

# Porównanie reakcji mikrobiomu glebowego na stres suszy i stres solny w doświadczeniu wazonowym z pszenicą ozimą

Karolina Furtak<sup>1</sup>, Karolina Gawryjolek<sup>1</sup>, Emilia Grzęda<sup>1</sup>, Marta Wyzińska<sup>2</sup>, Agata Młodzińska<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Zakład Mikrobiologii, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa - Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy  
<sup>2</sup> Zakład Uprawy Roślin i Jakości Plonu, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa - Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy  
<sup>3</sup> Bioidea, ul. Bruzdowa 100J lok. 12, 02-991 Warszawa

## WPROWADZENIE

Susza i zasolenie należą do najważniejszych czynników stresu osmotycznego wpływających na funkcjonowanie mikroorganizmów glebowych. Oba zjawiska prowadzą do obniżenia dostępności wody dla komórek mikroorganizmów, co ogranicza ich wzrost, aktywność metaboliczną oraz zdolność do uczestniczenia w procesach biogeochemicznych zachodzących w glebie. W warunkach suszy zmniejsza się dyfuzja substancji odżywczych, co może prowadzić do spadku różnorodności mikrobiologicznej oraz selekcji organizmów bardziej odpornych na niedobór wody. Z kolei zasolenie powoduje nie tylko stres osmotyczny, ale również zaburzenia równowagi jonowej komórek, wynikające z nadmiernej koncentracji jonów, głównie sodu i chlorków. W konsekwencji dochodzi do zmian w składzie społeczności mikroorganizmów, a przewagę mogą uzyskiwać taksony wykazujące tolerancję na wysokie stężenie soli. Długotrwałe oddziaływanie obu czynników może prowadzić do ograniczenia aktywności biologicznej gleby, zaburzenia obiegu składników pokarmowych oraz pogorszenia jakości środowiska glebowego. Ponieważ mikroorganizmy glebowe uczestniczą w udostępnianiu składników pokarmowych i wspierają wzrost roślin, zmiany zachodzące w ich strukturze i aktywności pod wpływem warunków stresowych mogą pośrednio oddziaływać na kondycję i plonowanie pszenicy ozimej.

## CEL BADAŃ

Celem badań była ocena wpływu stresu osmotycznego wywołanego zasoleniem oraz suszą na aktywność i różnorodność strukturalną społeczności bakterii w glebie spod uprawy pszenicy ozimej.

## MATERIAŁY I METODY

Doświadczenie przeprowadzono w 2025 roku na hali vegetacyjnej IUNG-PIB w warunkach częściowo kontrolowanych z wykorzystaniem pszenicy ozimej jako rośliny testowej. Stres zasolenia wprowadzono poprzez dodanie do gleby 14 mmol/kg NaCl. Stres suszy wprowadzono poprzez zmianę nawadniania na 30% PPW. Próbkę glebowe pobrano po zbiorach pszenicy. Kontrolę stanowiły gleby bez dodatku soli i utrzymywane na poziomie 60% PPW.

W próbkach oznaczono aktywność dehydrogenaz oraz potencjał metaboliczny mikroorganizmów z wykorzystaniem płytek EcoPlate™ (Biolog®) zawierających 31 różnych źródeł węgla. Określono także różnorodność strukturalną bakterii glebowych w oparciu o sekwencjonowanie następnej generacji (NGS) fragmentu 16S rRNA (NovaSeq6000 Illumina).



