

Ocena skutków wprowadzenia hydrolizatu keratynowego do różnych typów gleb na podstawie liczebności mikroorganizmów i całkowitej puli DNA



WYDZIAŁ
AGROBIOINŻYNIERII

Michał Możejko, Justyna Bohacz

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Wydział Agrobiotechnologii, Katedra Mikrobiologii Środowiskowej, ul. Leszczyńskiego 7, 20-069 Lublin

michal.mozejko@up.lublin.pl / justyna.bohacz@up.lublin.pl

WSTĘP

Niekorzystne zmiany klimatyczne od lat wymuszają działania na rzecz ochrony środowiska, w tym ograniczanie stosowania chemicznych nawozów i środków ochrony roślin. Alternatywną, przyjazną środowisku i niezagrażającą konsumentom formą nawozów są preparaty powstałe na bazie odpadów organicznych poddanych mikrobiologicznej biodegradacji i biotransformacji. Bogate w mineralne formy N i S hydrolizaty keratynowe, pozyskiwane z przetwarzania odpadowego pierza kurcząt przez keratynolityczne, geofilne grzyby *Trichophyton ajelloi* posiadają potencjał nawożenia wobec roślin o wysokim zapotrzebowaniu na te pierwiastki.

CEL

Celem pracy było zbadanie wpływu odpadowego pierza kurcząt zhydrolizowanego przez wyizolowany z gleby typu Cambisol szczep XII *Trichophyton ajelloi*, na ogólną liczebność bakterii, grzybów, drobnoustrojów proteolitycznych i celulolitycznych a także całkowitą pulę DNA i zmiany pH w dwóch typach gleb tj. kambisolu (Cambisol) i czarnoziemie (Chernozem).

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenie obejmujące warianty bez dodatku i z dodatkiem hydrolizatu, a także bez i z obsadą rzepaku prowadzono na dwóch typach gleb w fitotronie przez 60 dni. Okresowo gleby w każdym z wariantów nawilżano wodnym roztworem hydrolizatu (1:2) lub tylko wodą (kontrola) do poziomu 60% całkowitej pojemności wodnej, a następnie po 3, 30 i 60 dniach badano liczebność mikroorganizmów z wykorzystaniem płytkowej metody rozcieńczeń. Pomiaru pH dokonano metodą potencjometryczną za pomocą pH-metru Elmetron CP-504. Analiza statystyczna wyników, w celu wykazania istotnych różnic pomiędzy badanymi wariantami doświadczalnymi obejmowała wieloczynnikową analizę wariancji (ANOVA) i test post-hoc HSD-Tukey'a ($\alpha = 0.05$).

WYNIKI

Stwierdzono, że hydrolizat keratynowy spowodował wzrost liczebności bakterii w kambisolu bez obsady rośliny (o 103%), z obsadą (o 26%) oraz czarnoziemie obsadzonym rzepakiem (o 19%) (Rys. 1). W przypadku liczebności grzybów odnotowano jej wzrost w kambisolu (o 22%) i czarnoziemie (o 31%) bez obsady roślin (Rys. 2). Hydrolizat keratynowy ograniczył rozwój mikroorganizmów proteolitycznych w czarnoziemie bez rzepaku (o 6%) i z jego obsadą (o 38%) (Rys. 3). Liczebność bakterii celulolitycznych w czarnoziemie była istotnie ($\alpha = 0,05$) wyższa niż w kambisolu bez obsady rzepaku (o 171%) oraz z rzepakiem (o 150%) (Rys. 4). Liczebność grzybów celulolitycznych w tej glebie uległa natomiast zwiększeniu w stosunku do prób kontrolnych bez rośliny (o 12%) i z rośliną (o 55%) (Rys. 5). Średni, istotny przyrost zawartości dsDNA pod wpływem hydrolizatu odnotowano w kambisolu obsadzonym (o 15%), nieobsadzonym rzepakiem (o 23%), oraz czarnoziemie bez rośliny (o 8%) (Rys. 6). W kambisolu największe, tj. 9% obniżenie pH, stwierdzono w trakcie doświadczenia po wprowadzeniu hydrolizatu do gleby obsianej rzepakiem. Najbardziej znaczący, 19% spadek pH w czarnoziemie, stwierdzono w wariancie gleby wzbogaconej hydrolizatem i obsianej rzepakiem (Tab. 1).

