

Research Article



CrossMark

Open Access

콩 재배가 토양 미생물 군집 활성도에 미치는 영향

백계령*, 이계준, 김태영

국립식량과학원 고령지농업연구소

The Effects of Soybean Cultivation on Soil Microorganism Activity

Gyeryeong Bak*, Gyejun Lee and Taeyoung Kim (Highland Agriculture Research Institute, National Institute of Crop Science, Pyeongchang 25342, Korea)

Received: 22 April 2019/ Revised: 8 June 2019/ Accepted: 25 June 2019

Copyright © 2019 The Korean Society of Environmental Agriculture

This is an Open-Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

ORCID

Gyeryeong Bak

<https://orcid.org/0000-0001-6008-1939>

Abstract

BACKGROUND: For sustainable agriculture, there are various agricultural practices including low input. Over the last few decades high input of chemical fertilizer and compounds results in environmental pollution and deterioration of soil fertility. Soybean (*Glycine max* L.) is well known eco-friendly crop due to their symbionts. Soybean has a relationship with nitrogen fixation bacteria called rhizobia. In this research work, we investigated effects of soybean cultivation on soil microorganism activities.

METHODS AND RESULTS: Experiments were conducted in pots and potato cultivation was used as reference. Soil chemical properties were analyzed considering soil nutrient over cropping period. For the soil microbial community analysis, dehydrogenase activity analysis (DHA) analyzed along with denaturing gradient gel electrophoresis. The results showed that higher soil organic matter in the soybean cultivation soil than in the potato cultivation soil. Available P₂O₅ concentration increased gradually in both pots but showed higher value in the potato cultivation soil. DHA value implying microbial activities showed higher value in the soybean cultivation

soil over all cropping period.

CONCLUSION: The cause of high microbial activity in the soybean cultivation soil was considered to the effects of some specific microorganisms related to soybean cultivation. Therefore, the availability of soybean cultivation for sustainable agriculture should be encouraged in terms of microorganism community activity in soil.

Key words: Dehydrogenase activity (DHA), Denaturing Gradient Gel Electrophoresis (DGGE), Low input, Soybean

서론

화학비료를 합성할 수 있게 된 1900년대 초 이후 농약, 제초제, 그리고 품종 육성의 발전과 함께 인류는 만성적인 식량 부족에서 벗어날 수 있게 되었다. 관행농업이라 불리는 농업은 화학비료와 농약을 사용하여 안정적인 수확을 보장할 수 있게 해주었으나, 환경오염과 저항성해충의 등장 등의 부작용도 야기하였다(Santos *et al.*, 2012). 또한 이러한 관행농업은 지력을 소진시켜서 토양을 점점 황폐하게 만드는데, 황폐해진 토양은 토양비옥도가 감소하기 때문에 작물생산성도 감소하게 된다. 환경과 안전먹거리 생산에 대한 소비자의 관심이 증가하면서 적은 비료와 농약을 사용하면서 토양비옥도를 유지할

*Corresponding author: Gyeryeong Bak
Phone: +82-33-330-1950; Fax: +82-33-330-1519;
E-mail: bgl1228@korea.kr

수 있는 지속 가능한 농업이 여러 해 전부터 주목받고 있으며, 지속 가능한 농업의 일환으로 재배법에서는 화학비료와 농약을 대체하기 위한 친환경농자재를 사용하고 있다(Bhardwaj *et al.*, 2014). 토양비옥도를 유지하고 토양의 미생물 군집의 조성을 작물생육에 유리한 쪽으로 변화시키기 위해 한가지 작물이 아닌 여러 작물의 돌려짓기를 권장하고 있으며, 특히 콩과작물을 작부체계에 포함시키는 것을 권장하고 있다(Lithourgidis *et al.*, 2011).

질소고정근류균인 *Rhizobium*과 *Bradyrhizobium*속의 세균과 공생관계를 형성하는 콩(*Glycine max L.*)은 개간지에서 처음 재배하는 작물로 추천되며 토양비옥도에 긍정적인 영향을 미치는 작물로 잘 알려져 있다. 콩과 공생하는 질소고정균이 토양에서 작물생육에 양분 용해도와 흡수력 향상, 사이드로포어(siderophore) 생성, 종자발아 향상 등의 긍정적인 효과를 준다는 것은 여러 연구들을 통해 밝혀졌으며, 그러한 효과들은 척박한 환경에서 더욱 뚜렷하게 나타난다는 연구결과들이 있었다(Han and Lee, 2005; Zhang *et al.*, 1996; Hungria *et al.*, 2017; Bhardwaj *et al.*, 2014).

