

# Porównanie wpływu symulowanej powodzi na mikrobiom mady rzecznej o różnym zagospodarowaniu

Karolina Furtak<sup>1</sup>, Anna Marzec-Grządziel<sup>1</sup>, Anna Gałązka<sup>1</sup>, Agnieszka Wolińska<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Zakład Mikrobiologii Rolniczej, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa - Państwowy Instytut Badawczy;

<sup>2</sup>Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II

## WPROWADZENIE

Weześniejsze badania wykazały, że symulowana powódź wpływa istotnie na strukturę i aktywność mikrobiomu glebowego. W realizowanym projekcie przyjęto hipotezę, że gleby użytkowane rolniczo są bardziej podatne na stres niż gleby nieuprawne, a zmiany w glebach rolniczych pod wpływem stresu wodnego mogą być bardziej widoczne i mogą zachodzić szybciej.

W celu zweryfikowania hipotezy przeanalizowano zmiany zachodzące w mikrobiomie średniej mady rzecznej o różnym sposobie użytkowania gruntu zachodzące w wyniku symulowanej powodzi.

## MATERIAŁY I METODY

Materiał badawczy stanowiła średnia mada rzeczna pobrana w miejscowości Opatkowice (51°27'44.9"N 21°52'14.1"E) w woj. Lubelskim. Wybrana lokalizacja znajduje się za wałem przeciwpowodziowym i stanowi naturalny teren zalewowy oddalony o ok. 1,3 km Wisły.

Gleba została pobrana w formie bloku (ok. 40 x 30 cm) w 3 powtórzeniach spod uprawy porzeczki czarnej (A) oraz z łąki (M); umieszczona w transparentnym pojemniku (33 x 333 x 42 cm), a następnie zalana wodą rzeczną.

Do analizy mikrobiomu pobrano glebę świeżą (0) oraz po 2, 4, 7, 9, 12 i 14 dniach od zalania. Przy czym nie z każdej próbki uzyskano wyniki.

DNA glebowe wyizolowano z 3 próbek w każdym terminie poboru z zastosowaniem komercyjnego zestawu FastDNA Spin Kit for Soil (MP Biomedicals), a następnie spulowano w próbkę zbiorczą, która stanowiła matrycę do sekwencjonowania następnej generacji genu 16S rRNA (MiSeq, Illumina).

## WYNIKI

W obu wariantach w trakcie całego doświadczenia dominowały bakterie z typów *Proteobacteria* i *Acidobacteria* (Figura 1).

Na poziomie rodzaju zróżnicowanie między próbkami było bardzo widoczne (Figura 2). W obu wariantach użytkowania gleb dominujące były bakterie, które udało się sklasyfikować jedynie na poziomie klasy *Acidobacteria\_Gp6* i stanowiły one od 7,8 do 16,3% mikrobiomu. Drugą tak liczną grupą bakterii, był takson sklasyfikowany do rzędu *Rhizobiales* stanowiący od 4,6 do 10,4%. Z pośród sklasyfikowanych taksonów najliczniej występowały bakterie z rodzajów: *Clostridium sensu stricto* (0,2-8,0%), *Sphingomonas* (0,5-2,8%) i *Bacteroides* (0-3,6%). W glebie z łąki po 12 dniach zalania dominowały bakterie z rodzaju *Rhodobacter* (4,8%).

Gleba z łąki charakteryzowała się mniej różnorodnym mikrobiomem na każdym etapie doświadczenia niż gleba spod uprawy porzeczki (Tabela 1). Jednocześnie liczba obserwowanych taksonów i ich różnorodność zwiększała się w glebie z łąki w trakcie trwania zalania. Natomiast w glebie spod uprawy porzeczki powódź powodowała spadek różnorodności bakterii po 2 dniach, następnie wzrost (po 4 dniach) i ponowny spadek (po 12 dniach). Najwyższą wartość indeksu Shannon'a odnotowano dla gleby spod uprawy po 4 dniach trwania stresu hydrologicznego.