Tabela 1. Zmiany pH dwóch gleb uprawnych.

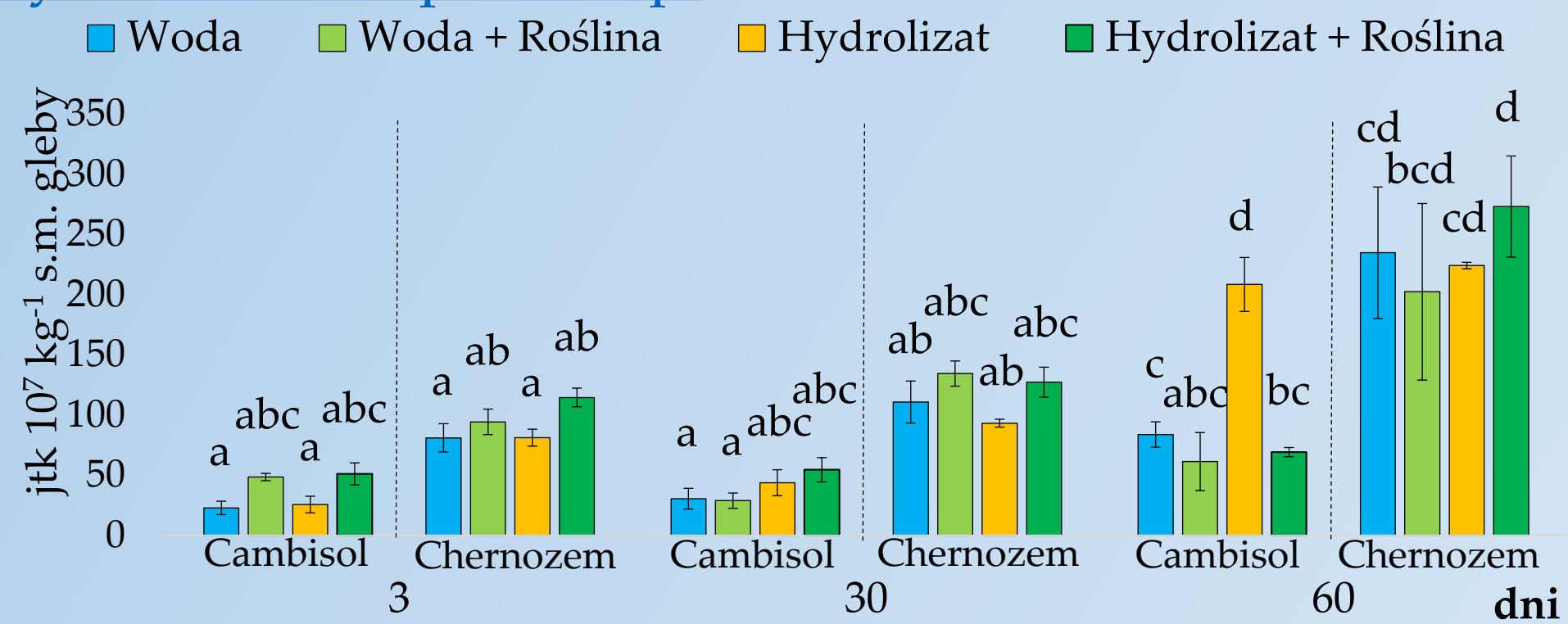
Gleba	Dni	3	30	60	Średnia
pH [-log₁₀[H⁺]]					
Cambisol	Woda	3,71 ± 0,01	3,67 ± 0,01	3,61 ± 0,01	3,66 ± 0,01 aA
	Woda + Roślina	3,72 ± 0,01	3,68 ± 0,01	3,57 ± 0,01	3,66 ± 0,01 aA
	Hydrolizat	3,76 ± 0,01	3,81 ± 0,06	3,42 ± 0,01	3,67 ± 0,02 aA
	Hydrolizat + Roślina	3,75 ± 0,01	3,78 ± 0,04	3,40 ± 0,01	3,64 ± 0,02 aA
Chernozem	Woda	6,20 ± 0,02	6,21 ± 0,08	6,17 ± 0,04	6,19 ± 0,05 bC
	Woda + Roślina	6,08 ± 0,10	6,21 ± 0,12	6,06 ± 0,07	6,11 ± 0,09 bC
	Hydrolizat	6,15 ± 0,05	5,87 ± 0,07	5,16 ± 0,03	5,72 ± 0,05 aB
	Hydrolizat + Roślina	6,31 ± 0,03	5,56 ± 0,26	5,11 ± 0,20	5,66 ± 0,17 aB

