한국토양비료학회지 44권 3호
Korean J. Soil Sci. Fert. Vol. 44, No. 3, 485-491 (2011)

보문

경남지역 밭 토양 지형이 미생물 군집에 미치는 영향

이영한 · 하상건[1]*

경상남도농업기술원, [1]국립농업과학원

Impacts of Topography on Microbial Community from Upland Soils in Gyeongnam Province

Young-Han Lee and Sang-Keun Ha[1]*

Gyeongsangnam-do Agricultural Research and Extension Services, Jinju 660-370, Korea
[1]National Academy of Agricultural Science, RDA, Suin-ro 150, Suwon, 441-707, Korea

The present study evaluated the soil microbial communities by fatty acid methyl ester (FAME) in upland soils at 25 sites in Gyeongnam Province. The total bacteria content was 143 nmol g^{-1} for in inclined piedmont, 75 nmol g^{-1} for fan and valley, 49 nmol g^{-1} for hill areas, and 44 nmol g^{-1} for riversider plain. The fungi content was 2.4 times higher in sandy loam than 21 nmol g^{-1} in silt loam (p<0.01). In addition, inclined piedmont soils had a significantly higher ratio of monounsaturated fatty acids to saturated fatty acids compared with fan and valley soils (p<0.05). The communities of total bacteria and arbuscular mycorrhizal fungi in the inclined piedmont soils were significantly higher than those in the fan and valley soils and in the riversider plain soils (p<0.05), whereas the community of fungi was significantly lower (p<0.05). In principal component analyses of soil microbial communities, our findings showed that inclined piedmont was positive relationship with total bacteria and actinomycetes in upland soils.

Key words: Upland soil, Microbial community, Soil topography, Soil texture

서 언

토양의 건전성은 물리성, 화학성 및 생물상에 의하여 종합적으로 평가될 수 있다. 그 중에서 미생물에 의한 토양 건전성은 미생물 다양성, 미생물 개체수, 미생물생체량과 효소활성 등과 관련되어 있다 (Suh, 1998). Lee and Ha (2011)는 경남지역에서 지형별 밭 토양의 곰팡이 개체수는 곡간 및 선상지가 하성평탄지 보다 유의적으로 많았고 토양 미생물생체량과 탈수소효소 활성은 산록경사지가 다른 지형에 비해 유의적으로 높다고 하였다. 또한, 토성에 따른 토양의 coliform 그룹은 미사질양토가 사양토와 양토에 비해 유의적으로 높았고 미생물생체량은 양토가 미사질양토 보다 유의적으로 높았다고 하였다. 일반적으로 밭 토양의 pH는 형광성 슈도모나스균, 고온성 바실러스균과 정의상관이 있으며 토양 EC는 호알카리성균, 고온성 바실러스균 및 세균 등과 정의상관을 가지고 있다 (NIAST, 2006). 또한, 형광성 슈도모나스균은 밭 토양의 EC와 유의한 부의상관이 있으며, 2.0 dS m^{-1} 이상이 되면 균의 활성이 크게 감소 된다 (NIAST, 2006). 그리고 대장균류는 생육 불량지 및 염류 집적지에서 밀도가 높고 유기물 함량과 고온성 바실러스균 간에도 고도의 정의 상관이 있다 (Kwon et al., 1998).

따라서 토양에서 미생물의 다양성은 환경변화에 민감하게 반응하며 결국 환경에 적응한 균이 우점하게 된다. 그러므로 토양 건전성을 유지하는 방법은 토양 비옥도관리 뿐만 아니라 토양 미생물의 다양성을 함께 검토해야 한다. 그러나 일반적으로 이용되는 평판배지법은 토양에 서식하는 미생물의 0.3% 정도만 측정되기 때문에 토양 전체의 미생물 군집에 대한 정보를 얻을 수 없다. 최근 이러한 문제점을 개선할 수 있는 방법으로 MIDI (Sherlock Microbial Identification System) 기술을 많이 사용하고 있다 (Buyer and Drinkwater, 1997; Fries et al., 1997; Macalady et al., 1998). 특히 다량의 토양 시료를 비교적 간단하고 빠르게 분석할 수 있는 fatty acid methyl ester (FAME) 방법을 사용하여 토양의 미생물생체량 뿐만 아니라 미생물 군집을 쉽게 분석할 수 있다 (Kim and Lee, 2011; Lee et al., 2011; Macalady et al., 1998; Schutter and Dick, 2000).

따라서 본 연구는 경남지역 밭 토양 25개소를 대상으로 2009년에 토양 화학성분과 FAME 분석을 통한 미생물 군

접수 : 2011. 5. 16 수리 : 2011. 6. 10
*연락저자 : Phone: +82312900337
E-mail: ha0sk@korea.kr

집을 검토하였으며 주성분분석에 의한 토성, 지형 및 작물별 주요 변동요인을 해석하여 효율적인 토양 미생물 관리를 위한 기초 자료를 제공하는데 목적이 있다.

