

# Rola typu siedliska leśnego w kształtowaniu właściwości mikrobiologicznych i enzymatycznych gleby

Małgorzata Baćmaga, Jadwiga Wyszowska, Jan Kucharski, Agata Borowik  
 Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii

## Wstęp

Gleba jest jednym z najbardziej zróżnicowanych i złożonych systemów występujących w środowisku naturalnym. Jest ona fundamentem wszystkich ekosystemów lądowych, w którym zachodzi szereg reakcji powstawania i rozkładu wielu substancji chemicznych, przez co uczestniczy w obiegu składników pokarmowych i wody w przyrodzie. Te właściwości tworzą odpowiednie siedlisko do występowania organizmów żywych, a szczególnie specyficznych grup mikroorganizmów odpowiedzialnych za przebieg procesów biologicznych i biochemicznych gleby ekosystemów leśnych (Urbański i Jakubiak, 2017). Gleby ekosystemów leśnych charakteryzują się dużym zróżnicowaniem, co może wynikać z rzeźby terenu, rodzaju skały macierzystej, warunków wodnych czy różnorodności flory i fauny (Gömöryová i in. 2017; Matei i in. 2020).

Złożoność i zróżnicowanie gleb ekosystemów leśnych stało się przesłanką do przeprowadzenia badań, których celem było określenie liczebności, różnorodności i struktury zespołów bakterii oraz aktywności enzymów w glebach pochodzących z czterech typów siedliska (bór świeży – Fc, bór mieszany świeży – Fm, las mieszany świeży – Mf i lasy mieszany wilgotny – Mm).

## Materiał i metodyka badań

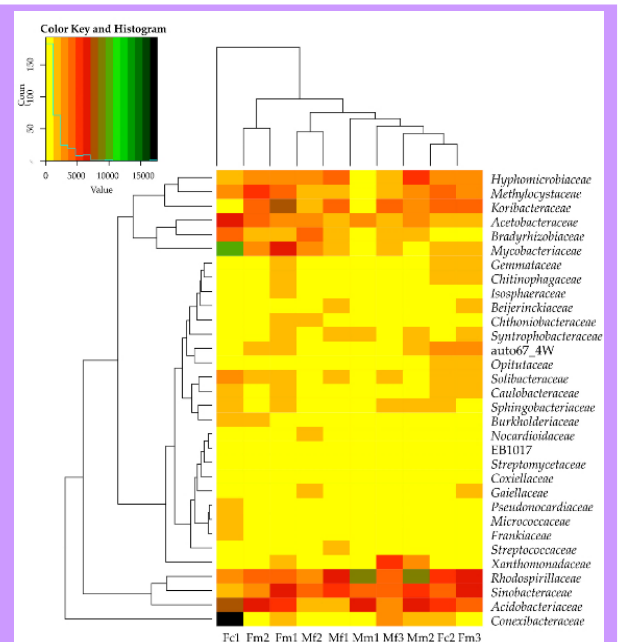
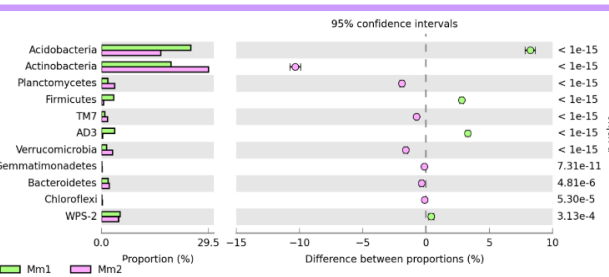
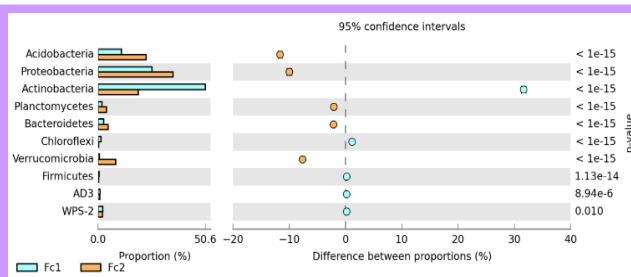
Badania zostały przeprowadzone na terenie Nadleśnictwa Stare Jabłonki w województwie warmińsko-mazurskim w północno-wschodniej części Polski. W listopadzie 2018 roku na terenie Nadleśnictwa wyznaczono 10 obszarów badawczych, z których pobrano próbki gleb do analiz mikrobiologicznych, enzymatycznych i fizykochemicznych. Materiał glebowy został pobrany z 4 wybranych siedlisk typu: bor świeży (Fc) – 2 powierzchnie badawcze, bór mieszany świeży (Fm) – 3 powierzchnie badawcze, las mieszany świeży (Mf) – 3 powierzchnie badawcze i las mieszany wilgotny (Mm) – 2 powierzchnie badawcze. Charakterystykę wybranych właściwości fizykochemicznych gleb przedstawiono w Tabeli 1. Właściwości mikrobiologiczne gleb określono na podstawie liczebności bakterii, indeksu rozwoju kolonii (CD) bakterii, wskaźnika ekofizjologicznej różnorodności (EP) bakterii, liczby kolonii bakterii wyrastających w określonych przedziałach czasowych ( $K_c$ ) oraz analizy metagenomicznej. Oznaczono również metodami klasycznymi aktywność enzymów glebowych takich jak dehydrogenazy, katalaza, ureaza, fosfataza kwaśna, fosfataza alkaliczna, arylosulfataza i  $\beta$ -glukozydaza. Uzyskane wyniki poddano analizie statystycznej oraz bioinformatycznej.