Objaśnienia: Litery, tj. małe (a, b) lub duże (A, B, C, D) oznaczają średnie, które tworzą grupy jednorodne (test post-hoc HSD-Tukey'a dla wieloczynnikowej ANOVA) odpowiednio w obrębie każdej z badanych gleb oddzielnie oraz w obrębie obu gleb łącznie. Jeśli dwóm porównywanym średnim przypisano tę samą literę (np. a lub A), to średnie te nie różnią się istotnie (przy $\alpha = 0,05$); jeśli średnie oznaczono różnymi literami (np.: a i b lub A i B), to różnią się istotnie (przy $\alpha = 0,05$).

WNIOSKI

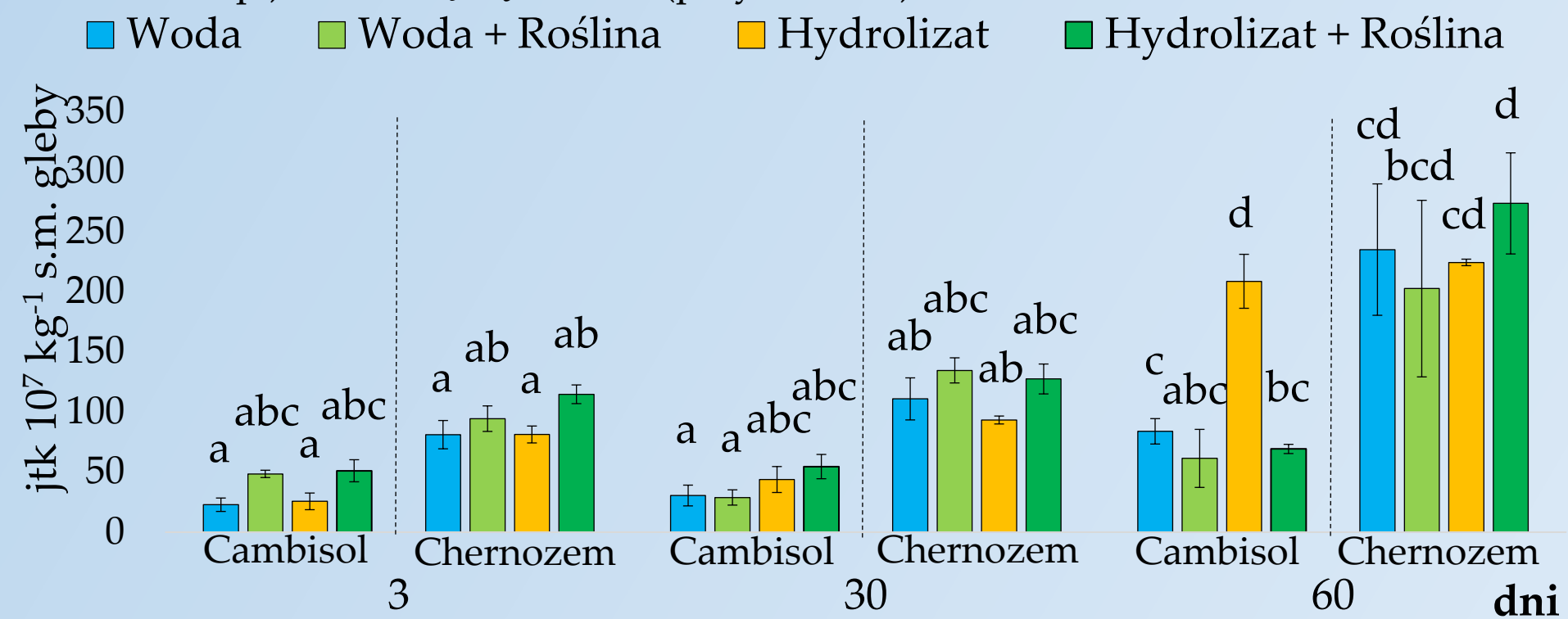
- Keratynolityczne grzyby glebowe *Trichophyton ajelloi* podczas przetwarzania odpadowej keratyny dostarczają hydrolizat o korzystnym oddziaływaniu na mikroorganizmy glebowe.
- Hydrolizat keratynowy silnie obniżał pH w glebach z obsadą roślin, co było szczególnie widoczne w czarnoziemie
- Wprowadzony do kambisolu i czarnoziemiu hydrolizat keratynowy w ogólnym ujęciu zwiększał pulę glebowego dsDNA skorelowaną z liczebnością badanych zespołów drobnoustrojów i może stanowić nawóz poprawiający aktywność biologiczną gleb.