재료 및 방법

밭 토양 지점 선정 및 시료채취 방법 경남지역 밭 토양의 화학성분과 미생물상의 관계를 분석하기 위하여 2009년에 토양 유형, 지형 및 토성 (RDA, 1983)과 분포면적 비율을 기준으로 25개 지점을 선정하였다. 토양은 비료를 시용하기 전인 3월부터 4월 사이에 표토를 0–15 cm 깊이에서 500 g 정도를 3반복으로 채취하였다. 토양 화학성분은 농촌진흥청 농업과학기술원 토양 및 식물체 분석법 (NIAST, 2000)을 적용하여 토양 pH, 유기물 함량 및 유효인산 함량 (Lee and Ha, 2011)을 분석하였다. 토양의 화학성분은 지형에 따라 곡간 및 선상지는 pH 6.5, 유기물 30 g kg^{-1}, 유효인산 966 mg kg^{-1}, 구릉지는 pH 6.4, 유기물 20 g kg^{-1}, 유효인산 547 mg kg^{-1}, 산록경사지는 pH 5.8, 유기물 50 g kg^{-1}, 유효인산 880 mg kg^{-1}, 하성평탄지는 pH 6.4, 유기물 10 g kg^{-1}, 유효인산 679 mg kg^{-1}이었다. 토성별 화학성분은 미사질양토가 pH 6.0, 유기물 15 g kg^{-1}, 유효인산 593 mg kg^{-1}, 사양토는 pH 6.5, 유기물 28 g kg^{-1}, 유효인산 1,207 mg kg^{-1}, 양토는 pH 6.4, 유기물 31 g kg^{-1}, 유효인산 693 mg kg^{-1}이었다. 작물별 화학성분은 감자 재배지가 pH 6.1, 유기물 22 g kg^{-1}, 유효인산 1,080 mg kg^{-1}, 고구마 재배지는 pH 7.1, 유기물 30 g kg^{-1}, 유효인산 832 mg kg^{-1}, 고추 재배지는 pH 6.0, 유기물 26 g kg^{-1}, 유효인산 916 mg kg^{-1}, 시금치 재배지는 pH 6.3, 유기물 35 g kg^{-1}, 유효인산 754 mg kg^{-1}, 콩 재배지는 pH 6.3, 유기물 26 g kg^{-1}, 유효인산 521 mg kg^{-1}의 특성을 나타냈다.

토양 미생물 군집 분석 미생물 군집 분석을 위해 채취한 토양은 −20℃에 2일간 보관하여 동결건조 한 후 미생물 군집 분석에 사용하였다. 미생물 군집은 개별적으로 미생물이 가지고 있는 고유 세포벽 지방산을 분석하는 FAME 방법을 이용하였다 (Schutter and Dick, 2000). 또한, 미생물의 정량은 internal standard 19:0을 이용하여 분석하였다. 미생물 군집 분석은 GC Agilent 6890N (Agilent Technologies, USA)과 HP-ULTRA 2 capillary column (25 m × 0.2 mm × 0.33 μm film thickness, Agilent Technologies, USA)을 이용하였다. 칼럼 온도는 170℃에서 270℃가 될 때 까지 분당 5℃씩 가온하였고 마지막 270℃에서 2분간 유지하였다. 분석된 미생물 세포벽 지방산은 MIDI software program package (MIDI, Inc., Newark, DE)을 이용하여 각각의 지방산에 대한 미생물 군집을 분석하였다 (Hamel et al., 2006). 총 세균은 i15:0, a15:0, 15:0, i16:0, 16:1ω9, 16:1ω7, i17:0, a17:0, 17:0, cy17:0, 18:1ω7c 및 cy19:0 함량을 합산하여 분석하였다 (Macalady et al., 1998; Schutter and Dick, 2000). 그람음성 세균은 지방산 16:1ω7c, 18:1ω7c, cy17:0 및 cy19:0을 합산하였고 (Zelles, 1997) 그람양성 세균은 지방산 i15:0, a15:0, i16:0, i17:0 및 a17:0을 합산하여 구하였다 (Zelles, 1997). 방선균은 지방산 10Me18:0을 사용하였고 (Schutter and Dick, 2000) 곰팡이는 지방산 18:1ω9c와 18:2ω6c를 사용하였다 (Bradleya et al., 2006). 또한, 지방산 16:1ω5c는 내생균근균 (arbuscular mycorrhizal fungi)의 biomarker로 이용하였다 (Balser et al., 2005; Frostegård et al., 1993; Olsson et al., 1998). 그리고 그람음성 세균과 그람양성 세균의 비율, 곰팡이와 총 세균의 비율을 조사하였고 불포화지방산 (MUFA)과 포화 지방산 (SFA) 비율은 토양에서 미생물 영양분의 지표로 사용하였다 (Bossio and Scow, 1998).