Figura 1. Doświadczenie na hali vegetacyjnej IUNG-PIB. Zdjęcia: M. Wyzińska

## WYNIKI

Wykazano, że aktywność dehydrogenaz była najwyższa w glebie poddanej stresowi suszy, a najniższa w warunkach optymalnych (Figura 2). Indeks różnorodności na poziomie rodzaju był najwyższy w glebie kontrolnej (4,21), a najniższy w glebie poddanej stresowi suszy (3,97). We wszystkich glebach dominowały bakterie z rodzaju *Rhodoplanes* oraz *Kaistobacter* (Figura 3). W glebie poddanej stresowi suszy odnotowano wzrost względnej liczebności bakterii z taksonów *Mycobacterium* oraz *Candidatur Nitrososphaera* porównaniu do pozostałych wariantów (Figura 3B). Jednocześnie wśród najliczniejszych bakterii nie odnotowano *Propionibacterium* sp., które występowały licznie w pozostałych glebach. W glebie zasolonej wśród licznie występujących rodzajów pojawił się również *Peanibacillus* sp. (Figura 3C). Aktywność metaboliczna (AWCD) była najwyższa w próbkach w warunkach optymalnych, a najniższa w glebie zasolonej (Tabela 1). Gleba poddana stresowi solnemu charakteryzowała się ogólnie niższym poziomem zużycia substratów. Podsumowując, stres suszy i stres zasolenia wpływały w różny sposób na aktywność oraz różnorodność bakterii w glebie pod uprawą pszenicy ozimej.

