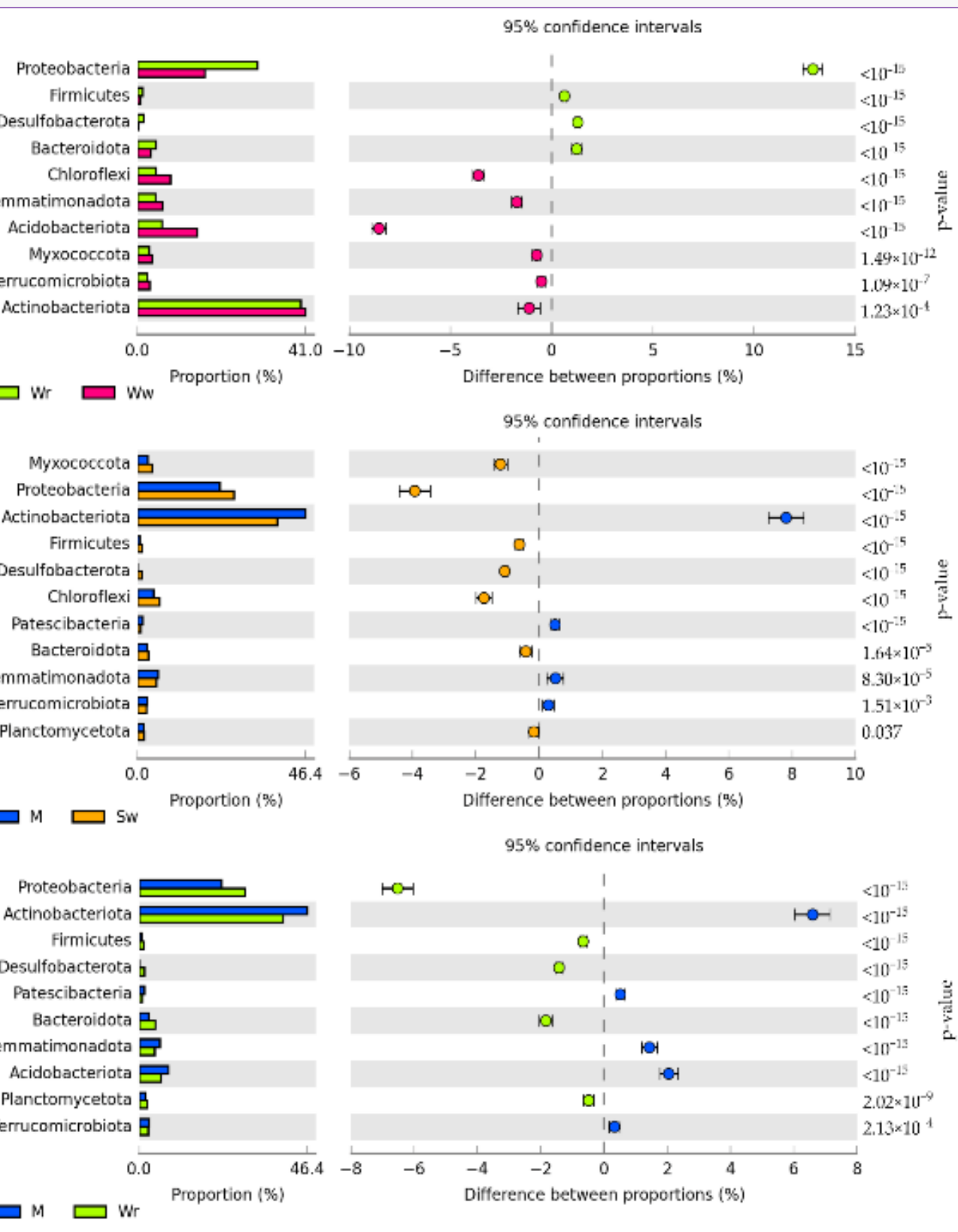
Celem badań było określenie oddziaływania przedplonu (pszenica jara, pszenica ozima, kukurydza i rzepak ozimy) na strukturę zespołów bakterii i grzybów, aktywność enzymów glebowych oraz wzrost i rozwój *Vicia faba* L.