다변량 주성분 분석 및 통계분석 분석된 미생물 특성은 SAS 프로그램 9.1.3 버젼 (2006)을 사용하였다. 토양의 지형, 토성 및 작물별 특성은 5% 수준에서 Duncan's multiple range test (DMRT)를 하였다. 또한, 토양 화학성분과 미생물 군집을 주성분 분석에 사용하여 지형, 토성 및 작물에 따른 차이를 비교 검토하였다.

결과 및 고찰

밭 토양 미생물 함량 비교 경남지역 밭 토양의 미생물 함량을 지형, 토성과 작물별로 분석하였다 (Table 1). 경남지역 밭 토양 25개소의 평균값은 총 FAME 함량이 238 nmol g^{-1}이었으며 총 세균 함량은 73 nmol g^{-1}, 그람음성 세균과 그람음성 세균은 33 nmol g^{-1}, 방선균 함량은 4.5 nmol g^{-1}, 곰팡이 함량은 40 nmol g^{-1}, 내생균근균 함량은 6.8 nmol g^{-1}이었다. 이러한 결과는 시설 재배지에 비해 세균과 곰팡이 함량은 낮았고 (Lee et al., 2011) 논에서 벼 생육초기 토양에 비해 세균 함량은 낮고 곰팡이 함량은 높았다 (Kim and Lee, 2011). 그람음성 세균과 그람양성 세균 비율은 1.00으로 시설 재배지 0.75 보다 높았고 (Lee et al., 2011) 논 초기 토양 1.0–1.3과 비슷하였다 (Kim and Lee, 2011). 그람음성 세균은 토양 미생물의 영양분이 부족할 경우 매우 민감하게 반응하여 개체수가 감소 한다 (Kieft et al., 1997). 따라서 이러한 결과는 Lee and Ha (2011)의 보고와 같이 경남지역 밭 토양은 미생물의 먹이인 탄소가 풍부하여 그람음성 세균 함량이 많아진 것으로 판단되었다. 경남지역 지형별 밭 토양의 총 FAME 함량은 산록경사지가 435 nmol g^{-1}으로 가장 높았으며 곡간 및 선상지가 250 nmol g^{-1}, 구릉지 159 nmol g^{-1}, 하성평탄지 147 nmol g^{-1}을 나타냈다

Table 1. Microbial biomass in upland soils as affected by topography, texture, and crop.

Parameter†	TF	B	G(-)	G(+)	A	F	AMF	G(-)/G(+)	F/B	Samples
	nmol g^{-1}									
Minimum	93	27	13	12	1.8	14	1.8	0.69	0.32	
Maximum	665	222	111	94	13.8	90	36.7	1.39	0.90	
Mean	238	73	33	33	4.5	40	6.8	1.00	0.58	25
Standard deviation	130.5	43.1	20.6	19.3	2.48	20.6	7.51	0.138	0.142	
Soil topography										
Fan & valley	250ab‡	75b	33b	34b	4.3b	45ab	5.2b	0.98a	0.62a	13
Hill areas	159b	49b	22b	23b	3.5b	27b	3.9b	0.97a	0.55a	6
Inclined piedmont	435a	143a	67a	64a	8.9a	59a	22.0a	1.09a	0.41a	3
Riversider plain	147b	44b	20b	20b	2.6b	28b	4.4b	1.01a	0.64a	3
Soil texture										
Silt loam	137a	41a	19a	19a	3.0a	21b	3.7a	1.03a	0.51a	4
Sandy loam	246a	71a	31a	33a	4.2a	51a	5.3a	0.93a	0.71a	7
Loam	263a	83a	38a	37a	5.0a	41ab	8.4a	1.02a	0.54a	14
Crop										
Potato	212a	60a	27a	28a	3.1a	43a	5.1a	1.00a	0.69a	5
Sweetpotato	224a	70a	33a	31a	4.2a	37a	8.9a	1.05a	0.54a	5
Pepper	254a	79a	34a	38a	4.9a	40a	4.9a	0.94a	0.56a	5
Sesame	285a	90a	42a	39a	5.9a	44a	10.6a	1.04a	0.53a	5
Soybean	218a	65a	28a	31a	4.2a	38a	4.7a	0.95a	0.58a	5

†TF, total FAMEs; B, total bacteria; G(-), Gram-negative bacteria; G(+), Gram-positive bacteria; A, actinomycetes; F, fungi; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi.

