

## PD11) 농경지에서 유기물처리가 토양미생물 군집변화에 미치는 영향

백계령·김태영·이계준·이정태

농촌진흥청 국립식량과학원 고령지농업연구소

### 1. 서론

농업에서 토양미생물은 토양 내 유기물을 분해함으로써 양분을 증진시키거나, 물리성을 개선하는 등 토양의 질과 밀접한 관련을 맺고 있다. 친환경농업에 대한 관심이 증가함에 따라 토양관리는 화학비료와 농약을 적게 사용하면서 안정적으로 농산물을 생산할 수 있기 때문에 미생물을 활용한 토양관리는 유망한 분야 중 하나로 평가받고 있다. 최근 메타유전체학의 발달과 함께 주목을 받는 마이크로바이옴(microbiome) 분석 기법은 미생물을 군집수준으로 연구하는데, 특정 환경에 따른 미생물군집의 변화를 시각적으로 표현하고, 미생물군집에 영향을 끼치는 요인을 평가할 수 있다. 따라서 본 연구는 작물과 유기물처리가 토양 미생물군집에 미치는 영향을 구명하고자 수행하였다.

### 2. 자료 및 방법

작물과 유기물처리가 토양 미생물군집에 미치는 영향을 구명하기 위해서 감자, 옥수수 두 작물과 화학비료(CF), 화학비료와 퇴비(CFC), 화학비료와 퇴비 그리고 수확 후 호밀을 파종하여 토양보전 및 풋거름으로 활용하는 처리(CFCG)를 조합하여 강원도 평창군 대관령면에 위치한 15% 경사지 포장에 시험구를 조성하였다. 미생물군집분석을 위한 토양시료는 시험 전과 시험 후에 채취하였으며, 시험 전 토양은 봄철 로터리 작업 전에, 시험 후 토양은 작물 수확기인 9월 하순에 각 처리구의 5개 지점에서 채취하였다. 채취한 토양은 DNA 추출 전까지 -20℃에서 보관되었으며, DNA 추출 후 미생물 군집분석을 위해 16S rDNA 영역을 타겟으로 하여 유전자를 증폭시킨 후 Illumina의 Miseq sequencing 기계를 이용하여 염기서열을 분석하였다. 얻은 sequencing 데이터는 Chunlab의 EzBioCloud 분석 플랫폼을 이용하여 comparative analysis를 수행하였다.

### 3. 결과 및 고찰

토양시료의 DNA에서 얻어진 박테리아의 OTU (Operational Taxonomic Unit)s 정보를 토대로 비교분석을 수행한 결과 토양미생물의 군집 다양성은 시험 전과 비교하여 작물을 재배하지 않은 나지처리구 외 모든 처리구에서 유의하게 증가함을 확인할 수 있었다. 작물 간에는 토양미생물군집 다양성이 유의한 차이를 보이지 않았으나, 유기물 처리에서는 CFCG과 CF처리구가 CFC처리구보다 유의하게 높은 수치를 보였다. 또한 각 처리구의 OTUs를 토대로 PCoA 그래프를 그린 결과 작물보다도 유기물처리가 미생물군집에 더 큰 영향을 주는 것으로 판단되었다. 특히 화학비료 단독처리구인 CF처리구가 미생물군집변화에 가장 큰 영향을 준 것으로 확인되었는데, CFC나 CFCG처리구의 경우 시험 전 토양의 미생물군집과 비교하였을 때 PCoA 그래프의 PC1 설명력이 각각 31.3%, 28.7%로 뚜렷하게 구분되어지지 않은 반면 시험 전 토양미생물군집과 CF처리구의 PC1 설명력은 67.6%로 CFC, CFCG 처리구에 비해 토양미생물 군집변화에 보다 강한 영향을 준 것을 알 수 있었다. Phylum 수준에서 처리구에 따른 미생물군집을 비교한 결과 CF처리구는 다른 처리구에 비해 Planctomycetes, Gemmatimonadetes, Bacteroidetes, Acidobacteria가 적고 Chloroflexi, Nitrospirae가 많이 있는 것으로 확인되었다. 특히 Chloroflexi는 다른 선행연구에서도 무시비 처리구, 화학비료와 퇴비를 함께 사용한 처리구와 비교할 때 화학비료 단독 처리구에서만 증가한 경향이 일치하여 화학비료 단독처리와 연관이 깊은 것으로 판단된다.

### 4. 참고문헌

- Fenliang, F., Bing, Y., Boren, W., Timothy, S. G., Huaqun, Y., Duanyang, X., Dongchu, L., Alin, S., 2019, Microbial mechanisms of the contrast residue decomposition and priming effect in soils with different organic and chemical fertilization histories, *Soil Biol Biochem*, 135, 213-221.
- Wu, X., Alexander, J., Sai, G., Ida, K., Qingyun, Z., Huasong, W., George, A. K., Qirong, S., Rong, L., Stefan, G., 2018, Soil protist communities form a dynamic hub in the soil microbiome, *The ISME Journal*, 12, 634-638.