Metodyka

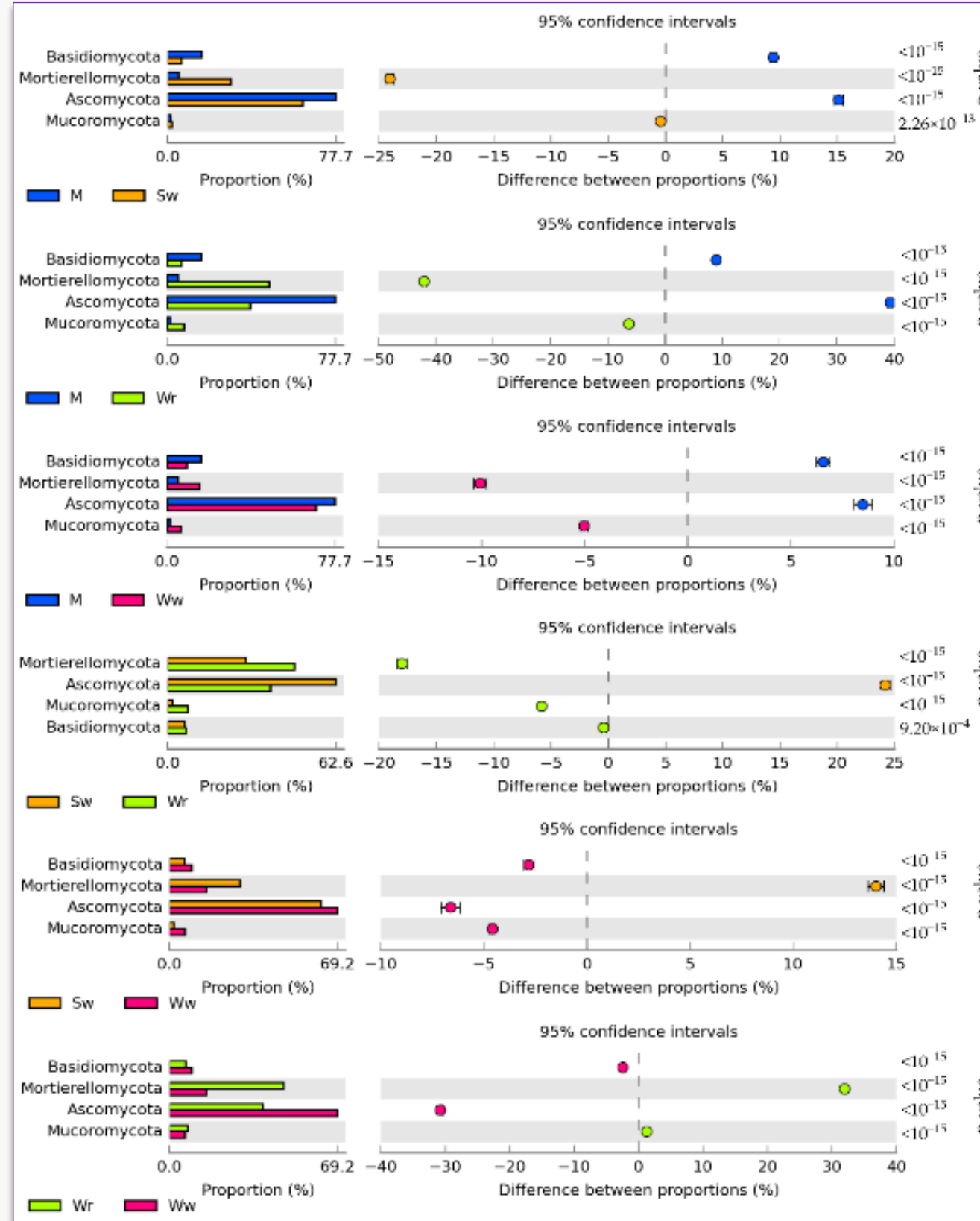
Doświadczenie wazonowo-vegetacyjne prowadzono przez 120 dni, w którym rośliną następczą była *Vicia faba* L. Przedplonem były następujące rośliny: pszenica jara (*Triticum aestivum* L. subsp. *aestivum*) odmiana "Tybalt", pszenica ozima (*Triticum aestivum* L. subsp. *aestivum*) odmiana "Apostel", kukurydza (*Zea mays* L.) odmiana "SY Calo" oraz rzepak ozimy (*Brassica napus* L.) odmiana "Kuga F1". Wpływ przedplonu na mikroorganizmy glebowe badano metodą klasyczną oraz metagenomiczną, aktywność enzymatyczną gleby – metodami klasycznymi, natomiast wzrost i rozwój *Vicia faba* L. – poprzez określenie biometrii roślin oraz indeksu zieloności liści (SPAD).