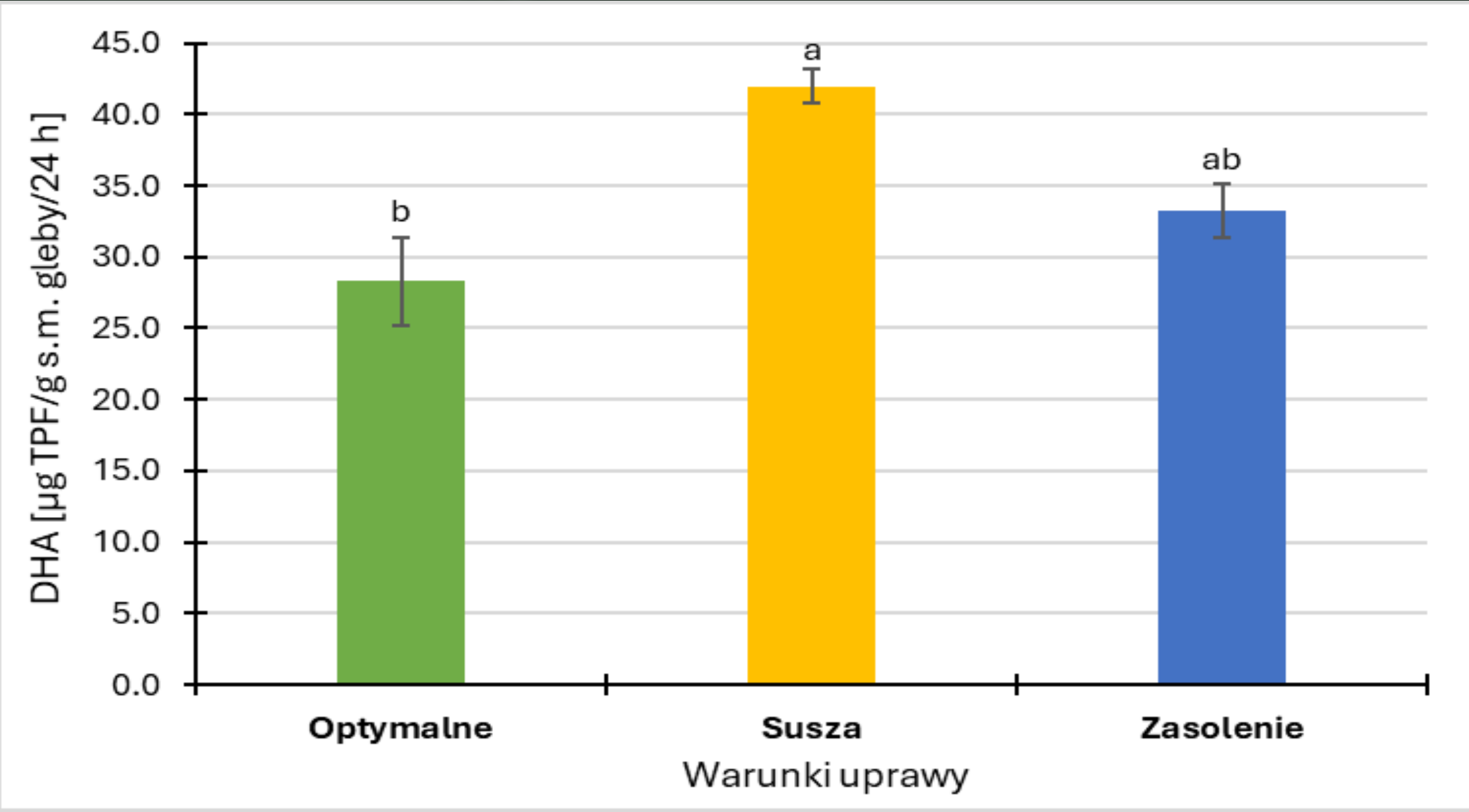


Figura 2. Aktywność dehydrogenaz w próbkach glebowych. Podane wartości stanowią średnią z n = 3 ± SD. Różne litery (a–b) wskazują na statystycznie istotne różnice przy P ≤ 0,05 dla danego enzymu (ANOVA, test HSD Tukey).

Tabela 1. Wyniki analizy EcoPlate. Wartości to średnia z n = 3.

| Substrat                        | Warunki   |       |           |
|---------------------------------|-----------|-------|-----------|
|                                 | Optymalne | Susza | Zasolenie |
| beta-Methyl-DGlucoside          | 1.41      | 1.10  | 1.34      |
| D-Galactonic Acid gamma-Lactone | 1.56      | 1.69  | 1.05      |
| L-Arginine                      | 1.80      | 1.90  | 1.59      |
| Pyruvic Acid Methyl Ester       | 2.03      | 1.93  | 1.64      |
| D-Xylose                        | 1.62      | 2.04  | 1.60      |
| D- Galacturonic Acid            | 1.93      | 1.83  | 1.71      |
| L-Asparagine                    | 2.06      | 2.03  | 1.76      |
| Tween 40                        | 1.76      | 1.88  | 1.38      |
| i-Erythritol                    | 1.72      | 1.33  | 1.61      |
| 2-Hydroxy Benzoic Acid          | 0.75      | 0.66  | 0.47      |
| L- Phenylalanine                | 1.72      | 1.13  | 1.26      |
| Tween 80                        | 1.72      | 1.87  | 1.47      |
| D-Mannitol                      | 2.08      | 2.20  | 1.72      |
| 4-Hydroxy Benzoic Acid          | 1.86      | 1.86  | 1.59      |
| L-Serine                        | 1.98      | 2.04  | 1.70      |
| alpha- Cyclodextrin             | 1.61      | 1.88  | 1.17      |
| N-Acetyl-DGlucosamine           | 1.82      | 1.90  | 1.43      |
| gamma- Hydroxybutyric Acid      | 1.91      | 2.03  | 1.69      |
| L-Threonine                     | 1.04      | 0.73  | 1.02      |
| Glycogen                        | 1.18      | 0.88  | 1.08      |
| D- Glucosaminic Acid            | 1.63      | 1.73  | 0.91      |
| Itaconic Acid                   | 1.65      | 1.76  | 1.48      |
| Glycyl-LGlutamic Acid           | 1.44      | 1.29  | 1.06      |
| D-Cellobiose                    | 1.42      | 1.52  | 1.25      |
| Glucose-1- Phosphate            | 1.14      | 1.57  | 1.13      |
| alpha-Ketobutyric Acid          | 0.84      | 0.55  | 0.56      |
| Phenylethylamine                | 1.53      | 1.78  | 1.27      |
| alpha-D-Lactose                 | 1.55      | 1.46  | 1.40      |
| D,L-alpha- Glycerol Phosphate   | 0.56      | 0.23  | 0.39      |
| D-Malic Acid                    | 1.35      | 0.98  | 1.32      |
| Putrescine                      | 1.49      | 1.53  | 1.55      |
| Indeks AWCD                     | 1.55      | 1.53  | 1.31      |
| Indeks różnorodności (H')       | 3.39      | 3.35  | 3.37      |