Praca częściowo finansowana w ramach projektu badawczego dla młodych naukowców Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie nr RKM/MN-2/RIO/22

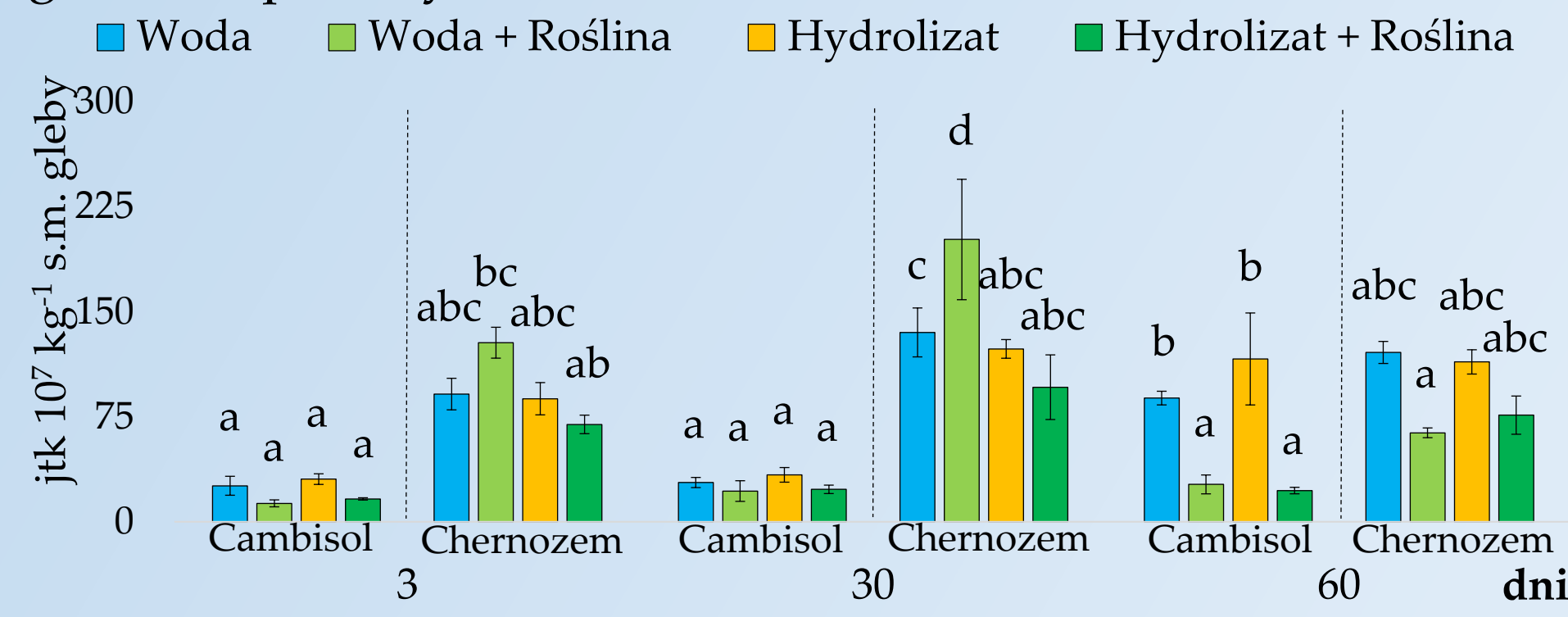


Rysunek 1. Różnice w ogólnej liczebności bakterii w dwóch glebach uprawnych.

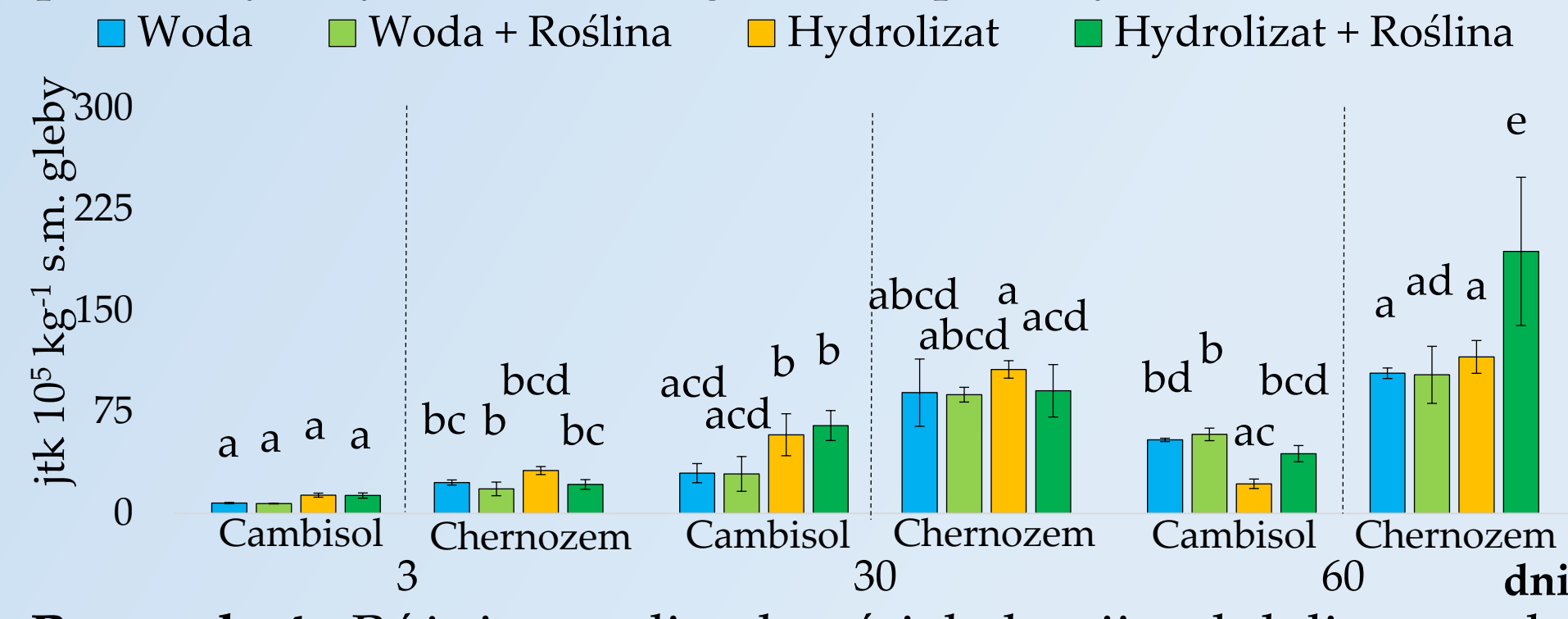
Objaśnienia: Literami a, b, c, d oznaczono średnie tworzące grupy jednorodne (test post-hoc HSD-Tukey'a dla wieloczynnikowej ANOVA); gdy dwóm porównywanym średnim przypisano tę samą literę (np.: a i a lub ab i ab itp.), to średnie nie różnią się istotnie przy $\alpha = 0,05$; jeśli średnie oznaczono różnymi literami (np.: a i b lub ab i bc itp.), to różnią się istotnie (przy $\alpha = 0,05$).