Wyniki

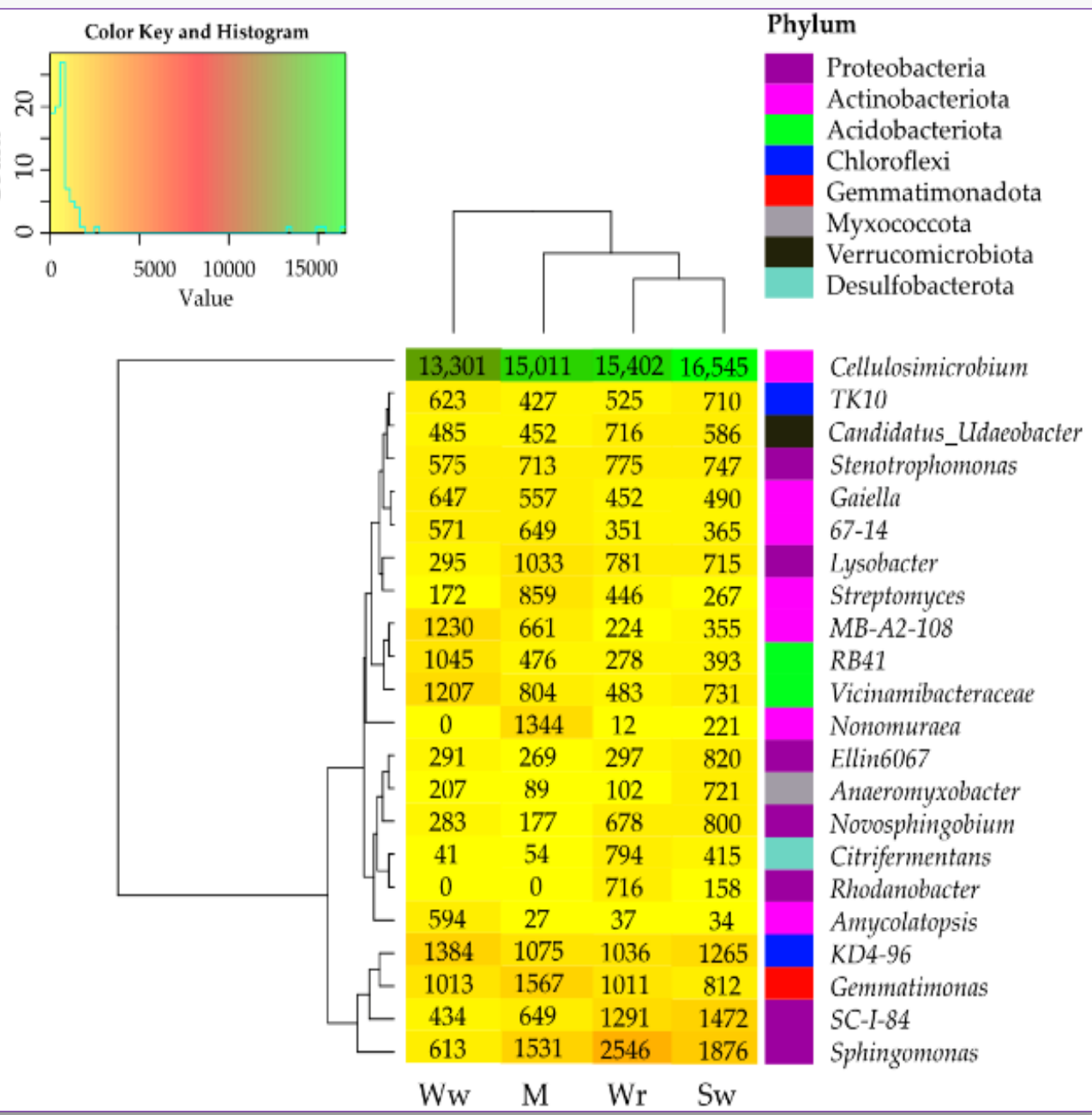
Klasyfikacja taksonomiczna bakterii i grzybów na poziomie phylum i rodzaju została przedstawiona na rys. 1–6, aktywność enzymatyczna gleby w tabeli 1, biometria roślin w tabeli 2, natomiast indeks zieloności liści (SPAD) na rys. 7.