‡Means by the same letter within a column are not significantly different at 0.05 probability level according to Duncan's multiple range test.

(p<0.05). 이러한 연구결과는 경남지역 밭 토양 산록경사지에서 토양 미생물체량이 가장 높았으며 토양의 유기물 함량이 50 g kg^{-1}으로 다른 지형에 비해 높은데 기인된 것으로 보고한 Lee and Ha (2011)의 결과와 일치하였다. 산록경사지의 총 FAME 함량은 그람음성 세균 67 nmol g^{-1}, 그람양성 세균 64 nmol g^{-1}, 곰팡이 59 nmol g^{-1}, 내생균근균 22.0 nmol g^{-1}, 방선균 8.9 nmol g^{-1}의 순이었다. 특히 총 세균 함량은 143 nmol g^{-1}으로 곡간 및 선상지 75 nmol g^{-1}에 비해 1.9배, 구릉지 49 nmol g^{-1}와 하성평탄지 44 nmol g^{-1} 보다 3배 정도 높았다 (p<0.05). 그리고 다른 지형에 비해 그람음성 세균과 그람양성 세균 비율은 높았고 곰팡이와 세균 비율은 낮은 경향이었으나 유의적인 차이는 없었다. 산록경사지에서 미생물 함량이 높게 나타난 이유는 Lee and Ha (2011)가 보고한 바와 같이 경사가 있는 곳에서는 용탈에 의한 비료의 손실이 많을 것을 판단한 농가에서 퇴비시용량이나 화학비료를 과다하게 시용한 결과로 해석되었다 (Lee et al., 2010; NIAST, 2010).

토성에 따른 곰팡이 함량은 사양토에서 51 nmol g^{-1}으로 미사질양토 21 nmol g^{-1}에 비해 유의적으로 높았으며 (p<0.05) 양토 41 nmol g^{-1} 보다 높았다. 양토는 총 FAME 함량이 263 nmol g^{-1}, 총 세균 함량이 83 nmol g^{-1}, 그람음성 세균 38 nmol g^{-1}, 그람양성 세균 37 nmol g^{-1}, 방선균 5.0 nmol g^{-1}, 내생균근균 8.4 nmol g^{-1}으로 다른 토성에 비해 높았으나 유의적인 차이는 없었다. 이러한 결과는 Lee and Ha (2011)의 연구결과에서 경남 밭 토양 미생물체량은 양토에서 318 mg kg^{-1}으로 미사질양토 135 mg kg^{-1} 보다 유의적으로 높다고 보고한 결과와 국립농업과학원 (NIAST, 2006) 연구결과에서 미생물체량은 양토에서 대체적으로 높았다고 보고한 결과와 일치하였다. 그람음성 세균과 그람양성 세균의 비율은 미사질양토 1.03, 양토 1.02 및 사양토 0.93으로 사양토에서 낮았으며 곰팡이와 세균의 비율은 사양토에서 0.71로 양토 0.54 및 미사질양토 0.51에 비해 높았다.

작물별 미생물 함량은 참깨 재배지에서 총 FAME 함량이 285 nmol g^{-1}, 총 세균 함량이 90 nmol g^{-1}, 그람음성 세균 42 nmol g^{-1}, 그람양성 세균 39 nmol g^{-1}, 방선균 5.9 nmol g^{-1}, 곰팡이 44 nmol g^{-1}, 내생균근균 10.6 nmol g^{-1}으로 다른 작물에 비해 높았으나 유의적인 차이는 없었다. 이러한 결과는 바실러스균과 미생물체량 및 탈수소효소 활성은 참깨 재배지에서 높았다는 Lee and Ha (2011)의 보고와 일치하는 경향이었다. 따라서 경남 밭 토양의 미생물 함량은 작물과 토성에 따른 영향 보다 지형적인 영향을 크게 받는 것으로 생각되었다.

불포화지방산과 포화지방산 비율 일반적으로 미생물의 영양적인 스트레스 지표로 사용되는 불포화지방산과 포화지방산은 비율이 높을수록 미생물의 스트레스는 감소한다고 알려져 있다 (Bossio and Scow, 1998; Kieft et al., 1997). 지형에 따른 밭 토양의 불포화지방산과 포화지방산의 비율은 Fig. 1과 같다. 불포화지방산과 포화지방산의 비율은 산록경사지에서 0.85로 가장 높았고 곡간 및 선상지 0.66 보다 유의적으로 높았으며 (p<0.05) 하성평탄지가 0.79, 구릉지가 0.68을 나타냈다. 산록경사지는 Table 1과 같이 그람음성 세균 함량, 곰팡이 함량, 내생균근균 함량이 높았는데 이러한 미생물들은 불포화지방산으로 많이 구성되어 있기 때문에 다른 지형에 비해 불포화지방산과 포화지방산의 비율이 유의적으로 높은 것으로 판단되었다. 이러한 결과는 산록경사지에서 유기물 함량이 다른 지형에 비해 높은데 기인된 것으로 생각되었으며 (Lee and Ha, 2011) Bossio et al. (1998)이 유기물을 시용함으로 토양의 불포화지방산 함량이 증가한다고 보고한 결과와 일치하였다.