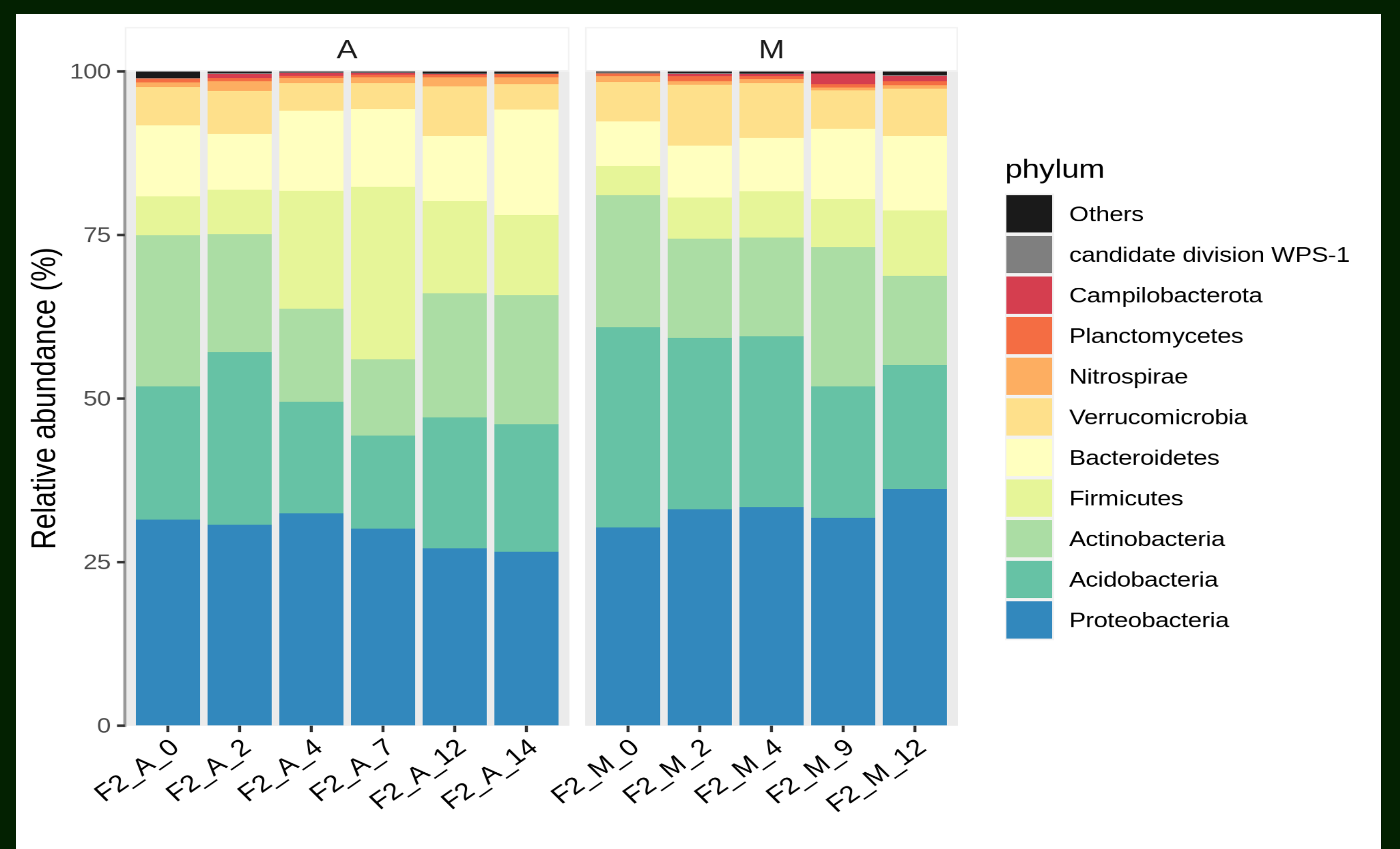
Jednakże różnice w różnorodności bakterii uzyskane między glebą z łąki oraz glebą spod uprawy porzeczki okazały się nieistotne statystycznie (Figura 3A).

Warto również zauważyć, że obie mady miały wspólny mikrobiom przez cały czas trwania doświadczenia (Figura 3B).