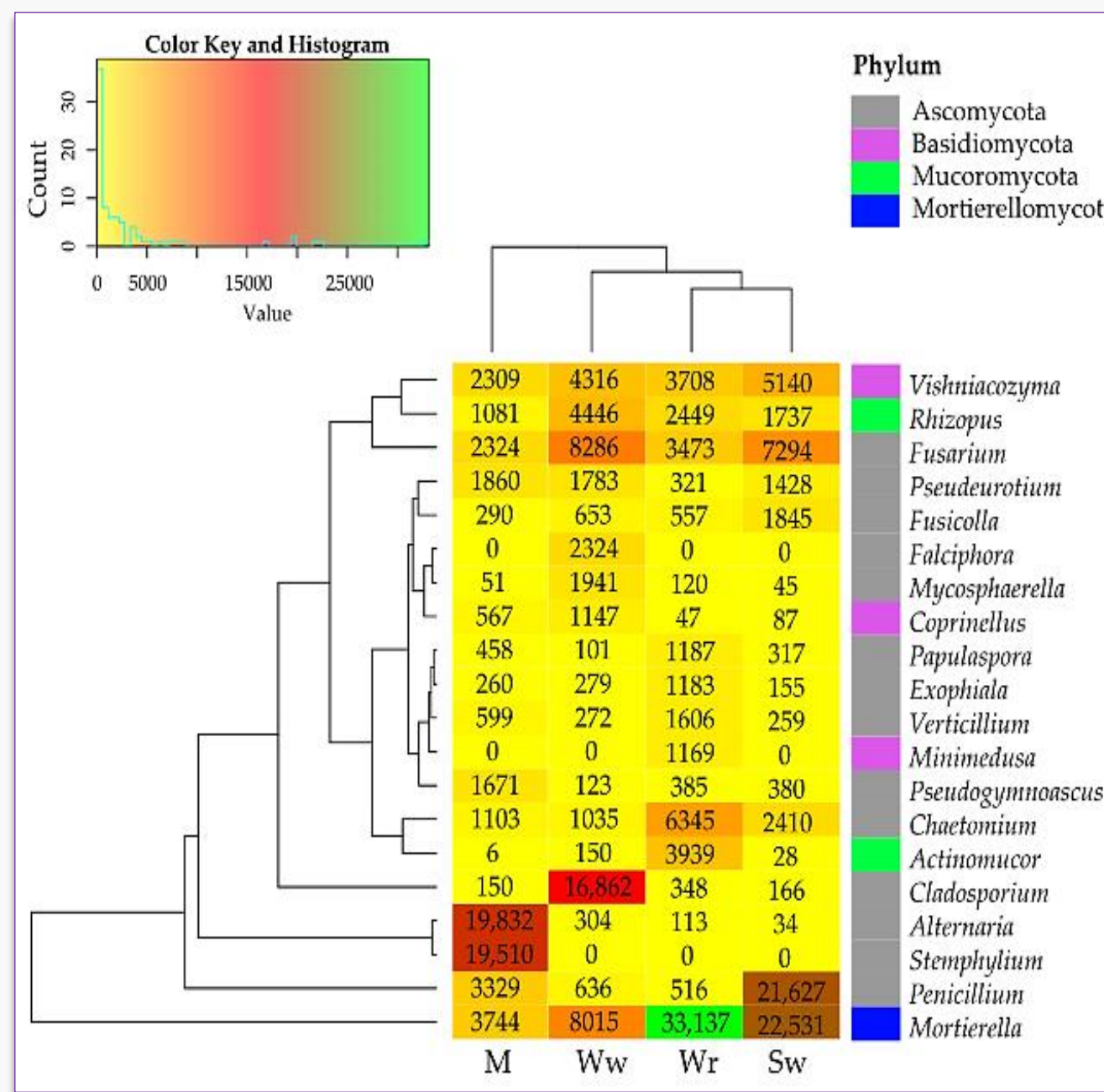
Rys. 1. Dominujące phylum bakterii w glebie (OTU ≥ 1%).