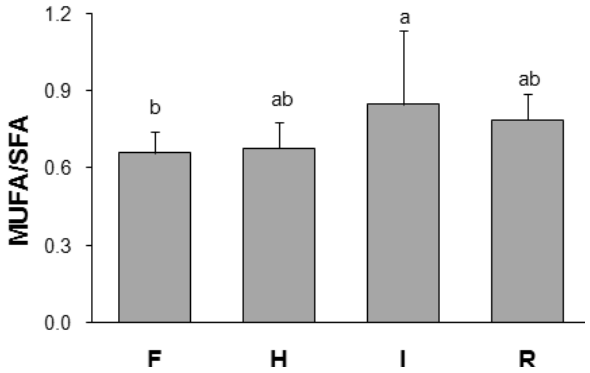

Fig. 1. Ratio of monounsaturated fatty acids (MUFA) to saturated fatty acids (SFA) in upland soils. F, fan & valley; H, hill areas; I, inclined piedmont; R, riversider plain. Different letters indicate significantly different values (p<0.05). Bars represent one standard deviation of the mean.

밭 토양 미생물 군집 분석 토양 미생물의 함량을 총 FAME 함량으로 나누어 미생물의 군집을 분석하였다 (Table 2). 밭 토양 평균 미생물 군집은 총 세균이 30.3%, 곰팡이 17.4%, 그람음성 세균은 13.7%, 그람양성 세균은 13.8%, 내생균근균 2.7%, 방선균 1.9%의 비율을 나타냈다. 지형별 미생물 군집은 산록경사지에서 총 세균 군집은 32.8%로 가장 높았으며 곡간 및 선상지 29.8% 및 하성평탄지 29.5%에 비해 유의적인 차이가 있었으며 (p<0.05) 내생균근균 군집도 5.3%로 하성평탄지 3.0%, 구릉지 2.5%, 곡간 및 선상지 2.1%에 비해 유의적으로 높았다 (p<0.05). 그러나 곰팡이 군집은 13.4%로 하성평탄지 18.6%, 곡간 및 선상지 18.2%, 구릉지 16.9%

Table 2. Microbial communities in upland soils as affected by topography, texture, and crop.

Parameter†	B	G(-)	G(+)	A	F	AMF	Samples
	---------- %, nmol ----------						
Minimum	26.5	11.7	12.2	1.0	10.6	1.0	
Maximum	33.6	17.5	17.3	3.1	24.4	8.7	
Mean	30.3	13.7	13.8	1.9	17.4	2.7	25
Standard deviation	1.86	1.51	1.06	0.39	3.32	1.54	
Soil topography							
Fan & valley	29.8b‡	13.3a	13.5a	1.8a	18.2a	2.1b	13
Hill areas	30.7ab	13.7a	14.3a	2.3a	16.9ab	2.5b	6
Inclined piedmont	32.8a	15.3a	14.7a	2.0a	13.4b	5.3a	3
Riversider plain	29.5b	13.7a	13.6a	1.8a	18.6a	3.0b	3
Soil texture							
Silt loam	30.1a	14.2a	13.8a	2.2a	15.4b	2.8a	4
Sandy loam	29.2a	12.6a	13.7a	1.8b	20.4a	2.3a	7
Loam	31.0a	14.1a	13.9a	1.9ab	16.4b	2.9a	14
Crop							
Potato	28.9a	13.2a	13.2a	1.6b	19.6a	2.6a	5
Sweet potato	31.3a	14.6a	14.0a	1.9ab	16.8a	3.7a	5
Pepper	30.6a	13.3a	14.4a	1.9ab	16.9a	2.0a	5
Sesame	30.8a	14.1a	13.6a	2.0ab	16.2a	2.9a	5
Soybean	30.1a	13.2a	14.0a	2.2a	17.3a	2.3a	5

†B, total bacteria; G(-), Gram-negative bacteria; G(+), Gram-positive bacteria; A, actinomycetes; F, fungi; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi.

‡Means by the same letter within a column are not significantly different at 0.05 probability level according to Duncan's multiple range test.

