

Research Article



CrossMark

Open Access

유기농 옥수수밭에서 경운이 토양 유기물 함량 및 미생물군집에 미치는 영향

안달래¹, 안난희², 김다혜¹, 한병학¹, 유재홍¹, 박인철¹, 안재형^{1*}

¹농촌진흥청 국립농업과학원 농업미생물과, ²농촌진흥청 국립농업과학원 유기농업과

Effects of Tillage on Organic Matters and Microbial Communities in Organically Cultivated Corn Field Soils

Dalrae Ahn¹, Nan-Hee An², Da-Hye Kim¹, Byeong-Hak Han¹, Jaehong You¹, InCheol Park¹ and Jae-Hyung Ahn^{1*}
(¹Agricultural Microbiology Division, National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, ²Organic Agriculture Division, National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration)

Received: 10 January 2020/ Revised: 15 March 2020/ Accepted: 23 March 2020

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

Dalrae Ahn
<https://orcid.org/0000-0001-7489-8325>

Da-Hye Kim
<https://orcid.org/0000-0002-8194-979X>

Jaehong You
<https://orcid.org/0000-0003-3723-8613>

Jae-Hyung Ahn
<https://orcid.org/0000-0002-7250-4959>

Nan-Hee An
<https://orcid.org/0000-0002-4245-8402>

Byeong-Hak Han
<https://orcid.org/0000-0002-9031-2168>

InCheol Park
<https://orcid.org/0000-0002-6243-2103>

Abstract

BACKGROUND: Soil carbon sequestration has been investigated for a long time because of its potential to mitigate the greenhouse effect. No- or reduced tillage, crop rotations, or cover crops have been investigated and practiced to sequester carbon in soils but the roles of soil biota, particularly microorganisms, have been mostly ignored although they affect the amount and stability of soil organic matters.

METHODS AND RESULTS: In this study we analyzed the organic matter and microbial community in organically cultivated corn field soils where no-tillage (NT) or

conventional tillage (CT) had been practiced for about three years. The amounts of organic matter and recalcitrant carbon pool were 18.3 g/kg dry soil and 4.1 g C/kg dry soil, respectively in NT soils, while they were 12.4 and 2.5, respectively in CT soils. The amounts of RNA and DNA, and the copy numbers of bacterial 16S rRNA genes and fungal ITS sequences were higher in NT soils than in CT soils. No-tillage treatment increased the diversities of soil bacterial and fungal communities and clearly shifted the bacterial and fungal community structures. In NT soils the relative abundances of bacterial phyla known as copiotrophs, *Betaproteobacteria* and *Bacteroidetes*, increased while those known as oligotrophs, *Acidobacteria* and *Verrucomicrobia*, decreased compared to CT soils. The relative abundance of a fungal phylum, *Glomeromycota*, whose members are known as arbuscular mycorrhizal fungi, was about two time higher

*Corresponding author: Jae-Hyung Ahn
Phone: +82-63-238-3045; Fax: +82-63-238-3845;
E-mail: hyungz@korea.kr

in NT soils than in CT soils, suggesting that the higher amount of organic matter in NT soils is related to its abundance.

CONCLUSION: This study shows that no-tillage treatment greatly affects soil microbial abundance and community structure, which may affect the amount and stability of soil organic matter.

Key words: Microorganism, Organic matter, Soil, Tillage

서 론

대기 중 이산화탄소 농도 증가의 2/3는 화석연료의 연소로 발생하지만 1/3은 산림 파괴나 작물 재배 등에 의한 토양유기탄소의 손실 때문으로 알려져 있다[1]. 토양 탄소의 62%가 유기탄소이고[2], 인류의 활동으로 60~75%의 토양유기탄소가 이산화탄소로 분해되어 대기로 방출된 것으로 추정한다[1].

토양탄소격리(Soil carbon sequestration)는 식물의 광합성에 의해 고정된 이산화탄소를 분해되기 어려운 안정한 형태의 유기탄소로 토양에 저장하는 것이다[3]. 제21차 기후변화협약 당사국총회(COP21)에서는 세계 토양의 30~40 cm 깊이의 탄소 함량을 매년 0.4%씩 증가시킬 것을 권장하는 "4 per 1000" 계획을 발의했다(<http://4p1000.org>). 범위를 농경지로 한정하고 깊이를 1 m까지 확장한 최근의 연구결과에 따르면 가능한 토양탄소격리량은 2~3 Gt C/yr에 해당하고 이는 인간에 의한 온실가스 배출량의 20~35%에 해당한다[4]. 또한 토양유기탄소의 증가는 토양의 수분 및 양분 보유량 증대, 토양 구조 개선, 생물다양성 증가, 토양침식 억제, 오염물질 유출 억제 등의 효과를 가진다[1]. 토양탄소격리 증가 방법으로 무경운을 포함한 보전경운, 유기농법, 피복작물 재배 및 윤작, 거름과 퇴비를 이용한 양분 관리, 적절한 물관리[3, 5] 등이 알려져 있다.