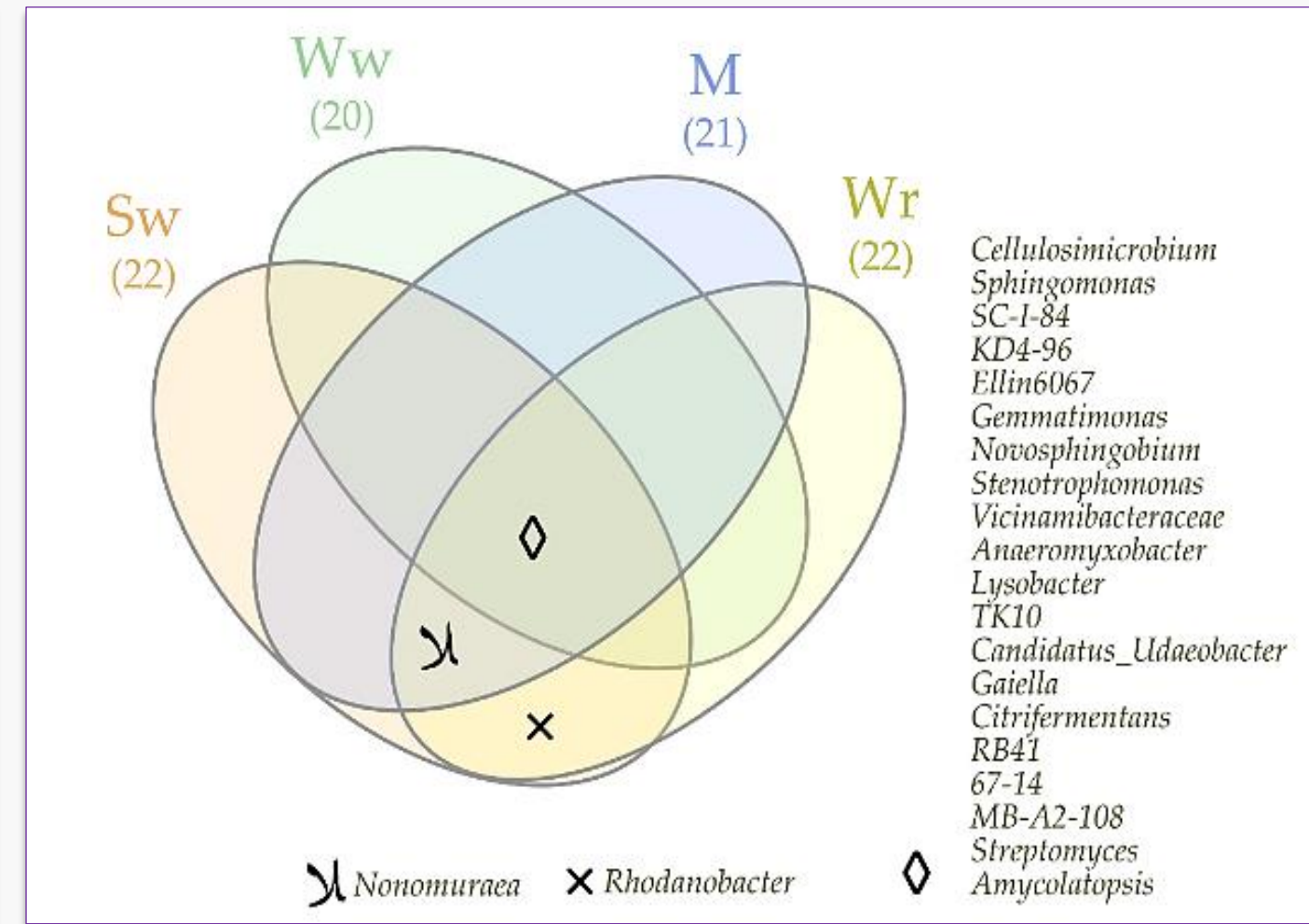
Rys. 2. Dominujące phylum grzybów w glebie (OTU ≥ 1%).