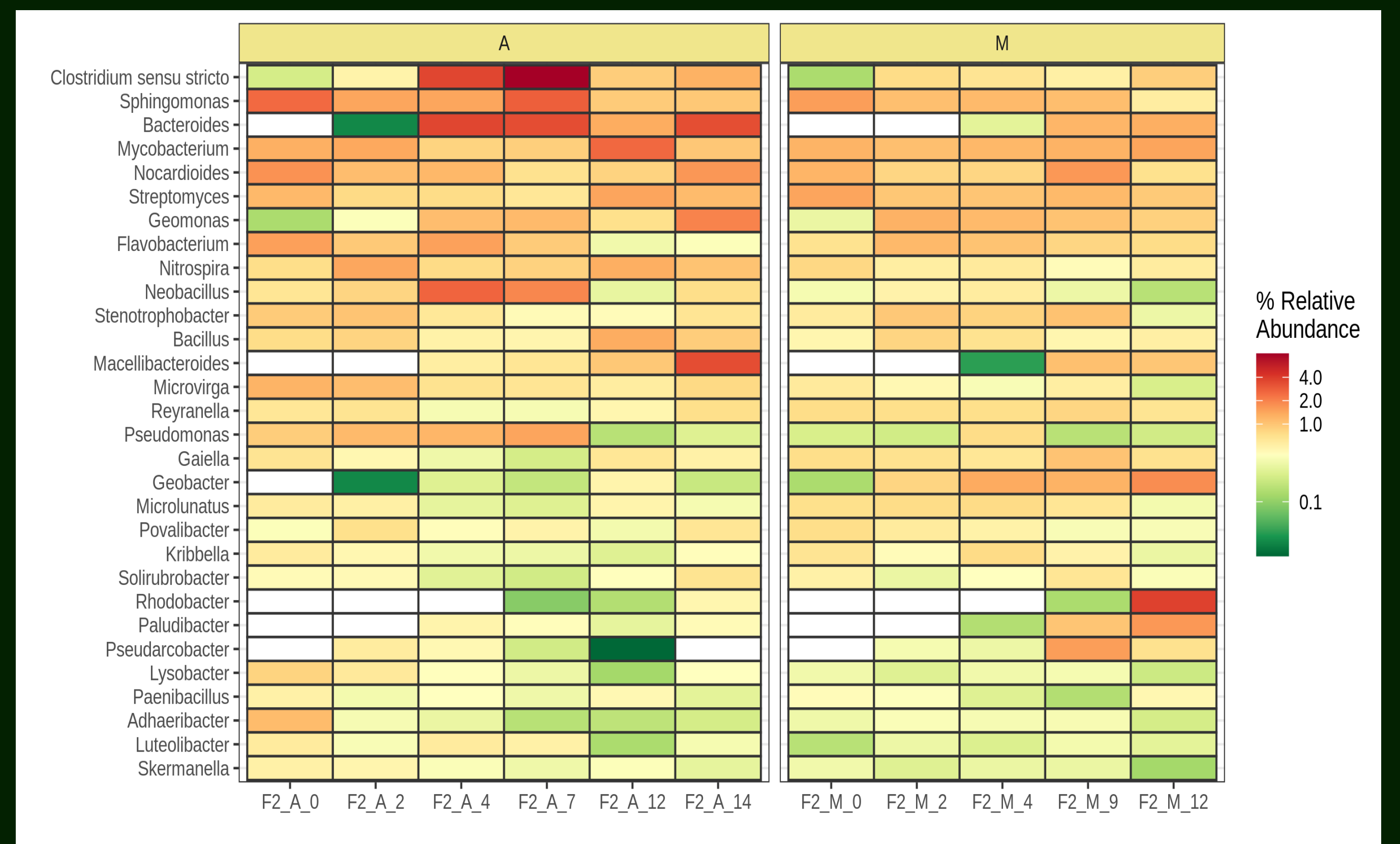
## PODSUMOWANIE

Otrzymane wyniki wykazały, że w trakcie trwania powodzi w obu wariantach użytkowania gleby zachodziły zmiany w mikrobiomie. Mikrobiom gleby spod uprawy porzeczki był bardziej różnorodny, a zmiany w nim zachodzące bardziej wyraźne.

Dynamika tych zmian i ich znaczenie dla środowiska glebowego wymaga dalszych badań.