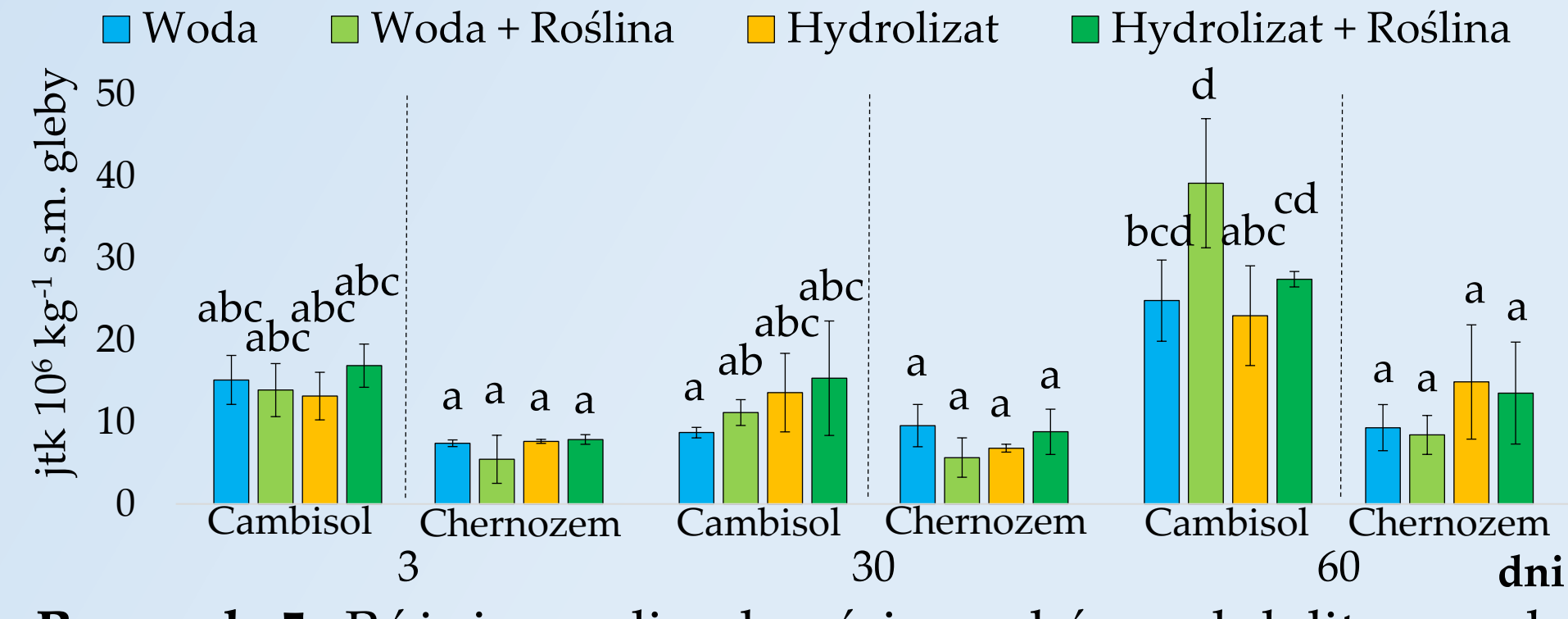
Rysunek 2. Różnice w ogólnej liczebności grzybów w dwóch glebach uprawnych.