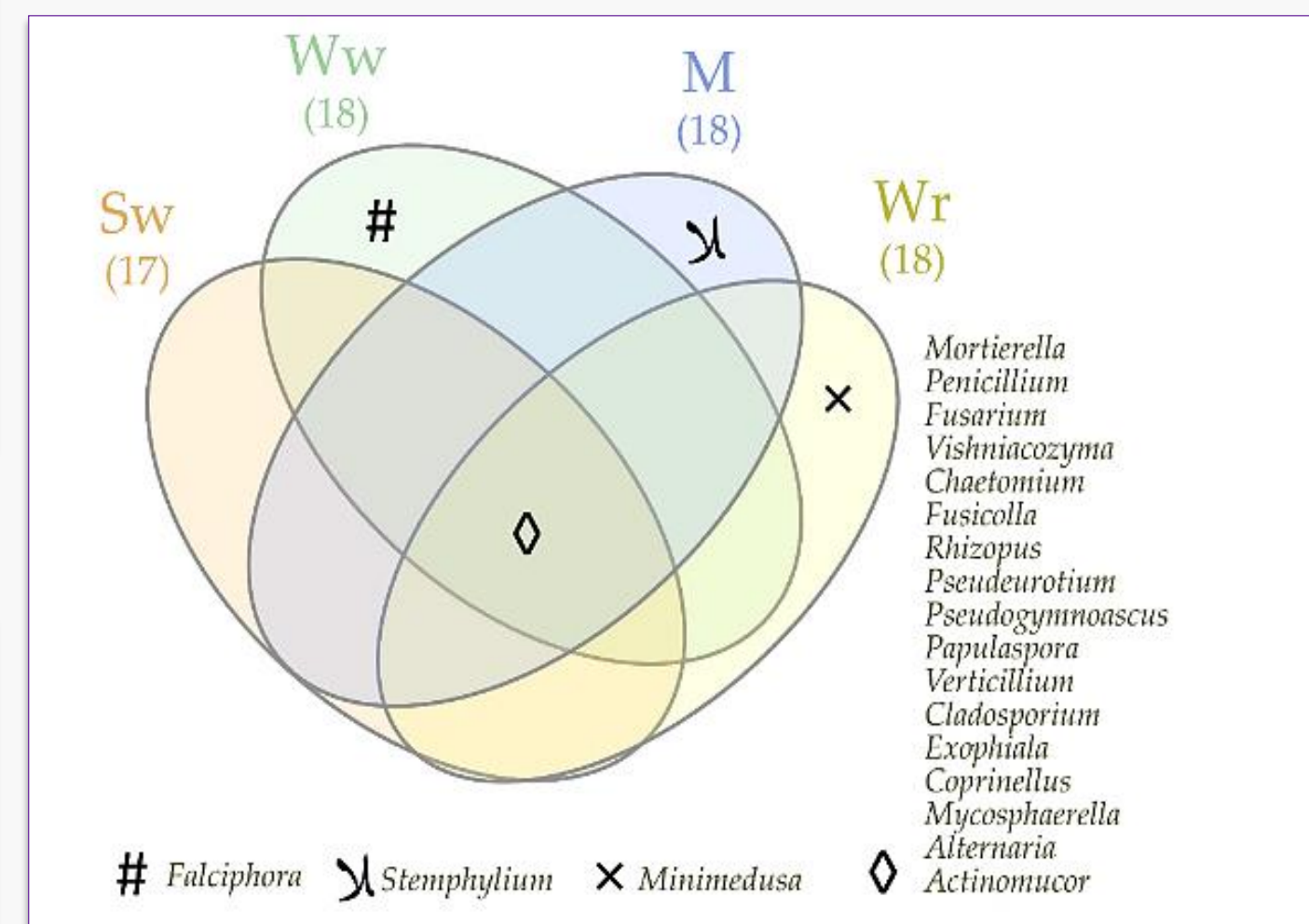
Rys. 3. Dominujące rodzaje bakterii w glebie (OTU ≥ 1%) przedstawione w postaci mapy cieplnej.