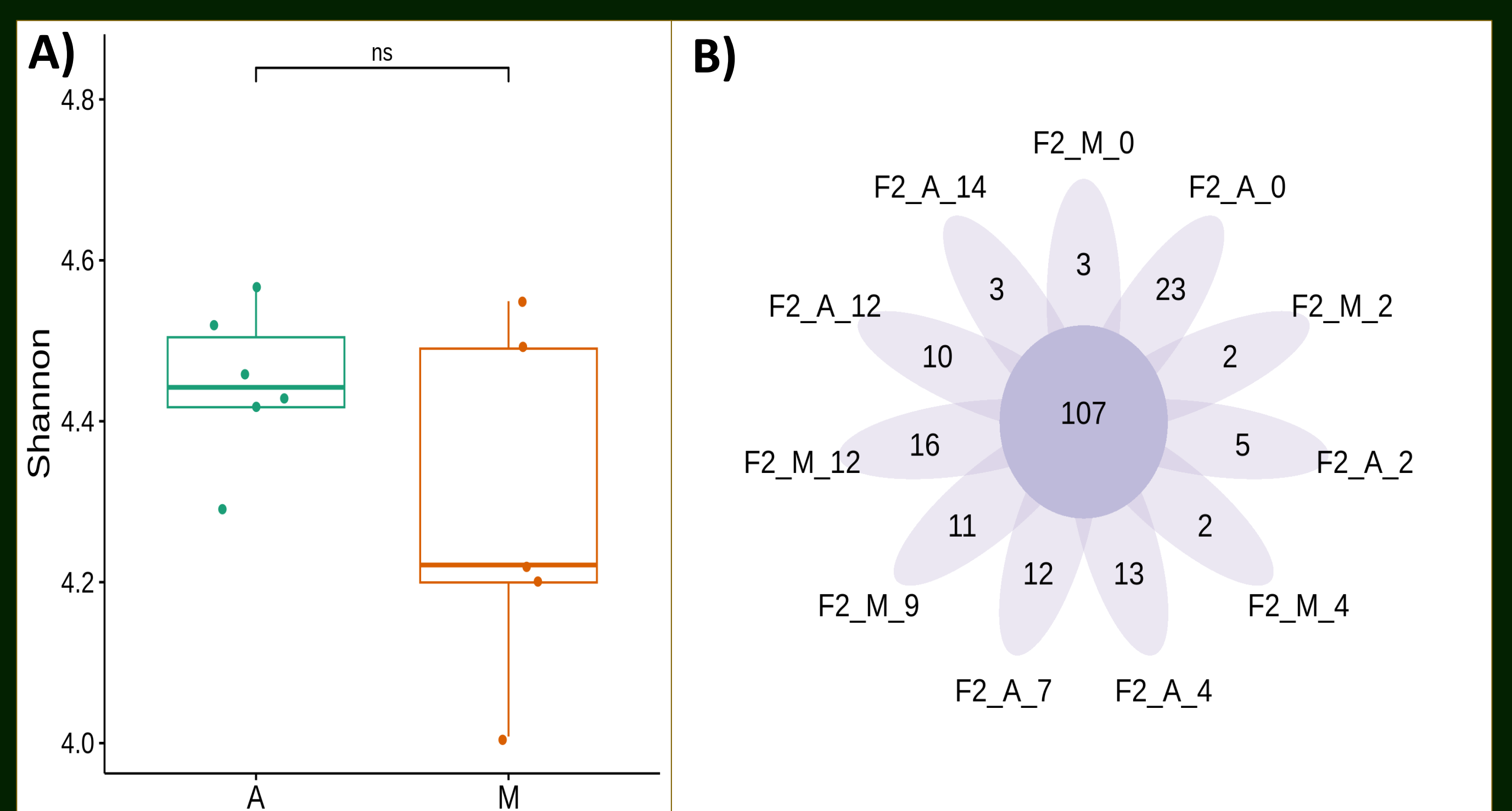
**Figura 1.** Względna liczebność bakterii na poziomie typu w analizowanych glebach: A – gleba spod uprawy porzeczki, M – gleba z łąki; cyfry w podpisach próbek oznaczają dzień poboru próbek



**Figura 2.** Względna liczebność bakterii na poziomie rodzaju w analizowanych glebach: A – gleba spod uprawy porzeczki, M – gleba z łąki; cyfry w podpisach próbek oznaczają dzień poboru próbek

**Tabela 1.** Alfa różnorodność bakterii

Wariant	Dzień	Liczba taksonów	Shannon	Simpson	Fisher
Łąka	0	159	4,01	0,95	26,84
	2	201 ↑	4,20 ↑	0,96 ↑	35,65 ↑
	4	228 ↑	4,22 ↑	0,96 -	41,55 ↑
	12	238 ↑	4,49 ↑	0,97 ↑	43,78 ↑
Uprawa	0	254	4,41	0,97	47,42
	2	217 ↓	4,29 ↓	0,96 ↓	39,12 ↓
	4	250 ↑	4,56 ↑	0,98 ↑	46,50 ↑
	12	244 ↓	4,52 ↓	0,98 -	45,15 ↓



**Figura 3.** A) Średni dla danego wariantu indeks różnorodności Shannon'a; B) Diagram Venn'a ukazujący wspólne taksony bakterii w glebie; A – gleba spod uprawy porzeczki, M – gleba z łąki; cyfry w podpisach próbek oznaczają dzień poboru próbek; ns – różnica nieistotna statystycznie przy p < 0,05.

Badania wykonano w ramach projektu nr 2019/35/N/NZ9/00830 finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki (NCN)