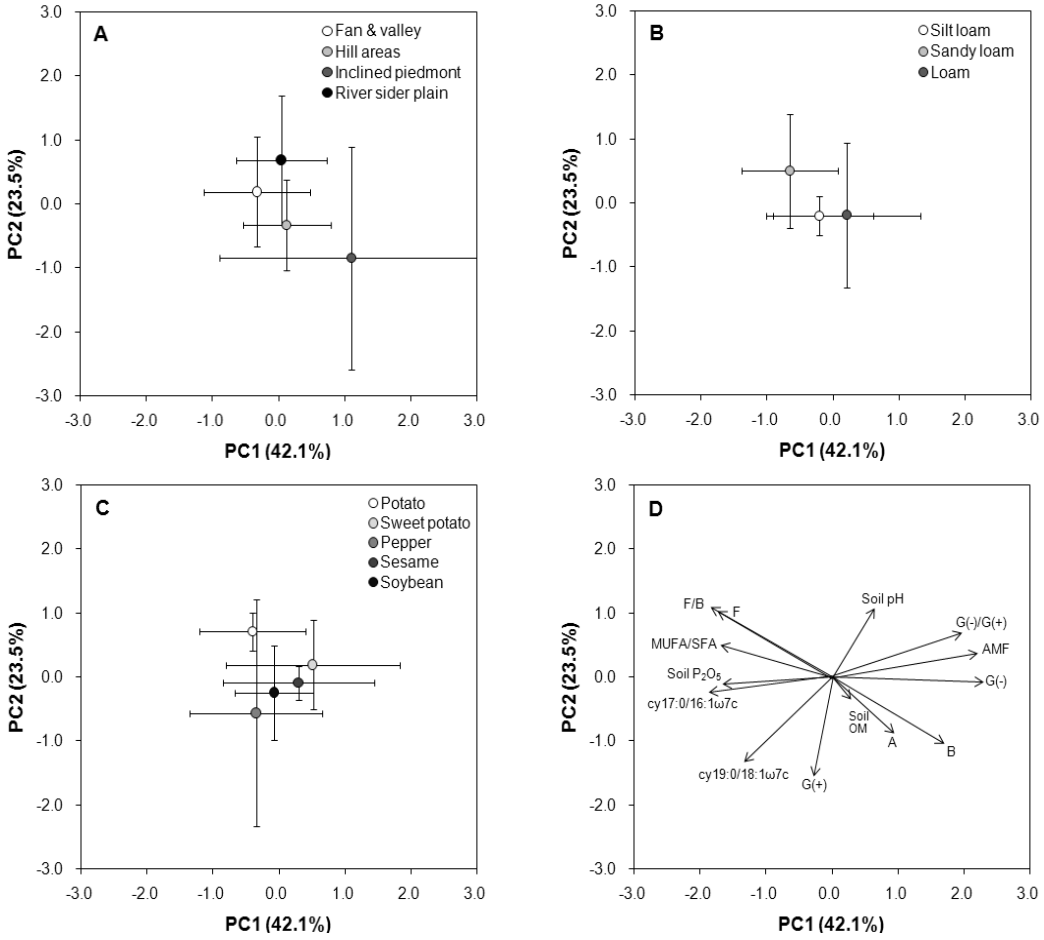

Fig. 2. Principal component analyses between chemical properties and microbial communities in upland soils as affected by topography (A), texture (B), crop (C), and loading values of the individual parameter (D). The variance explained by the each principal component (PC) axis is shown in parentheses. Bars represent one standard deviation of the mean. B, total bacteria; G(-), Gram-negative bacteria; G(+), Gram-positive bacteria; A, actinomycetes; F, fungi; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi.

에 비해 유의적으로 낮았다 (p<0.05). 산록경사지는 총 세균 군집이 높아 상대적으로 곰팡이 군집이 낮은 것으로 판단되었다. 토성에 따라 미사질양토는 방선균 군집이 2.2%로 사양토 1.8%에 비해 유의적으로 높았으며 (p<0.05) 곰팡이 군집은 사양토에서 20.4%로 양토 16.4%와 미사질양토 15.4%에 비해 유의적으로 높았다 (p<0.05). 작물에 따라 방선균 군집은 콩에서 2.2%로 감자 1.6%에 비해 유의적으로 높았으나 (p<0.05) 다른 미생물 군집은 유의적인 차이가 없었다.