토양에서 미생물은 분해자의 역할을 수행함으로써 양분 순환에 크게 기여하고 있으며 토양비옥도를 구성하는 중요한 요소로 생태계에서 유용한 기능을 가진 미생물이 작물수량을 향상시키면서 지속 가능한 생태계를 유지하는데 기여할 것이라고 전망한다. 특히 토양미생물의 효소활성도는 토양에서의 물질분해와 순환과 밀접한 관련이 있고, 작물을 재배하기 위해 토양에 시비를 하면 토양미생물의 활성도와 개체수도 함께 증가한다(Heidari *et al.*, 2016). 탈수소효소 활성법(dehydrogenase activity analysis, DHA)은 오래전부터 토양미생물활성을 측정하는 실험으로 널리 이용되어 왔다. 본 연구에서는 콩을 재배한 토양의 미생물군집특성을 연구하기 위해 탈수소효소 활성법을 이용하여 토양미생물군집의 활성도를 측정하고, 16S rRNA 유전자를 타겟으로 한 PCR-denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) 분석을 사용하여 콩 재배 시 미생물군집의 특성을 분석하고자 하였다.

재료 및 방법

시험 조성 및 채취 시기

본 시험은 2015년도 봄부터 2017년도 가을까지 대풍콩 및 수미감자(대조작물)를 대상으로 수행되었다. 시험토양은 마사토로서 유기물 함량이 1 kg 당 1 g 미만이었기 때문에 콩을 재배할 10개의 시험용 pot (외경 35 cm, 내경 29.5 cm, 높이 30 cm)에는 콩 복합비료(N-P₂O₅-K₂O=9-9-9)를 6.5 g, 퇴비를 170 g씩 넣었고, 감자를 재배할 10개의 pot에는 감자 복합비료(N-P₂O₅-K₂O=10-8-9) 15.5 g, 퇴비를 150 g 투입하였는데, 이때 사용된 퇴비는 유기물함량이 30% 이상인 계분 퇴비(계분 70%, 톱밥 30%)였다. 대풍콩은 약 15일간 육묘한 후 본엽이 나왔을 때 정식하였고, 수미감자는 농촌진흥청 국립식량과학원 고령지농업연구소에서 기본식물을 제공받아 약 50 g 정도의 종서를 파종하여 온실조건에서 수행되었으며, 겨울철에도 10°C 이하로 온도가 떨어지지 않도록 관리하였다. 토양미생물군집의 활성도 측정을 위한 토양시료의 채취는 Table 1에 나타난 바와 같이 2015년은 시비 전과 시비 후에 시료를 채취하였으며, 식물체의 생육기간 중에는 개화기, 수확기, 수확 후, 파종(정식) 전에 토양시료를 채취하였으며, 토양화학성 분석은 시비전, 시비 후 및 시험이 완료된 토양을 대상으로 각각 분석을 하였다.

토양화학성 분석

토양시료는 70% 에탄올로 소독된 모종삽을 이용하여 뿌리가 자라고 있는 5~20 cm 부분의 토양을 채취하였는데, 3개의 시험용 pot에서 채취된 토양은 균일하게 혼합 후 2일간 음지에서 풍건한 후 2 mm 체로 쳐서 분석시료를 준비하였다. 토양화학성 분석은 pH, 유기물함량, 유효인산(Av. P₂O₅), 치환성 양이온(K, Ca, Mg), EC를 각각 측정하였다. 분석방법은 농업과학기술원 토양 및 식물체 분석법(NIAST, 2002)에 준하여 pH와 전기전도도(EC; Electric conductivity)는 초자전극법, 유기물함량은 CN분석기(Vario Max Cube elemental,

Table 1. Sampling date of soil

	2015			2016			
	May 20	June 11	July 22	October 13	May 11	July 18	September 20
Soybean	Before fertilization	Before sowing	Flowering	Harvest	Before sowing	Flowering	Harvest
Potato				After harvest			After harvest
	2016		2017				
	October 26	April 10	May 10	July 5	August 21	September 26	
Soybean	After harvest	Before sowing	V4 stage ¹	R5 stage ²	After harvest	After harvest	
Potato			Leaf development	Harvest			

¹ Soybean early leaf development period

² Soybean late seed development period

Hanau, Germany)로 탄소함량을 측정 후 환산하였고, 유효인산함량은 Lancaster 방법에 따라 UV 720 nm에서 측정(UV/VIS spectrometer, Lambda 25, Perkinelmer Co., Norwalk, CT, USA)하였으며, 치환성 양이온함량은 1 M의 NH₄OAc 추출액으로 침출하여 유도결합질량분석기(Inductively Coupled Plasma Spectrometer, Optima 2100DV, Perkin Elmer Co.)로 분석하였다.