Tabela 1. Wybrane właściwości fizykochemiczne gleb.

Typ siedliska	Podtyp gleby	pH <sub>KCl</sub>	Hh	S	T	V (%)	C <sub>org</sub>		N <sub>ogółem</sub>	
							g kg <sup>-1</sup>		g kg <sup>-1</sup>	
Fc1	Dystric Albic Brunic Arenosols	3.67ab	84.00f	5.33e	89.33e	5.95de	23.50g	1.13g		
Fc2	Dystric Albic Brunic Arenosols	2.93de	151.00d	22.00a	173.00c	12.70bc	61.80c	2.44c		
Fm1	Dystric Albic Brunic Arenosols	3.33c	71.50g	8.67de	80.17e	10.76cd	22.00h	0.92g		
Fm2	Dystric Albic Brunic Arenosols	2.73fg	159.50c	9.33de	168.83c	5.51e	47.00d	1.85d		
Fm3	Dystric Albic Brunic Arenosols	2.83ef	131.00e	20.67ab	151.67d	13.62bc	42.40f	1.48f		
Mf1	Brunic Arenosols	3.53b	71.50g	14.00cd	85.50e	16.33b	20.40i	0.94g		
Mf2	Brunic Arenosols	3.73a	65.50h	21.33a	86.83e	24.52a	17.10j	1.11g		
Mf3	Brunic Arenosols	3.03d	148.50d	19.33abc	167.83c	11.51bc	42.90e	1.68e		
Mm1	Dystric/Eutric Gleysols	2.63g	230.00a	14.67bcd	244.67a	5.99de	109.30a	6.10a		
Mm2	Gleyic Albic Podzols	2.93de	202.50b	25.33a	227.83b	11.12c	68.30b	3.81b		

Objaśnienia: Fc – bór świeży; Fm – bór mieszany świeży; Mf – las mieszany świeży; Mm – las mieszany wilgotny; pH<sub>KCl</sub> – odczyn gleby w 1 M KCl dm<sup>-3</sup>; Hh – kwasowość hydrolytyczna gleby; S – suma zasadowych kationów wymiennych; T – pojemność sorpcyjna gleby; V – wysycenie gleby kationami zasadowymi; C<sub>org</sub> – zawartość węgla organicznego w glebie; N<sub>ogółem</sub> – zawartość azotu ogółem w glebie.

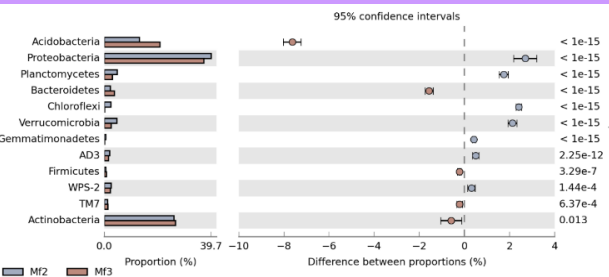
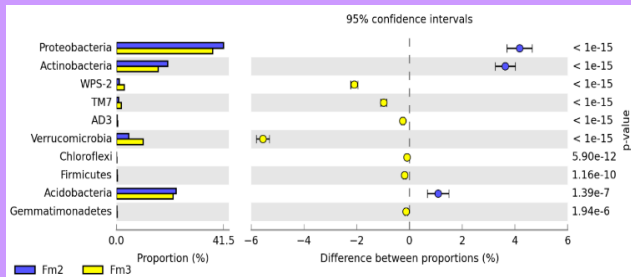
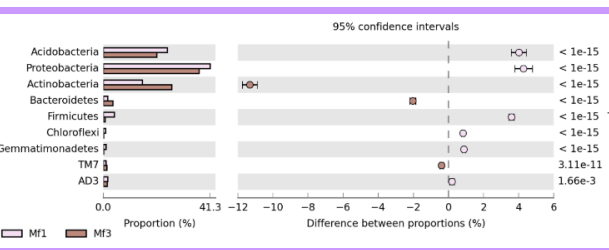
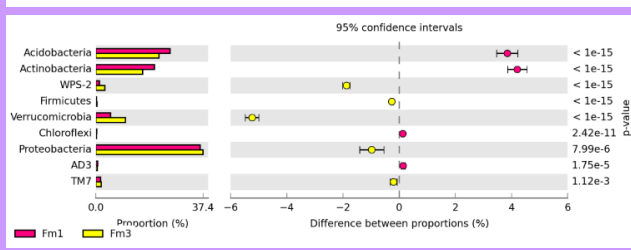
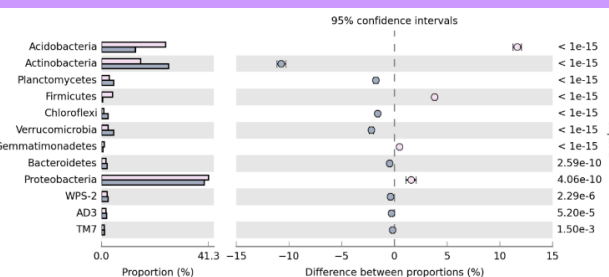
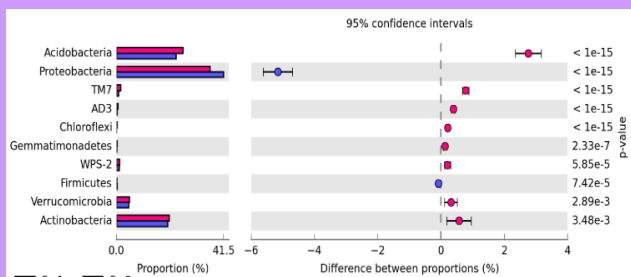
## Wyniki



