

บทคัดย่อ

ผลการศึกษาผลกระทบของสารอินทรีย์ที่ใส่ในระยะยาวที่มีต่อจุลินทรีย์ดินที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการไนตริฟิเคชันในดินพบว่าเมื่อทำการเก็บตัวอย่างดินในดินที่ไม่มีการใส่สารอินทรีย์ (กรรมวิธีทดลองควบคุม) ดินที่ใส่สารอินทรีย์ซากถั่วลิสง และใบมะขามร่วง เพื่อทดลองหาจำนวนประชากรแบคทีเรีย อาร์เคีย แอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย แอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคียในแปลงทดลองด้วยวิธี real-time polymerase chain reaction พบว่าจำนวนประชากรของแบคทีเรีย อาร์เคีย แอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย และแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคียในกรรมวิธีทดลองที่มีการใส่สารอินทรีย์ทั้งสองชนิด ได้แก่ ซากถั่วลิสง และใบมะขามร่วง มีจำนวนประชากรของจุลินทรีย์ดังกล่าวสูงกว่าในกรรมวิธีทดลองที่ไม่มีการใส่สารอินทรีย์ ทั้งนี้ผลการทดลองวิเคราะห์ความโครงสร้างชุมชนและหลากหลายทางชีวภาพของแบคทีเรียพบว่าในดินทั้งสามกรรมวิธีทดลองจะสามารถพบแบคทีเรียในสกุล *Bacillus* มากที่สุด รองลงมาคือแบคทีเรียในสกุล *Paenibacillus* โดยในกรรมวิธีทดลองที่มีการใส่สารอินทรีย์ใบมะขามและกรรมวิธีทดลองควบคุมยังสามารถพบแบคทีเรียในสกุล *Tumebacillus* และ *Herbaspirillum* ด้วย อย่างไรก็ตามพบแบคทีเรียในสกุล *Alicyclobacillus* เฉพาะในกรรมวิธีทดลองที่มีการใส่สารอินทรีย์ใบมะขามเพียงกรรมวิธีทดลองเดียว และพบแบคทีเรียในสกุล *Ochrobactrum* และ *Rhodococcus* เฉพาะในกรรมวิธีทดลองเท่านั้น นอกจากนี้พบว่าความหลากหลายทางชีวภาพของอาร์เคียในดินทั้ง 3 กรรมวิธีทดลองจะสามารถพบอาร์เคียในไฟลัม Crenarchaeota มากที่สุด รองลงมาคืออาร์เคียในไฟลัม Euryarcheota และ อาร์เคียในไฟลัม Parvarchaeota ตามลำดับ โดยกรรมวิธีทดลองที่มีการใส่สารอินทรีย์ใบมะขามร่วงจะสามารถพบอาร์เคียในไฟลัม Euryarcheota มากที่สุด และกรรมวิธีทดลองที่มีการใส่สารอินทรีย์ซากถั่วลิสงจะสามารถพบอาร์เคียในไฟลัม Crenarchaeota มากที่สุด เป็นที่น่าสนใจว่าโครงสร้างชุมชนของอาร์เคียในกรรมวิธีทดลองควบคุมมีความแตกต่างกับโครงสร้างชุมชนของอาร์เคียในกรรมวิธีทดลองที่มีการใส่สารอินทรีย์อย่างชัดเจน โดยผลการทดลองดังกล่าวชี้ให้เห็นว่าคุณภาพสารอินทรีย์ซึ่งได้แก่ องค์ประกอบทางเคมี ได้แก่ ไนโตรเจน คาร์บอน ลิกนิน และโพลีฟีนอล รวมทั้งสาร allelochemicals ที่ได้จากใบมะขาม และคุณสมบัติทางกายภาพของสารอินทรีย์สามารถส่งผลทำให้จำนวนประชากรของจุลินทรีย์ดินในดินที่เกี่ยวข้องกับการหมุนเวียนธาตุอาหารพืชไนโตรเจนแตกต่างกันได้ ทั้งนี้ยังรวมถึงโครงสร้างชุมชนและความหลากหลายทางชีวภาพของจุลินทรีย์ดินด้วย

Abstract

The project “Effects of long-term application of organic amendments on soil microorganisms mediating ecosystem functioning for nitrification to enhance N fertility of soil” appeared that higher bacterial, archaeal, ammonia oxidizing bacterial and Ammonia oxidizing archaeal population were found in soil treated with organic residues (groundnut stover and tamarind) when compared to control (soil without organic residue application) by real-time polymerase chain reaction. In all three gene libraries, the majority of sequences were affiliated with the firmicutes which was predominantly represented by sequences of *Bacillus* sp. and *Paenibacillus* sp. (all treatment). Several sequences were affiliated with firmicute (*Tumebacillus* sp.) and beta-proteobacteria (*Herbaspirillum* sp.) with large proportions in control and tamarind treatment. The other majority of isolates obtained from tamarind treatment belonged to the firmicutes *Alicyclobacillus* sp., In the control treatment, several sequences were, in contrast to the others, assigned as alpha-proteobacteria, *Ochrobacterium tritici* and *Ochrobactrum anthropi* with the high G-C gram-positive bacteria *Rhodococcus gingshengii*. The finding of archaeal biodiversity showed that dominant archaeal phylum of Euryarcheota was found in soil treated with tamarind. Crenarchaeota was found to be dominant archaeal family in soil treated with groundnut strover. Different archaeal community structures in control was observed when compared with archaeal community structures in soil treated with organic residues. The findings appeared that different quality of organic residues such as nitrogen content, carbon contents, lignin contents, polyphenol contents including allelochemicals from tamarind and physical properties of organic residues can alter bacterial and archaeal population and biodiversity.