토양미생물군집 활성도 분석

시험토양의 미생물활성도는 triphenyltetrazolium chloride를 기질로 사용하는 탈수소효소활성법(Dehydrogenase activity analysis)를 이용하여 측정하였다(Casida *et al.*, 1964). 토양시료 6 g과 CaCO₃ 0.06 g을 혼합한 후 1 ml의 3% TTC (2,3,5-Triphenyltetrazolium)용액과 2.5 ml의 증류수를 가하여 잘 섞어준 후 37°C에서 24시간 배양 후 methanol을 Whatman No.2 여과지에 100 ml까지 여과시킨 후 여과된시료는 485 nm(UV/VIS spectrometer, Lambda 25, Perkinelmer Co., Norwalk, CT, USA)에서 측정하여 24시간동안 탈수소효소에 의해 환원된 TPF(1,3,5-triphenylformazan)의 값으로 환산하였다.

Denaturing Gradient Gel Electrophoresis(DGGE) 실험법을 이용한 토양미생물군집 분석

콩과 감자를 재배한 토양의 미생물군집 분석을 위해 Table 1에 제시된 콩과 감자의 주요생육기 시기에 각 작물의 근권 토양을 채취하였다. 일반적으로 작물 뿌리 주변의 1-2 mm의 좁은 범위의 토양을 근권 토양으로 하며, 근권 토양의 채취방법은 70% 에탄올로 소독한 가위와 핀셋을 이용하여 작물의 뿌리를 채취하여 가볍게 흔들어서 뿌리 주변의 흙을 털어낸 후, 각 작물의 흙이 묻어있는 뿌리를 멸균시킨 50 ml conical tube에 넣은 후 멸균시킨 증류수를 넣고 1분 동안 교반하여 5000 xg에서 5분간 원심분리(Hanil science Industrial, Incheon, Korea)하여 근권토양을 얻었다. 토양 DNA 추출은 kit (NIPPONGENE, Powersoil II, Japan)를 이용하여 DNA를 추출하였다. 추출한 DNA 샘플은 16S rRNA 유전자 지역을 타겟으로 27F (AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG)와 1512R (ACG GCT ACC TTG TTA CGA CTT) primer를 이용한 1차 PCR, 357F (CTA CGG GAG GCA GCA G)와 517R (ATT ACC GCG GCT GCT GG)를 이용한 2차 PCR 후, 357F-GC (CGC CCG CCG CGC GCG GCG GGC GGG GCG GGG GCA CGG GGG GCT ACG GGA GGC AGC AG)와 517R를 이용하여 GC clamp를 붙이는 3차 PCR 작업을 수행하였다. 모든 PCR조건은 변성(denature)은 95°C에서 15 초, 프라이머 결합(annealing)은 55°C에서 30초, DNA 합성(extension)은 72°C에서 30초간 25-30 cycle로 수행하였으며 AmpliTaq GOLD (Applied Biosystem; Carlsbad, CA, USA)를 사용하였다.

DGGE 실험은 DGGEK-2401 system (C.B.S. SCIENTIFIC, USA)을 통해 진행하였고, gel은 6%의 acrylamide의 농도로 30%에서 70%의 농도구배를 주었다. DGGE실험은 1 xTAE 버퍼(Inclone biotechTM; Suwon, Korea, pH 8.0)를 tank 가득 채우고 60 °C의 조건에서 100 V에서 12시간동안 수행하였으며, Loading이 된 후에는 SYBR® Green I Nucleic Acid Gel Stain (Lonza, Rockland, ME, USA)으로 약 30분간 DNA를 염색한 후 통해 Gel DocTMXR⁺ (Bio-Rad, Hercules, USA)를 사용하여 스캔하였다. 주요 미생물들의 분리동정을 위해 DGGE gel로부터 UV 하에서 눈에 잘 보이는 DNA band들을 멸균된 yellow pipette tip을 이용하여 분리하여 멸균증류수에 녹인 후 341F-517R primer를 이용하여 위와 동일한 조건으로 PCR 작업을 수행하였다. 얻어진 PCR product 들은 357F primer를 이용해 sequencing 분석을 수행하였으며(Macrogen Inc, Seoul, Korea), NCBI 에서 제공하는 BLAST database program 을 사용하여 동정하였다.

