

Mikroorganizmy i wydzielane przez nie enzymy odgrywają bardzo ważną rolę w funkcjonowaniu środowiska glebowego ze względu na ich udział w tworzeniu odpowiedniej struktury gleby, przemianach glebowej materii organicznej i udostępnianiu roślinom składników odżywczych czy degradacji zanieczyszczeń. Większość badań mikrobiologicznych i biochemicznych gleb, zwłaszcza użytkowanych rolniczo, koncentruje się na jednak na wierzchniej warstwie gleby (do 30 cm), ponieważ tam występuje największa koncentracja mikroorganizmów oraz najwyższa aktywność enzymatyczna. Natomiast właściwości mikrobiologiczne i biochemiczne w głębszych poziomach genetycznych profilu glebowego są mało poznane, chociaż wiadomo, że mikroorganizmy i enzymy także biorą udział w procesach biogeochemicznych zachodzących w tych poziomach. Dlatego też ograniczenie badań do wierzchniej warstwy gleby nie tylko zmniejsza możliwości poznania struktury poszczególnych zespołów mikroorganizmów, ich różnorodności funkcjonalnej, czy też zmian aktywności enzymatycznej, ale przede wszystkim ogranicza zrozumienie podstawowych procesów przemian materii organicznej gleby zachodzących w głębszych warstwach profilu glebowego. Struktura mikroorganizmów oraz aktywność enzymatyczna w profilu glebowym zależy od wielu czynników fizyko-chemicznych, takich jak zawartość materii organicznej, zawartość przyswajalnych form węgla i składników odżywczych, odczyn gleby, stan uwilgotnienia i natlenienia gleby, jej temperatura a także skład granulometryczny. Właściwości mikrobiologiczne i biochemiczne gleby zależą także od rozmieszczenia systemu korzeniowego roślin, który także w dużym stopniu zmienia się wraz z głębokością profilu glebowego.

Planowane badania mają na celu całościowe rozpoznanie aktywności enzymatycznej oraz różnorodności funkcjonalnej i genetycznej mikroorganizmów na tle właściwości fizyko-chemicznych w poszczególnych poziomach genetycznych profili glebowych w zależności od typu gleb i sposobu ich rolniczego użytkowania. Będziemy określać wpływ różnych systemów użytkowania rolniczego na badane właściwości wybranych typów gleby oraz badać wpływ różnych typów gleb o takim samym użytkowaniu rolniczym na badane właściwości. Uzyskamy w ten sposób informację, na ile aktywność enzymatyczna, funkcje i struktura mikroorganizmów oraz inne badane właściwości na różnych głębokościach profilu glebowego kształtowane są przez procesy glebotwórcze, a na ile poprzez uprawiane rośliny. Nowatorskie w tym projekcie będzie zastosowanie technik molekularnych do oceny zmian strukturalnych i funkcjonalnych zespołów mikroorganizmów w profilach gleb użytkowanych rolniczo. Nieliczne badania tego typu dotyczyły zazwyczaj wierzchniej warstwy gleb i obejmowały jedynie badania zespołów bakterii glebowych. Dzięki zastosowaniu technik molekularnych możliwe jest pozyskanie dotąd nieosiągalnej informacji na temat potężnej (97-99%) grupy mikroorganizmów tzw. żywych ale niehodowanych.

Badaniami objęte będą 24 profile glebowe z najczęściej występujących na Niżu Polskim typów gleb mineralnych (gleba płowa, gleba rdzawa, gleba brunatna, czarna ziemia), które znajdują się w różnych systemach użytkowania rolniczego, np. pola uprawne oraz rośliny pozostające w uprawie kilkuletniej (lucernik lub uprawa koniczyny) (I rok badań), trwałe plantacje (chmielnik i winnica) (II rok badań) oraz trwałe użytki zielone i sady (III rok badań). Próbkę gleby do badań pobierane będą w zależności od charakteru uprawianej rośliny, ale preferowanym terminem będzie sierpień i/lub wrzesień. Próbkę glebowe będą pobierane z każdego poziomu genetycznego; łącznie w ciągu 3 lat trwania projektu przeanalizowanych zostanie około 120 indywidualnych próbek glebowych, z wyjątkiem analiz sekwencjonowania nowej generacji (NGS), które zostaną wykonane w 40 wybranych próbach.

W odpowiednio przygotowanych próbkach glebowych oznaczone będą właściwości fizykochemiczne gleby (m.in. gęstość objętościowa, skład granulometryczny; kwasowość czynna, wymienna i hydrolityczna; zawartość różnych form węgla i azotu; analiza składu frakcyjnego materii organicznej w próbach w których zawartość C organicznego będzie wyższa (bądź równa) 5 g/kg; CEC; wymienne formy Na, K, Ca i Mg; przyswajalny P, K i Mg), aktywność enzymów przemian C, N i P (np. celulazy, α - oraz β -glukozydaza, ksylanaza, inwertaza, peroksydaza, fenolooksydaza, N-acetylo- β -D-glukozaminidaza (NAG), ureaza, nitroreduktaza, proteazy, fosfataza kwaśna i alkaliczna, dehydrogenazy), zawartość C, N i P biomasy mikrobiologicznej oraz aktywność respiracyjna gleby. Do określenia aktywności i bioróżnorodności mikroorganizmów zasiedlających badane próbki gleby zostanie użyty system BIOLOG wraz z testami biochemicznymi typu Ecoplate. Skład taksonomiczny zespołów bakterii i grzybów glebowych określony zostanie z wykorzystaniem sekwencjonowania nowej generacji (SNG) po izolacji DNA i amplifikacji fragmentów ITS1/16S rRNA. Ponieważ rośliny są jednym ze źródeł enzymów w glebie, w projekcie zaplanowano także badania morfologii systemu korzeniowego roślin za pomocą skanera z odpowiednim oprogramowaniem.

Podjęte badania przyczynią się do rozwoju złożonego i mało poznanego kierunku badawczego w zakresie rozpoznania zmian różnorodności funkcjonalnej i strukturalnej różnych zespołów mikroorganizmów zasiedlających głębsze warstwy profilu glebowego oraz aktywności wydzielanych przez nie enzymów. Uzyskane wyniki, dostarczając nowych informacji mogą znacząco wpłynąć na podniesienie jakości badań z zakresu zarówno mikrobiologii i enzymologii środowiskowej, jak i ekologii gleby. Takie wieloaspektowe badania właściwości gleby w głąb profilu glebowego nie były do tej pory w Polsce prowadzone.