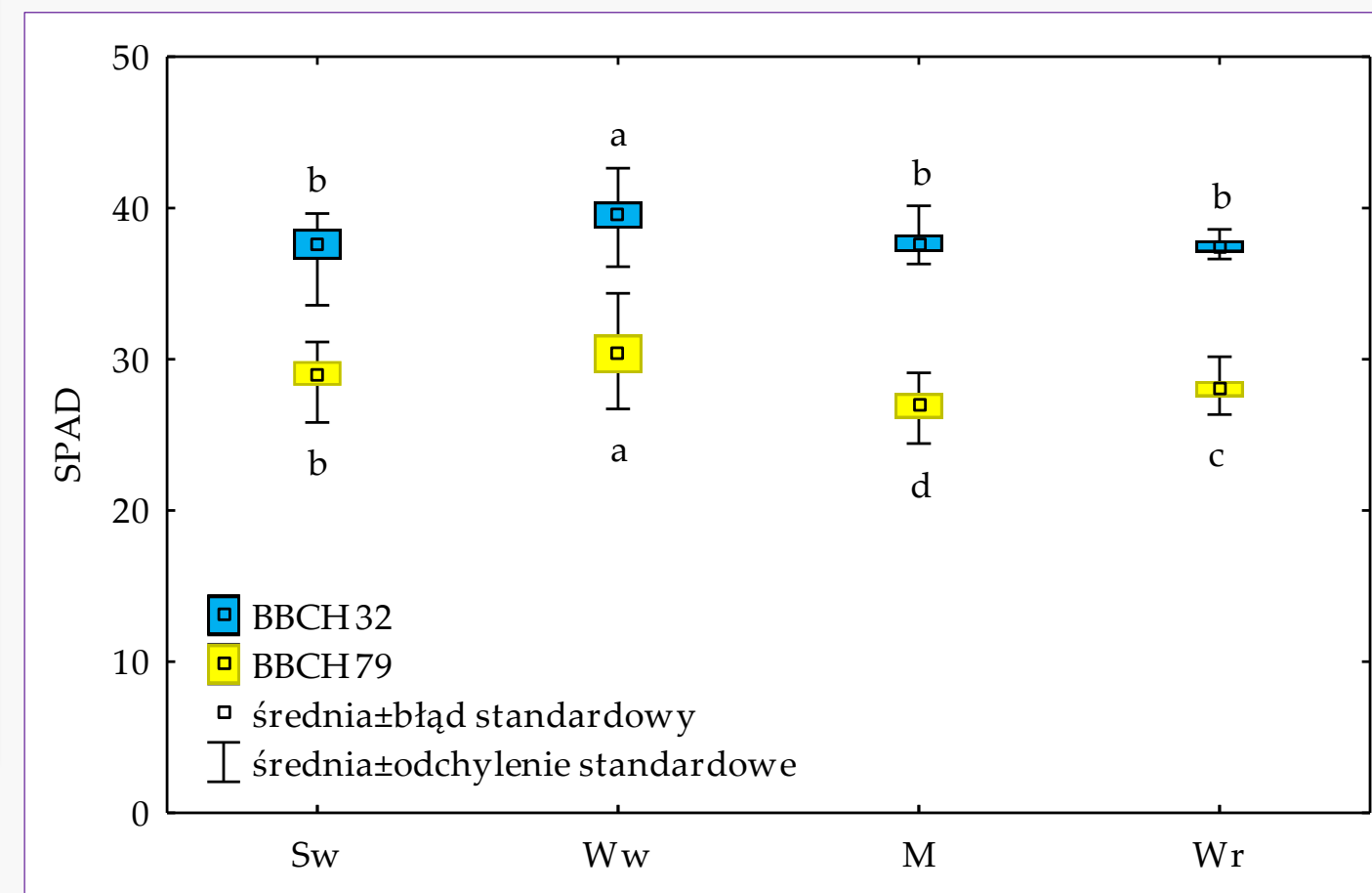
Rys. 4. Dominujące rodzaje grzybów w glebie (OTU ≥ 1%) przedstawione w postaci mapy cieplnej.



Rys. 5. Diagram Venna przedstawiający wspólne i unikalne rodzaje bakterii w glebie (OTU ≥ 1%).



Rys. 6. Diagram Venna przedstawiający wspólne i unikalne rodzaje grzybów w glebie (OTU ≥ 1%).



Rys. 7. Indeks zieloności liści (SPAD) *Vicia faba* L.

Tabela 1. Aktywność enzymatyczna w glebie (kg^{-1} s.m. gleby h^{-1}).

Przedplon	Deh	Cat	Pal	Pac	Glu	Aryl	Ure	GMea
Sw	17.408 ^b	0.632 ^a	3.494 ^c	5.720 ^c	0.582 ^a	0.436 ^a	0.552 ^c	1.632 ^d
Ww	12.273 ^c	0.639 ^a	5.663 ^a	4.375 ^f	0.416 ^d	0.411 ^b	1.245 ^a	1.702 ^c
M	19.249 ^a	0.651 ^a	4.004 ^c	6.421 ^b	0.430 ^c	0.438 ^a	1.241 ^a	1.853 ^a
Wr	17.842 ^b	0.607 ^b	4.247 ^b	6.648 ^a	0.533 ^b	0.412 ^b	0.792 ^c	1.764 ^b

Tabela 2. Biometria *Vicia faba* L.