통계분석

본 시험에서 얻어진 시험결과는 엑셀프로그램을 이용한 t-검정으로 통계적 유의성을 분석하였으며, 벤다이어그램은 R 프로그램의 limma, gplots 패키지를 이용하여 작성되었다.

결과 및 고찰

콩 재배토양의 화학적 특성

Table 2는 콩과 감자를 3년간 재배한 토양의 작물 재배 전과 재배 후의 이화학성을 분석한 결과를 나타낸 것이다. 모든 시험용 pot는 시험이 시작된 2015년에만 비료와 퇴비가 투입되었기 때문에 비료투입 전인 2015년 5월 20일 보다 비료 투입 후인 6월 11일에 유기물을 제외하고 전반적으로 모든 양분이 증가된 것으로 나타났다. 유기물은 콩 재배 pot에서 감자 재배 pot보다 함량이 높았으며, 시험년도가 경과할수록 감소되는 경향을 보였다. 시험 초기 콩과 감자에 투입된 퇴비량이 각각 각각 170 g, 150 g으로 투입량에 큰 차이를 보이지 않았음에도 콩을 재배한 pot는 2년째부터 3년 시험이 끝난 후까지 감자를 재배한 pot와 비교하여 유의적으로 높은 유기물함량을 보였는데, 이는 콩의 질소고정균을 비롯한 토양 미생물군집이 유기물 함량에 영향을 미쳤을 것으로 판단된다. 토양 중 인산의 경우 콩, 감자 재배토양 모두에서 처음 비료를 투입했을 때와 비교하여 증가하는 것으로 나타났는데, 본 시험에 사용된 마사토는 재배이력이 없고, 비료 및 퇴비 투입 전 분석된 결과에서 인산 함량이 낮았던 결과(Table 2)로 볼 때 작물의 연차간 재배에 따른 식물체 잔유물의 유입으로 인산 함량이 증가된 것으로 판단된다. 토양 중 인산은 다양한 형태로 존재를 하는데, 식물이 흡수 이용할 수 있는 유효태 인산의 함량은 극히 제한적이다. 특히 유기태 인산은 동식물

및 미생물로부터 유래된다. 인은 토양 중에서 쉽게 불용화 되므로 염의 형태로 고정된 인산이 점차 늘어나면 작물 생육을 저해하는 원인이 된다(Lee *et al.*, 2012). 감자를 재배한 pot의 토양을 콩을 재배한 토양과 비교를 하였을 때 인산함량이 유의하게 높은 수치를 보였다. 콩의 근권에는 *Proteobacteria*와 *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Acidobacteria*, *Firmicutes* 등이 우점하며, 이들은 양분순환 및 유기물분해와 관련된 중요한 종들을 포함하고 있다고 알려져 있다(Lee *et al.*, 2015; Sugiyama *et al.*, 2014). Baker 등(2013)의 보고에서도 콩이 생육에 도움이 되는 유용한 세균 군집을 구성하며, 주로 유기물 분해와 밀접하게 관련된 *Proteobacteria*를 모집한다고 하였다. 이렇게 구성된 콩의 미생물군집은 식물잔재물의 분해에 관여하여 식물의 양분흡수능이 증진되어 감자 재배 토양보다 상대적으로 낮은 인산 함량을 나타냈을 것으로 판단된다.

콩 재배 시 토양미생물 군집 활성도 및 군집특성

Fig. 1은 콩과 감자를 3년간 재배하였을 때 탈수소효소활성법(Dehydrogenase activity analysis, DHA)에 의한 토양미생물군집 활성을 분석한 결과를 나타낸 것이다. 일반적으로 작물의 근권(rhizosphere)은 뿌리에서 배출되는 유기물로 미생물의 활성이 증가하는 영역이다(David *et al.*, 2005). 2015년부터 2017년까지 콩을 재배한 토양의 경우 DHA 값이 감자를 재배한 토양보다 통계적으로 유의하게 높게 나타났다. 콩은 양분이 적은 토양에서도 공생미생물의 작용으로 다른 작물에 비해 정상 생육이 가능한 것으로 알려져 있다. 따라서 본 시험의 결과 3년간 콩을 재배한 토양이 감자를 재배한 토양보다 높은 DHA 값을 보인 것은 콩의 공생미생물이 관여하였기 때문인 것으로 판단된다. 시험을 수행하는 기간 중 같은 같은 해에서도 미생물활성도가 8월에 더 높게 나타난 것은 콩과작물의 생육 최적온도가 25°C 내외라는 점과 연관이 있을 것으로 추측된다(Zhang *et al.*, 1996; David *et al.*, 2005).

