

Talajbiom kutató transzdiszciplináris kiválósági központ létrehozása a fenntartható talajerőforrás biztosítása érdekében - GINOP-2.3.2-15-2016-00056

A talaj a földi élet egyik meghatározó komponense: sokrétű biológiai aktivitásával a rajta levő természetes vagy mesterséges ökológiai rendszer fenntartható működését ökoszisztéma szolgáltatásként nyújtja. Ilyen az elemek, tápanyagok átalakításában, az elhalt szerves anyagok lebontásában, a vízháztartás szabályozásában, valamint ezek együtteseként a talaj termékenységében betöltött meghatározó szerep. Ezek adják a talaj „multifunkcionalitását”. Kevés adat áll rendelkezésünkre a talajfunkciók és a mikrobiális diverzitás kapcsolatáról, bár általánosságban pozitív korrelációt állapítottak meg a mikrobiális diverzitás és a talajok multifunkcionalitása között, illetve egyes vizsgálatok eredményei alapján a bakteriális közösségek szerkezete a nitrogén gradiens mentén jelentősen változik. A talaj életközösségeiben fontos funkcionális szerepet tölt be a mikro- és mezofauna. Összetételük és biológiai aktivitásuk térben és időben igen változó, a talajdegradáció érzékeny indikátorai.

Bár a talaj biológiai aktivitásának mérése a földhasználat forrás-hatékony gyakorlásának alapja, ma sincs megbízható, könnyen alkalmazható módszerünk a talajminőség meghatározására (ISO 2006). Mind a talajmetagenomika eredményei, mind a talajmezofauna valós idejű, in-situ terepi megfigyelése (MTA ATK-ban fejlesztett költséghatékony Edapholog rendszer), mind a tartamkísérletek értékelése, ill. ezek célszerű kombinációja a probléma megoldására kiválóan alkalmas lehet. A talajban az antibiotikum rezisztencia gének jelenléte régóta ismert („rezisztóma”). Az utóbbi évtizedben vált egyértelművé, hogy e gének száma és diverzitása jóval nagyobb, mint amit a patogének esetében leírtak és már jóval az antibiotikumok humán alkalmazását megelőző korszakban jelen voltak a talajban. Valós szerepük egyelőre kevésbé ismert a sok ezt magyarázó elmélet ellenére. Világszinten a legnagyobb antibiotikum kibocsátó a mezőgazdaság (antibiotikumhasználat az állattartásban és a növénytermesztésben). A talaj metagenomika a rezisztenciaelemzésekben is kulcsfontosságú.

Hazánkban kevés adat van a talajok mikrobiom diverzitása és funkciója közt fennálló kapcsolatáról. A mintegy tucat 50 esztendősnél idősebb növénytermesztési tartamkísérlet a hosszú időre visszanyúló termesztési és talajkezelési adatok miatt kiváló lehetőség ilyen vizsgálatok kivitelezésére. Ez alapján lehet megalapozottan értékelni a földművelési és növénytermesztési rendszereket, kizárólag tartamkísérletekből nyerhetők megfelelő indikátorok a termesztés fenntarthatóságáról.

A tervezett kutatás feladata, a talajban élő mikrobióta, valamint mikro- és mezofauna filogenetikai és funkcionális diverzitásának feltérképezése különböző vetésforgó (kukorica és őszi búza monokultúra; kukorica-búza dikultúra kétévenkénti váltással; norfolki típusú vetésforgó [borsó-búza-kukorica-árpa]) és trágyázási variánsok (trágyázatlan kontroll; NPK-műtrágya kezelés, NPK-műtrágya + istállótrágya) függvényében a martonvásári és az őrbottyáni szabadföldi tartamkísérletek talajában, művelt és művelésbe nem vont bolygatatlan kaszáló kontrollok mellett. A mintavételt távoli, de hasonló talajadottságokkal rendelkező területeken (Battonya, művelés alatt álló és abból kivont lőszterület), mint további kontrollterületeken is végeznénk. A funkcionális vizsgálatok esetében kiemelt figyelmet kap a mezőgazdaság szempontjából jelentős, nitrogénforgalomban, valamint az antibiotikum termelésben és rezisztenciában szerepet játszó gének összehasonlító vizsgálata. Vizsgáljuk továbbá a trágyázási rendszerek talajbiótára gyakorolt filogenetikai és funkcionális diverzitást befolyásoló hatását dikultúrás tartamkísérletben (2 évig kukorica - 2 évig búza), különböző mennyiségben ($160 \text{ kg ha}^{-1}\text{év}^{-1} \text{ N}$, $80 \text{ kg ha}^{-1}\text{év}^{-1} \text{ P}_2\text{O}_5 \text{ [P]}$ és $80 \text{ kg ha}^{-1}\text{év}^{-1} \text{ K}_2\text{O [K]}$) és kombinációban (0, N, P, NK, NP, NPK) alkalmazott műtrágyák ill. istállótrágya mellett. A bakteriális, gomba, valamint mikro- és mezofauna stb. közösségek

szerkezete és a környezeti változók közötti összefüggések feltárására részletes talajfizikai és -kémiai elemzéseket is végzünk. Megvizsgáljuk, hogy a lebontó életközösségek táplálék-hálózatára milyen hatással van a műtrágyázás. Kiemeljük a textúrát, amely a talaj szerves anyag stabilizáló-, víztartó és tápelem-szolgáltató képességének, átlevégőzségének alapja. A mikrobióta összetételét és változását metagenomikai megközelítéssel elemezzük. A közösségi DNS kivonás után a molekuláris taxonómiában használatos referencia gének (16/18S rRNS gének prokariótákra/eukariótákra, és a gomba specifikus ITS régió) szaporítását és bázissorrendjük meghatározását végezzük el újgenerációs amplikon szekvenálással. A nagy felbontású eljárás kellő statisztikai reprezentativitást ad a mintánként több tízezer taxonómiai referencia gén azonosításával. Megállapítjuk, mely nemzetségek jelentősek a talajban zajló anyagforgalomban, és bizonyos növénytermesztési behatásokra arányuk hogyan változik. A taxonok kölcsönhatásait és a környezeti paraméterekkel való összefüggéseket statisztikai módszerekkel, többváltozós- és hálózat-elemzéssel vizsgáljuk. A tartamkísérletekben rendelkezésre álló, valamint a négyéves kutatásban (elsősorban metagenomikai módszerekkel) nyert adattömeg elemzése big-data adatkezelést, adatértelmezést igénylő terület. A különféle taxonok szerepe nem mindig jól dokumentált, így a taxonómiai hozzárendelésből csupán prediktálhatóak a talajban zajló biokémiai folyamatok. Ezért ún. shotgun módszerrel funkcionális alapon is vizsgáljuk a talajlakó közösséget. Így meghatározhatóak a talajban zajló anyagcsere folyamatok (tápanyag felvétel, hasznosítás, bontás), alkalmazkodási mechanizmusok (stressz, antibiotikum rezisztencia), valamint az itt élő szervezetek részvétele a különböző anyagforgalmi ciklusokban. E megközelítésnek további eredményeként azonosíthatóak különféle nagy számban jelen levő vírusok is, amelyek egészségügyi kockázatokat is hordozhatnak a velük kapcsolatba kerülő humán, haszonnövény illetve haszonállat populációra.