Rys. 1. Względna liczebność dominującego typu bakterii w glebach boru świeżego (Fc) z różnicą między proporcjami  $\geq 1\%$ .

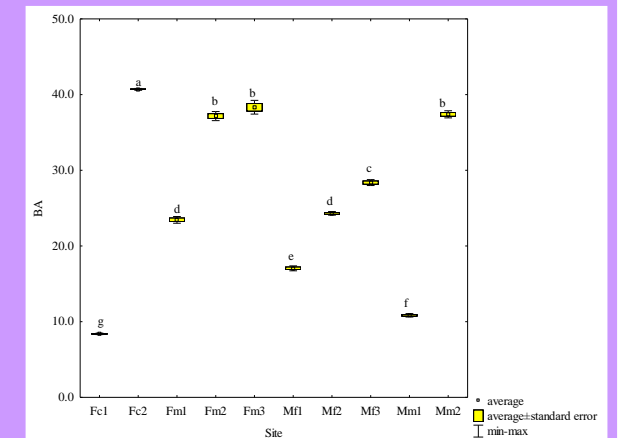
Rys. 3. Względna liczebność dominującego typu bakterii w glebach lasu mieszanego wilgotnego (Mm) z różnicą między proporcjami  $\geq 1\%$ .

Rys. 5. Względna liczebność dominującej rodziny bakterii w glebach z różnicą między proporcjami  $\geq 1\%$ .



Rys. 2. Względna liczebność dominującego typu bakterii w glebach boru mieszanego świeżego (Fm) z różnicą między proporcjami  $\geq 1\%$ .

Rys. 4. Względna liczebność dominującego typu bakterii w glebach lasu mieszanego świeżego (Mf) z różnicą między proporcjami  $\geq 1\%$ .



Rys. 6. Biochemiczny indeks jakości gleb (BA).

## Wnioski

- Najwięcej bakterii organotroficznych i promieniowców namnażało się w glebie pochodzącej z boru mieszanego świeżego Fm.
- Bakterie organotroficzne namnażały się w glebie szybciej niż promieniowce, co świadczy o ich przynależności do r-strategów, natomiast promieniowce reprezentowane były przez K-strategi.
- W glebach najliczniej występowały bakterie z klas *Alphaproteobacteria* (typ *Proteobacteria*), kolejno *Actinobacteria* (typ *Actinobacteria*) i *Acidobacteria* (typ *Acidobacteria*).
- W obrębie phylum *Proteobacteria* dominowały bakterie z rodzaju *Rhodoplanes*, *Actinobacteria* – *Mycobacterium*, natomiast *Acidobacteria* – *Candidatus Solibacter*.
- Biorąc pod uwagę biochemiczny wskaźnik jakości gleb BA najbardziej żyzna była gleba pochodząca z siedliska boru świeżego Fc2.
- Siedliska pod względem aktywności biochemicznej można uszeregować następująco: Fc2 > Fm3 = Fm2 = Mm2 > Mf3 > Mf2 > Fm1 > Mf1 > Mm1 > Fc1.

## Literatura

- Gömöryová, E., Fleischer, P., Pichler, V., Homolák, M., Gere, R., Gömöry, D., 2017. Soil microorganisms at the windthrow plots: the effect of post-disturbance management and the time since disturbance. *iForest* 10, 515–521.
- Matei, G.M., Matei, S., Mocanu, V., 2020. Assessing the role of soil microbial communities of natural forest ecosystem. *EuroBiotech*. J. 4, 1, 01–07.
- Urbański, K., Jakubiak, M., 2017. Impact of land use on soils microbial activity. *J. Water Land Dev.* 35, 10–12, 249–257.