Table 2. Soil chemical properties on soybean and potato cropping period of 3 years

Date	Crop	pH (1:5)	O.M. (g/kg)	Av.P ₂ O ₅ (mg/kg)	cmol/kg				EC (dS/m)
					K	Ca	Mg	Na	
Before fertilization		6.6	0.66	0.76	0.1	8.8	0.8	0.1	0.3
15.05.20	pre-cultivation	6.6	0.7	65.5	0.1	8.8	0.8	0.1	0.3
15.06.11	soybean	7.3	1.0	437.9	0.2	3.9*	0.9	1.9	0.2
	potato	7.4	1.1	427.8	0.2	3.6	1.1*	1.9	0.3
16.02.15	soybean	6.5	34.8	835.1	0.7	8.8*	2.1	0.3*	0.5
	potato	6.7	13.7	646.2	0.4	6.8	2.0	0.2	0.5
17.04.10	soybean	6.0	22.7*	888.6	0.9	5.7**	1.3*	0.2**	0.3
	potato	5.2	15.8	1628.9**	1.1*	3.5	1.1	0.1	0.3
17.09.25	soybean	6.5	15.9**	614.2	0.4	5.2	1.0	0.2	0.1
	Potato	7.1	11.3	1038.1**	0.3	4.4	1.5*	0.2	0.1

T test, *p<0.05, **p<0.001

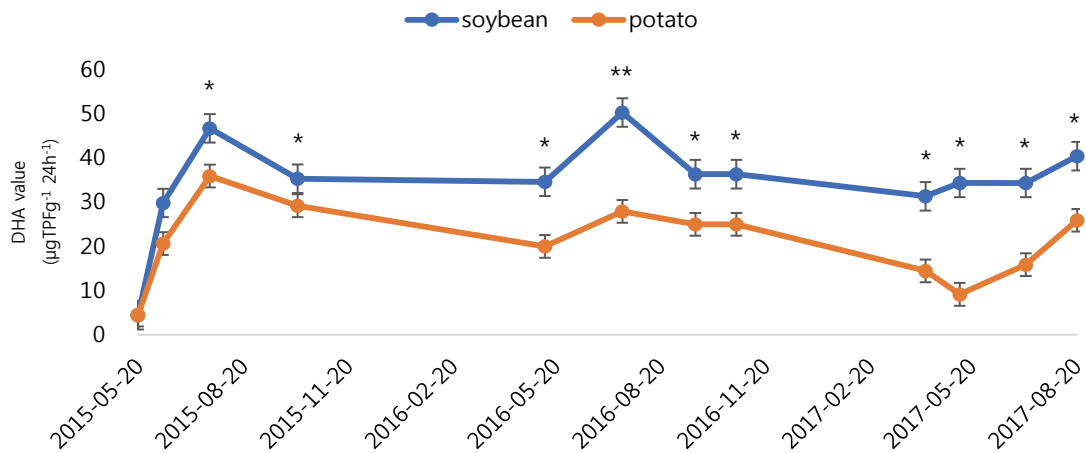


Fig. 1. Dehydrogenase activity analysis of soybean and potato cultivation soil over 3 years. , T test, *p<0.05, **p<0.001.

콩과 감자의 주요 생육기를 포함한 5번의 DGGE 실험에서 얻은 band 중 동정이 된 band를 Table 3에 나타내었다. DGGE 분석 결과 생육기간 동안 콩과 감자를 재배한 토양은 뚜렷한 차이를 보이지 않았으며, 두 토양 모두 수확기에 가장 많은 미생물이 동정되었으며, 전 생육기에 걸쳐 *Proteobacteria*, 문(phylum)에 속하는 세균들이 확인되었다. 일반적으로 *Proteobacteria*는 다양한 작물의 근권에서 우점하는 미생물로 알려져 있으며(Chaparro et al., 2014; Pfeiffer et al., 2016; Lee et al., 2015), 질소고정, 유기물 분해 및 생육촉진과 관련된 미생물들과 연관이 있다고 보고되고 있다(Medes et al., 2011; Baker et al., 2013).