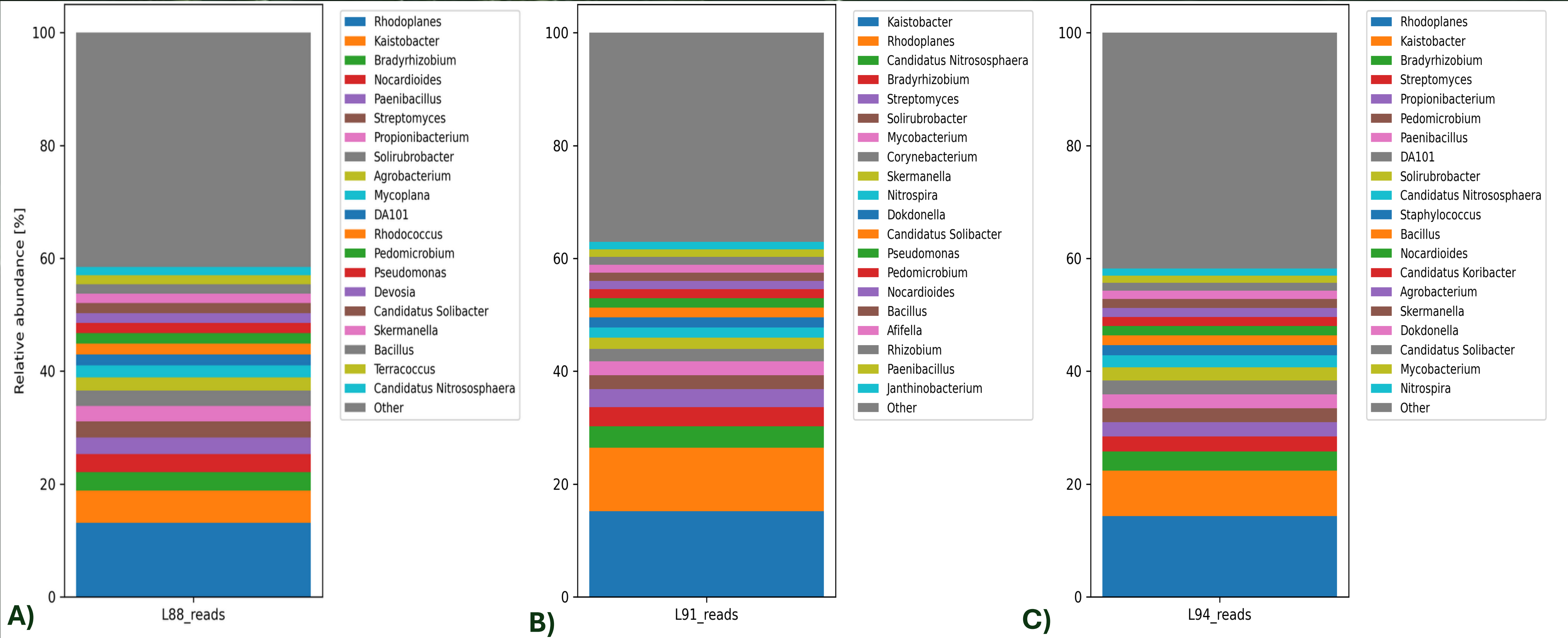


Figura 3. Względna liczebność bakterii na poziomie rodzaju w badanych glebach: A) warunki optymalne; B) susza; C) zasolenie. Na wykresach zamieszczono po 20 najliczniejszych rodzajów bakterii. „Other” – pozostałe.