Przedplon	DŁ	LS	LN	MN	PSMN	PSML	PSMŁ	PSMŁu
Sw	93.880 ^a	6.120 ^a	1.708 ^b	3.915 ^a	3.915 ^a	2.489 ^a	3.554 ^a	2.213 ^a
Ww	94.943 ^a	5.300 ^{ab}	1.782 ^b	4.099 ^a	4.099 ^a	1.993 ^{ab}	3.488 ^a	2.157 ^a
M	92.307 ^b	4.967 ^{ab}	1.885 ^a	3.714 ^b	3.714 ^{ab}	2.168 ^{ab}	3.242 ^b	2.075 ^b
Wr	89.783 ^c	4.233 ^c	1.810 ^a	3.408 ^c	3.408 ^b	1.860 ^b	2.976 ^c	1.739 ^c

Objaśnienia do rysunków i tabel:

- Przedplon:** Sw – pszenica jara; Ww – pszenica ozima; M – kukurydza; Wr – rzepak ozimy.
- Aktywność enzymatyczna:** Deh – dehydrogenazy ($\mu\text{mol TFF}$); Cat – katalaza (mol O_2); Pal – fosfataza alkaliczna (mmol PNP); Pac – fosfataza kwaśna (mmol PNP); Glu – β -glukozydaza (mmol PNP); Aryl – arylosulfataza (mmol PNP); Ure – ureaza (mmol N-NH_4); GMea – średnia geometryczna aktywności enzymów.
- Biometria roślin:** DŁ – długość łodygi (cm); LS – liczba strąków (roślina^{-1}); LN – liczba nasion (strąk^{-1}); MN – masa nasion (g strąk^{-1}); PSMN – plon suchej masy nasion (g roślina^{-1}); PSML – plon suchej masy liści ($\text{g s.m. roślina}^{-1}$); PSMŁ – plon suchej masy łodyg ($\text{g s.m. roślina}^{-1}$); PSMŁu – plon suchej masy łuszczyń ($\text{g s.m. roślina}^{-1}$).
- Fazy rozwojowe *Vicia faba* L.:** BBCH 32 – wyraźnie wydłużone międzywęźla; BBCH 79 – prawie wszystkie strąki osiągnęły ostateczną długość.

Podsumowanie

- Przedplon istotnie oddziaływał na mikroorganizmy i enzymy glebowe oraz wzrost i rozwój *Vicia faba* L.
- W glebie spod uprawy Sw bakterie organotroficzne i grzyby charakteryzowały się najwyższą liczebnością oraz wartością wskaźnika rozwoju kolonii (CD).
- Najwyższe wartości wskaźnika różnorodności ekofizjologicznej (EP) bakterii organotroficznych i promieniowców zaobserwowano w glebie spod uprawy kukurydzy, natomiast grzybów – spod uprawy rzepaku ozimego.
- Próbki gleby były skolonizowane głównie przez bakterie przynależne do phylum Actinobacteriota, reprezentowane najliczniej przez rodzaj *Cellulosimicrobium*.
- Wśród grzybów najliczniej występowało phylum Ascomycota, z wyjątkiem gleby spod uprawy rzepaku ozimego, w której dominowały Mortierellomycota.
- Gleba spod uprawy pszenicy jarej i rzepaku ozimego była najliczniej zasiedlona przez grzyby z rodzaju *Mortierella*, gleba spod uprawy pszenicy ozimej – przez *Cladosporium*, a gleba spod uprawy kukurydzy – przez *Alternaria*.
- Zidentyfikowano również unikalne rodzaje grzybów, takie jak *Falciphora* w glebie spod uprawy pszenicy ozimej, *Stemphylium* – w glebie spod uprawy kukurydzy i *Minimedusa* – w glebie spod uprawy rzepaku ozimego.
- W glebie spod uprawy kukurydzy odnotowano najwyższą aktywność dehydrogenaz, katalazy, arylosulfatazy i wartość średniej geometrycznej aktywności enzymów, w glebie spod uprawy pszenicy ozimej – fosfatazy alkalicznej i ureazy, pszenicy jarej – β -glukozydazy oraz rzepaku ozimego – fosfatazy kwaśnej.
- Gleba spod uprawy pszenicy jarej i pszenicy ozimej miała najwyższy plon nasion bobiku, podczas gdy najniższy plon nasion był w glebie spod uprawy rzepaku ozimego. Ponadto gleba pochodząca spod uprawy pszenicy ozimej miała najwyższy plon suchej masy bobiku liści, łodyg i łuszczyń.
- Najwyższy indeks zieloności liści (SPAD) stwierdzono dla bobiku uprawianego w glebie po pszenicy jarej, a najniższy dla bobiku uprawianego w glebie po rzepaku ozimym.