일정 밀도 이상으로 우점하고 있는 종들만 검출되는 DGGE 분석의 특성을 고려할 때, 두 작물을 재배하였을 때 토양미생물군집의 차이는 적은 밀도를 가진 여러 미생물들이 관여하고 있을 것으로 생각된다. Table 3에서 제시된 콩 및 감자 재배 토양에서 검출된 band들을 벤다이어그램으로 분

석한 결과(Fig. 2, Fig. 3) 각 생육기에 따라 약간의 미생물군집변화가 발생함을 확인하였으며, 특히 감자 수확기에 가장 다양한 미생물이 동정되었다. 콩과 감자를 포함한 여러 작물에서 근권 토양의 미생물군집은 작물이 자라는 지역, 작물의 종류, 품종 그리고 주요 생육기에 따라 변한다고 보고되어 있다(Barnett et al., 2015; Lee et al., 2015; Dundore-Arias et al., 2017; Pfeiffer et al., 2017). 전 생육기에 걸쳐 콩과 감자 재배 토양에서 12 종의 미생물이 공통적으로 동정되었고, 콩을 재배한 토양에서는 2종, 감자를 재배한 토양에서는 5종의 작물 특이적 미생물이 추가로 동정되었다. 두 토양의 미생물군집은 많은 종의 미생물을 공통으로 하여 이루어져 있으며, 감자를 재배한 토양에서 조금 더 많은 미생물 종이 동정되었다. 특히 콩을 재배한 토양에서만 확인된 *Bradyrhizobiaceae* 목(order)은 콩과작물의 공생균으로 알려진 *Bradyrhizobium* 을 포함하고 있는 목으로 질소고정에 기여하여 작물생육에 도움을 준다고 알려져 있다(Bai et al., 2003).

Table 3. The identification from 16s rRNA gene targeted DGGE analysis on 2015 grown season

Date	06.11	07.06	08.20	09.18	10.07
Crop	Before sowing	Leaf development	Seed•tuber development	Harvest	After harvest
Soybean	<i>Sphingobacteriaceae</i> <i>Alphaproteobacteria</i> <i>Proteobacteria</i> <i>Actinobacteria</i> <i>Micrococcales</i>	<i>Bacteroidetes</i> <i>Proteobacteria</i> <i>Alphaproteobacteria</i> <i>Actinobacteria</i> <i>Streptomycetaceae</i> <i>Burkholderiales</i>	<i>Staphylococcaceae</i> <i>Proteobacteria</i> <i>Microbacteriaceae</i> <i>Actinobacteria</i> <i>Alphaproteobacteria</i> <i>Rhizobiales</i>	<i>Proteobacteria</i> <i>Aquicella</i> <i>Betaproteobacteria</i> <i>Burkholderiales</i> <i>Staphylococcaceae</i> <i>Alphaproteobacteria</i> <i>Micrococcales</i>	<i>Proteobacteria</i> <i>Rhizobiales</i> <i>Bradyrhizobiaceae</i> <i>Actinobacteria</i>
	<i>Flavobacteriaceae</i> <i>Sphingobacteriaceae</i> <i>Alphaproteobacteria</i> <i>Proteobacteria</i> <i>Actinobacteria</i> <i>Micrococcales</i>	<i>Bacteroidetes</i> <i>Proteobacteria</i> <i>Alphaproteobacteria</i> <i>Actinobacteria</i> <i>Streptomycetaceae</i> <i>Burkholderiales</i>	<i>Staphylococcaceae</i> <i>Proteobacteria</i> <i>Microbacteriaceae</i> <i>Actinobacteria</i> <i>Alphaproteobacteria</i> <i>Rhizobiales</i>	<i>Proteobacteria</i> <i>Pelomonas</i> <i>Comamonadaceae</i> <i>Burkholderiales</i> <i>Sphingonadales</i> <i>Alphaproteobacteria</i> <i>Actinobacteria</i> <i>Micrococcales</i> <i>Betaproteobacteria</i>	<i>Proteobacteria</i> <i>Flavobacteriaceae</i> <i>Rhizobiales</i> <i>Actinobacteria</i>

