

Karolina Furtak

## **Wpływ symulowanej powodzi na bioróżnorodność strukturalną i funkcjonalną mikrobiomu wybranych mad rzecznych**

### *Streszczenie*

**Słowa kluczowe:** bioróżnorodność, gleba, jakość gleby, mady rzeczne, microcosm, mikrobiom, powódź

Celem prezentowanej rozprawy doktorskiej była ocena zmian bioróżnorodności strukturalnej i funkcjonalnej społeczności bakterii glebowych zachodzących pod wpływem krótkotrwałej powodzi.

W ramach realizacji celu badawczego przeprowadzono doświadczenie *microcosm*, podczas którego w kontrolowanych warunkach zasymulowano 14-dniową powódź wobec wybranych mad rzecznych z zastosowaniem wody rzecznej. Materiał badawczy stanowiły trzy gatunki mad rzecznych pobrane z naturalnych terenów zalewowych rzeki Wisły w województwie lubelskim, stanowiące łąki położone w obszarze Małopolskiego Przełomu Wisły. Gleby w formie bloków wraz z roślinnością umieszczono w pojemnikach, a następnie zalano wodą pobraną z Wisły na poziomie 5 cm ponad powierzchnię gleby. Do analiz pobrano świeże próbki gleb, wodę z Wisły oraz próbki glebowe po 7 i 14 dniach zastoju wody. W trakcie doświadczenia wykonano kompleksowe analizy jakości gleb tj., oznaczono parametry fizykochemiczne, aktywność enzymatyczną, potencjał metaboliczny mikroorganizmów oraz zróżnicowanie strukturalne społeczności bakterii glebowych.

Stwierdzono istotny statystycznie spadek wartości pH i aktywności fosfatyz, przy jednoczesnym wzroście aktywności dehydrogenaz w wyniku wystąpienia warunków zalania. Analiza NGS 16S rRNA pozwoliła na wykrycie licznych niezidentyfikowanych sekwencji bakterii w badanych glebach. W następstwie powodzi w madach rzecznych wzrosła liczebność rodzin bakterii anaerobowych oraz fakultatywnie anaerobowych. Zaobserwowano wzrost zróżnicowania strukturalnego społeczności bakterii oraz ich potencjału metabolicznego w warunkach stresu hydrologicznego.

Uzyskane wyniki pozwoliły na potwierdzenie hipotezy badawczej, że warunki ekstremalnej wilgotności w glebie doprowadzają do istotnych różnic w składzie oraz funkcji społeczności bakterii glebowych.