밭 토양의 미생물 군집과 같은 지점에서 Lee and Ha (2011)가 분석한 토양 pH, 유기물 함량 및 유효인산 함량을 포함하여 지형, 토성 및 작물에 따른 주성분을 분석한 결과는 Fig. 2와 같다. 주성분 분석은 토양 미생물 군집을 몇 가지의 성분으로 추출하여 설명하고 예측할 수 있다 (Lee et al. 2011). 주성분 분석결과 제1주성분이 42.1%, 제2주성분이 23.5%로서 전체 65.6%의 자료를 설명할 수 있는 것으로 나타났다. 제1주성분은 그람음성 세균 군집이 가장 크게 기여하였으며 내생균근균, 그람음성 세균과 그람양성 세균 비율 순으로 정의 기여를 하는 것으로 나타났다. 반면 제2주성분은 그람양성 세균, cy19:0과 18:1ω7c 비율, 곰이 군집, 토양 pH 순으로 기여를 하였다 (Fig. 1D). 토양 유효인산 함량과 cy17:0/16:1ω7c 비율 그리고 토양 유기물 함량과 방선균 군집은 정의 상관관계를 나타냈다. 지형별 주성분 분석결과 산록경사지는 제1주성분과 정의관계를 보였으나 제2주성분과 부의 관계를 보였다 (Fig. 1A). 토성에 따른 주성분 분석결과 사양토는 제1주성분과는 부의 관계를 보였으나 제2주성분과는 정의관계를 보였고 양토는 제1주성분과는 정의 관계, 제2주성분과 부의 관계를 나타냈다 (Fig. 1B). 작물별 주성분 분석결과 고구마 재배지가 제1주성분 및 제2주성분과 정의 관계를 보였으나 고추 재배지는 부의 관계를 나타냈다 (Fig. 1C). 그러나 미생물 군집 및 토양 화학성의 주성분 분석결과 지형, 토성 및 작물별 처리간 유의적인 차이가 없었다. 이러한 결과는 토양 화학성과 미생물 군집이 지형, 토성 및 작물 등의 어떤 주어진 조건에 반응하는 것이 아니라 복잡한 관계를 형성하고 있어 토

양 생태계 관리가 매우 어렵다는 것을 반증하는 것으로 판단되었다. 따라서 경남지역 밭 토양의 미생물 군집을 다양하게 유지하기 위해서는 지속적인 모니터링이 필요할 것으로 생각된다.

요 약

경남지역 밭 토양 25개소를 대상으로 2009년에 미생물 세포벽 지방산 함량을 분석하여 미생물 다양성을 지형, 토성 및 작물별 주요 변동요인을 주성분분석으로 해석하였다. 총 세균 함량은 산록경사지가 143 nmol g^{-1}으로 곡간 및 선상지 75 nmol g^{-1}에 비해 1.9배, 구릉지 49 nmol g^{-1}와 하성평탄지 44 nmol g^{-1} 보다 3배 정도 높았다 ($p<0.05$). 토성에 따른 곰팡이 함량은 사양토에서 51 nmol g^{-1}으로 미사질양토 21 nmol g^{-1}에 비해 유의적으로 높았다 ($p<0.05$). 불포화지방산과 포화지방산의 비율은 산록경사지에서 0.85로 곡간 및 선상지 0.66 보다 유의적으로 높았으며 ($p<0.05$) 하성평탄지가 0.79, 구릉지가 0.68을 나타냈다. 밭 토양 평균 미생물 군집은 총 세균이 30.3%, 곰팡이 17.4%, 그람음성 세균은 13.7%, 그람양성 세균은 13.8%, 내생균근균 2.7%, 방선균 1.9%의 비율이었다. 산록경사지에서 총 세균 군집은 32.8%로 가장 높았으며 곡간 및 선상지 29.8% 및 하성평탄지 29.5%에 비해 유의적인 차이가 있었으며 ($p<0.05$) 내생균근균 군집도 5.3%로 하성평탄지 3.0%, 구릉지 2.5%, 곡간 및 선상지 2.1%에 비해 유의적으로 높았다 ($p<0.05$). 그러나 곰팡이 군집은 13.4%로 하성평탄지 18.6%, 곡간 및 선상지 18.2%, 구릉지 16.9%에 비해 유의적으로 낮았다 ($p<0.05$). 미사질양토는 방선균 군집이 2.2%로 사양토 1.8%에 비해 유의적으로 높았으며 ($p<0.05$) 곰팡이 군집은 사양토에서 20.4%로 양토 16.4%와 미사질양토 15.4%에 비해 유의적으로 높았다 ($p<0.05$). 작물에 따라 방선균 군집은 콩에서 2.2%로 감자 1.6%에 비해 유의적으로 높았으나 ($p<0.05$) 다른 미생물 군집은 유의적인 차이가 없었다. 주성분 분석결과 제1주성분이 42.1%, 제2주성분이 23.5%로서 전체 65.6%의 자료를 설명할 수 있는 것으로 나타났다. 제1주성분은 그람음성 세균 군집이 가장 크게 기여하였으며 내생균근균, 그람음성 세균과 그람양성 세균 비율 순으로 정의 기여를 하는 것으로 나타났다.