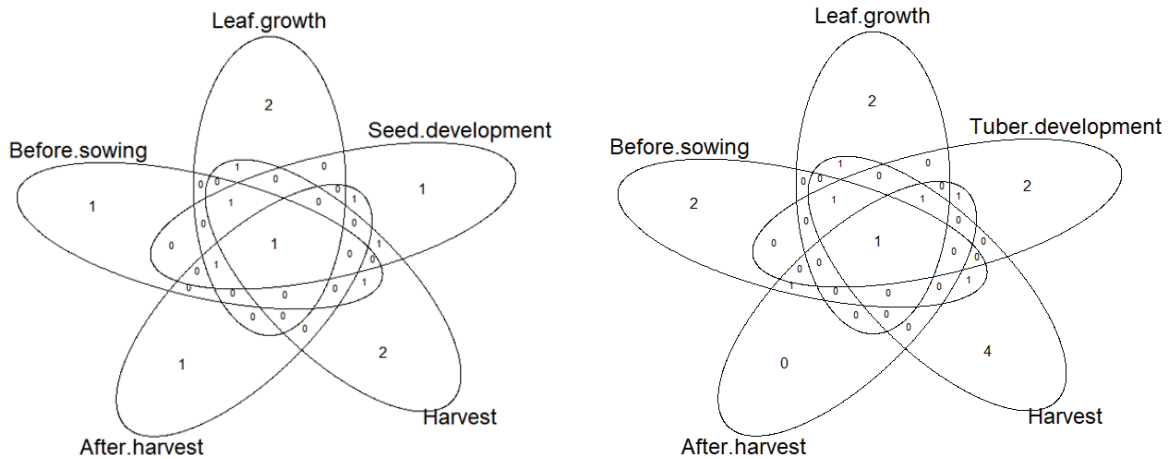


Fig. 2. Overlapped DNA fragments depending on growth stages cultivated soybean(left) and potato(right).

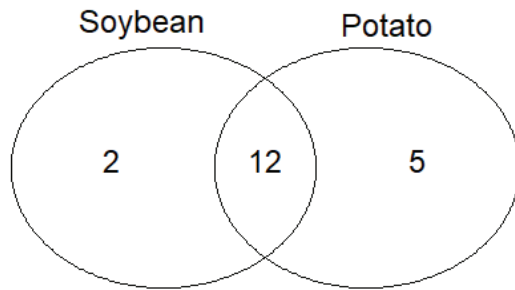


Fig. 3. Overlapped DNA fragments of soybean and potato cultivated soils during growth stages.

따라서 콩을 재배한 토양에서 보이는 높은 DHA 값은 다양한 미생물 중에 의한 것은 아니고 콩을 재배할 경우 우점하는 소수의 미생물 중에 의한 것으로 판단되며, 양분보유능이 저조한 마사토에서 공생근류균에 의한 질소고정 능력, 양분순환과 관련된 미생물 종의 우점 등으로 토양양분에 기여함으로써 보다 다양하고 활동적인 미생물군집이 형성되었을 것으로 추측된다.

적 요

저투입생산환경에서 콩 재배가 토양미생물군집활성도에 미치는 영향에 대한 결과는 다음과 같다. 초기 비료 및 퇴비 투입 후 유기물은 재배기간 내내 콩을 재배한 화분이 감자를 재배한 화분보다 높게 나타났으며, 토양 중 인산은 콩을 재배한 토양에 비해 감자를 재배한 토양에서 다소 높은 경향을 보였다. DHA 값은 콩을 재배한 토양이 생육기간 전반에 걸쳐 감자를 재배한 토양보다 유의하게 높게 나타나 토양미생물 활성도가 콩을 재배한 토양에서 증가됨을 알 수 있었고, 이러한 결과는 콩을 재배한 토양의 유기물함량 증가에도 영향을 미친 것으로 판단된다. DGGE로 토양미생물군집을 분석한 결과 *Proteobacteria* 문(phylum)에 속하는 미생물들이 공통적으로 확인되었으며, 감자를 재배한 토양이 콩을 재배한 토양보다 다양한 미생물이 동정되었다. 또한, 콩 재배 토양의 높은 토양미생물활성도는 콩 재배 시 형성되는 소수의 특정한 미생물들에 의한 영향으로 판단된다.

Note

The authors declare no conflict of interest.

Acknowledgment

This research work was supported by crop research project (PJ01125903) of Rural Development Administration.

References

Bai, Y., Zhou, X., & Smith, D. L. (2003). Enhanced soybean plant growth resulting from coinoculation of