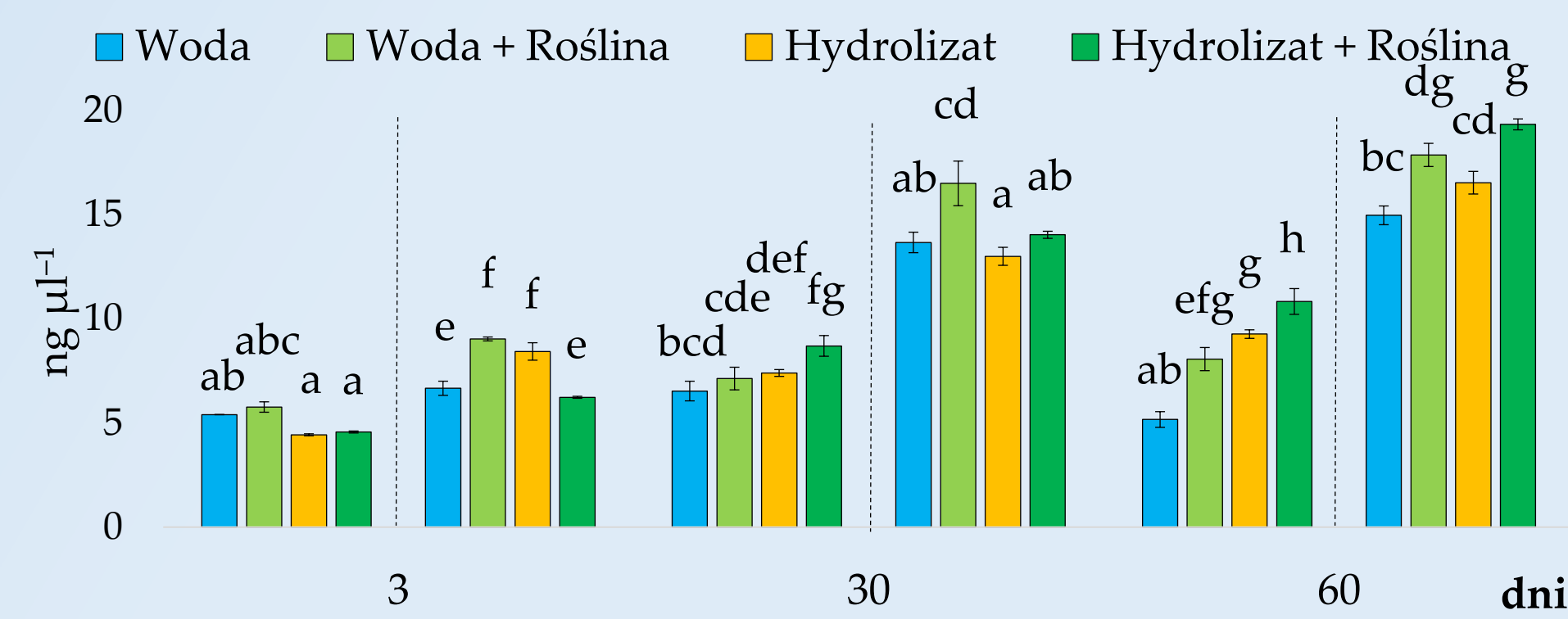
Rysunek 3. Różnice w liczebności drobnoustrojów proteolitycznych w dwóch glebach uprawnych.



Rysunek 4. Różnice w liczebności bakterii celulolitycznych w dwóch glebach uprawnych.



Rysunek 5. Różnice w liczebności grzybów celulolitycznych w dwóch glebach uprawnych.



Rysunek 6. Różnice w ilości dsDNA wyizolowanego z dwóch gleb uprawnych.