사 사

본 연구는 농촌진흥청 공동연구사업(과제번호: PJ006906222011)의 지원에 의해 이루어진 것임.

인 용 문 헌

Balser, T., K.K. Treseder, and M. Ekenler. 2005. Using lipid analysis and hyphal length to quantify AM and saprotrophic fungal abundance along a soil chronosequence. Soil Biol. Biochem. 37:601-604.

Bossio, D.A. and K.M. Scow. 1998. Impacts of carbon and flooding on soil microbial communities: phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns. Microb. Ecol. 35:265-278.

Bossio, D.A., K.M. Scow, N. Gunapala, and K.J. Graham. 1998. Determinants of soil microbial communities: effects of management, season and soil type on phospholipid fatty acid profiles. Microb. Ecol. 36:1-12.

Bradleya, K., A. Rhae, R.A. Drijberb, and J. Knopsc. 2006. Increased N availability in grassland soils modifies their microbial communities and decreases the abundance of arbuscular mycorrhizal fungi. Soil Biol. Biochem. 38: 1583-1595.

Buyer, J.S. and L.E. Drinkwater. 1997. Comparison of substrate utilization assay and fatty acid analysis of soil microbial communities. J. Microbiol. Meth. 30:3-11.

Fries, M.R., G.D. Hopkins, P.L. McCarty, L.J. Forney, and J.M. Tiedje. 1997. Microbial succession during a field evaluation of phenol and toluene as the primary substrates for trichloroethene cometabolism. Appl. Environ. Microbiol. 63:1515-1522.

Frostegård, Å., A. Tunlid, and E. Bååth. 1993. Phospholipid fatty acid composition, biomass and activity of microbial communities from two soil types experimentally exposed to different heavy metals. Appl. Environ. Microbiol. 59: 3605-3617.

Hamel, C., K. Hanson, F. Selles, A.F. Cruz, R. Lemke, B. McConkey, and R. Zentner. 2006. Seasonal and long-term resource-related variations in soil microbial communities in wheat-based rotations of the Canadian prairie. Soil Biol. Biochem. 38:2104-2116.

Kieft, T.L., E. Wilch, K. O'connor, D.B. Ringelberg, and D.C. White. 1997. Survival and phospholipid fatty acid profiles of surface and subsurface bacteria in natural sediment microcosms. Appl. Environ. Microbiol. 63:1531-1542.

Kim E.S. and Y.H. Lee. 2011. Response of soil microbial communities to applications of green manures in paddy at an early rice growing stage. Korean J. Soil Sci. Fert. 44:221-227.

Kwon, J.S., J.S. Suh, H.Y. Weon, J.S. Shin. 1998. Evaluation of soil microflora in salt accumulated soils of plastic film house. Korean J. Soil Sci. Fert. 31:204-210.

Lee, Y.H. and S.K. Ha. 2011. Impacts of chemical properties on microbial population from upland soils in Gyeongnam Province. Korean J. Soil Sci. Fert. 44:242-247.

Lee, Y.S., J.H. Kang, K.J. Choi, S.T. Lee, E.S. Kim, W.D. Song, and Y.H. Lee. 2011. Response of soil microbial communities to different cultivation systems in controlled horticultural land. Korean J. Soil Sci. Fert. 44:118-126.

Macalady, J.L., M.E. Fuller, and K.M. Scow. 1998. Effects of metam sodium fumigation on soil microbial activity and community structure. J. Environ. Qual. 27:54-63.

NIAST (National institute of Agricultural Science and Technology), 2000. Methods of analysis of soil and plant, NIAST, Suwon, Korea.

NIAST. 2006. Annual report of the monitoring project on agro-environmental quality in 2005. NIAST, RDA, Suwon, Korea.

NIAST. 2010. Annual report of the monitoring project on agro-environmental quality in 2009. NIAST, RDA, Suwon, Korea.

Olsson, P.A., R. Francis, D.J. Read, and B. Söderström. 1998. Growth of arbuscular mycorrhizal mycelium in calcareous dune sand and its interaction with other soil micro-organisms as estimated by measurement of specific fatty acids. Plant Soil 201:9-16.

RDA (Rural development administration). 1983. Soil in Korea. RDA, Suwon, Korea.

SAS Institute. 2006. SAS Version 9.1.3. SAS Inst., Cary, NC.

Schutter, M.E. and R.P. Dick. 2000. Comparison of fatty acid methyl ester (FAME) methods for characterizing microbial communities. Soil Sci. Soc. Am. J. 64:1659-1668.

Suh, J.S. 1998. Soil microbiology. Korean J. Soil Sci. Fert. 31(S):76-89.

Zelles, L. 1997. Phospholipid fatty acid profiles in selected members of soil microbial communities. Chemosphere 35:275-294.