- Bacillus* strains with *Bradyrhizobium japonicum*. Crop science, 43(5), 1774-1781.
- Baker, B. J., Sheik, C. S., Taylor, C. A., Jain, S., Bhasi, A., Cavalcoli, J. D., & Dick, G. J. (2013). Community transcriptomic assembly reveals microbes that contribute to deep-sea carbon and nitrogen cycling. The ISME journal, 7(10), 1962-1973.
- Barnett, B. A., Holm, D. G., Koym, J. W., Wilson, R. G., & Manter, D. K. (2015). Site and clone effects on the potato root-associated core microbiome and its relationship to tuber yield and nutrients. American Journal of Potato Research, 92(1), 1-9.
- Bhardwaj, D., Ansari, M. W., Sahoo, R. K., & Tuteja, N. (2014). Biofertilizers function as key player in sustainable agriculture by improving soil fertility, plant tolerance and crop productivity. Microbial Cell Factories, 13-66.
- Chaparro, J. M., Badri, D. V., & Vivanco, J. M. (2014). Rhizosphere microbiome assemblage is affected by plant development. The ISME journal, 8(4), 790-803.
- David M. S., Jeffrey J. F., Peter G. H., & David A. Z. 2005. Principles and Applications of Soil Microbiology, p. 5, EDO University IYAMHO, USA.
- Dundore-Arias, J. P., Otto-Hanson, L. K., Rosen, C., & Kinkel, L. L. 2017. Potato crop yields and soil microbiome composition in response to nitrogen amendments in fumigated and non-fumigated soils. Phytopathology, 107(12), 117-118.
- Han H. S., & Lee K. D. (2005). Physiological responses of soybean - Inoculation of *Bradyrhizobium japonicum* with PGPR in Saline soil conditions. Research Journal of Agriculture and Biological Sciences, 1(3), 216-221.
- Heidari, G., Mohammadi, K., & Sohrabi, Y. (2016). Responses of soil microbial biomass and enzyme activities to tillage and fertilization systems in soybean (*Glycine max* L.) production. Frontiers in Plant Science, <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01730>.
- Hungria, M., Araujo, R. S., Júnior, S., Barbosa, E., & Zilli, J. É. (2017). Inoculum rate effects on the soybean symbiosis in new or old fields under tropical conditions. Agronomy Journal, 109(3), 1106-1112.
- Kuzmicheva, Y. V., Shaposhnikov, A. I., Petrova, S. N., Makarova, N. M., Tychinskaya, I. L., Puhalsky, J. V., Parahin, N. V., Tikhonovich, I. A., & Belimov, A. A. (2017). Variety specific relationships between effects of rhizobacteria on root exudation, growth and nutrient uptake of soybean. Plant and Soil, 419(1-2), 83-96.
- Lee, K. K., Mok, I. K., Yoon, M. H., Kim, H. J., & Chung, D. Y. (2012). Mechanisms of phosphate solubilization by PSB (Phosphate-solubilizing Bacteria) in soil. Korean

- Journal of Soil Science and Fertilizer, 45(2), 169-176.
- Lee, Y. M., Ahn, J. H., Choi, Y. M., Weon, H. Y., Yoon, J. H., & Song, J. K. (2015). Bacterial core community in soybean rhizosphere, *The Korean Journal of Microbiology*, 51(4), 347-354.
- Lithourgidis, A. S., Dordas, C. A., Damalas, C. A., & Vlachostergios, D. N. (2011). Annual intercrops: an alternative pathway for sustainable agriculture. *Australian Journal of Crop Science*, 5(4), 396-410.
- Medes, R., Kruijt, M., de Bruijn, I., Dekkers, E., van der Voort, M., Schneider, J. H. M., Piceno, Y. M., DeSantis, T. Z., Andersen, G. L., Andersen, G. L., Bakker, P. A. H., & Raaijmakers, J. M. (2011). Deciphering the rhizosphere microbiome for disease-suppressive bacteria. *Science*, 332(6033), 1097-1100.
- Pfeiffer, S., Mitter, B., Oswald, A., Schloter-Hai, B., Schloter, M., Declerck, S., & Sessitsch, A. (2016). Rhizosphere microbiomes of potato cultivated in the High Andes show stable and dynamic core microbiomes with different responses to plant development. *FEMS microbiology ecology*, 93(2), 1-12.
- Santos, V. B., Araujo, A. S. F., Leite, L. F. G., Nunes, L. A. P. L., & Melo, J. W. (2012). Soil microbial biomass and organic matter fractions during transition from conventional to organic farming systems. *Geoderma*, 170, 227-231.
- Sugiyama, A., Ueda, Y., Zushi, T., Takase, H., & Yazaki, K. (2014). Change in the bacterial community of soybean rhizospheres during growth in the field. *PLoS One*, 9(6), e100709.
- Zhang, F., Dashti, N., Hynes, R. K., & Smith, D. L. (1996). Plant growth promoting rhizobacteria and soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] nodulation and nitrogen fixation at suboptimal root zone temperatures. *Annals of Botany*, 77(5), 453-460.