최근 토양유기탄소 보존에서 토양미생물의 역할도 주목받고 있다[6, 7]. Six 등[5]은 무경운 및 윤작 등에 의한 토양유기탄소의 증가가 균류가 세균에 비해 우점하기 때문이며 이는 (1) 단위 질소당 탄소의 비율이 균류가 세균에 비해 높고, (2) 균류의 세포벽 구성물질이 세균에 비해 분해 속도가 느리며, (3) 균류의 균사와 글로말린 등 균류가 생산하는 물질이 토양 입단의 안정화를 촉진하기 때문이라고 설명하였다. 특히 수지상균근균(arbuscular mycorrhizal fungi)은 토양 입단의 안정화 및 토양탄소격리에서 중요한 역할을 하며[8], 외생균근균(Ectomycorrhizal fungi) 및 진달래균근균(Ericoid mycorrhizal fungi)은 토양 질소를 흡수하여 토양 미생물의 질소 이용률을 낮추고 이를 통해 토양유기물의 분해속도를 낮추는 역할을 한다고 보고되었다[9]. 집약적 농업 일수록 균류:세균의 비율은 감소하며[10, 11], 토양에 살진균제 투입 시 수지상균근균의 밀도 및 토양 입단의 안정성이 감소하는 것으로 나타났다[12]. 이는 현대 농업이 토양미생물에

영향을 줄 뿐 아니라 토양유기탄소의 양도 감소시키고 있음을 암시한다.

지구온난화에 대한 우려가 증대되면서 저탄소 농산물 생산농법으로 주목 받고 있는 무경운 농법은 토양의 물리적 특성과 탄소저장량을 향상시키며 토양 미생물 다양성과 생체량을 증대시키는 것으로 보고되었다[13, 14]. 본 연구에서는 경운 및 무경운 처리를 3년 동안 시행한 유기농 옥수수밭에서 토양유기물 및 토양미생물의 군집구조를 조사하였으며, 이를 통해 토양유기물 함량에 영향을 미치는 미생물을 구명하고 향후 토양탄소함량을 높일 수 있는 토양미생물 관리방안을 제시하고자 하였다.

재료 및 방법

시료 채취

본 연구는 2015년에 조성된 전라북도 완주군 이서면 국립농업과학원 내 유기농 옥수수재배 밭 시험포장에서 수행되었다. 본 시험은 2016년부터 경운과 무경운 처리를 매년 동일하게 실시하였으며, 7×14 m의 시험구를 난괴법으로 3반복 배치하였다. 매년 10월 20일에 헤어리베치를 9 kg/10 a 수준으로 파종하였으며, 녹비 처리는 이듬해 5월 중순에 경운구는 예취 후 전량 시험구에 고르게 펼친 후 경운 처리하고, 무경운 처리는 예취 후 전량 토양에 피복하였다. 시험작물 옥수수(찰옥 4호)는 5월 30일, 70×30 cm로 정식하였으며 8월 14일 수확하였다. 분석용 토양 시료는 2018년 10월 15일에 토양 약 10 cm 깊이에서 각 시험구 당 4개씩 채취 후 혼합하였다. 채취 후 30분 이내에 실험실로 이송하였고, 2 mm의 실험용 체로 걸러 암석 조각을 제거하였다. 채취된 시료는 4℃의 냉장고에 보존하면서 실험에 사용하였다.

토양 화학성 분석

토양시료의 화학성분 분석은 농촌진흥청 종합검정실 분석 매뉴얼[15]을 적용하였다. 토양 유기물 중 불안정한 성분(Labile phase, LP)과 안정한 성분(Recalcitrant pool, RP)의 분석은 Rovira와 Vallejo[16]의 방법을 이용하였다.

토양 RNA 및 DNA 추출 및 정량

토양 RNA 및 DNA 추출은 RNeasy PowerSoil Total RNA Kit 및 RNeasy PowerSoil DNA Elution Kit (Qiagen, Hilden, Germany)을 이용하였다. 추출된 RNA는 RQ1 RNase-Free DNase (Promega, Madison, USA)를 처리하여 남아있는 DNA를 제거하였다. RNA 및 DNA의 정량은 Qubit RNA Assay Kits 및 Qubit dsDNA BR Assay Kits (Thermo Fisher Scientific, Waltham, USA)를 이용하였다.

토양 세균 및 균류의 생균수 분석

잘 혼합한 토양 10 g을 멸균한 0.85% NaCl 95 mL에 가한 후, 고속진탕기를 이용하여 30분간 진탕하였다. 진탕된 시료를 0.85% NaCl 9 ml에 10진 희석법을 통하여 단계희석하

고, 세균은 cychloheximide (200 mg/L)가 포함된 R2A agar 배지, 균류는 chloramphenicol (200 mg/L)이 포함된 malt extract agar 배지에 도말하여 28°C에서 세균은 4일, 균류는 3일 배양 후 형성된 콜로니를 계수하였다.

qPCR을 이용한 토양 세균 및 균류의 풍부도 분석

토양 세균 및 균류의 풍부도는 위에서 추출한 DNA와 세균의 16S rRNA 유전자 및 균류의 ITS 염기서열에 특이적인 프라이머를 이용하여 정량 PCR(qPCR) 방법을 이용하여 수행하였다. 반응혼합물(20 µL)은 1×iQ SYBR green Supermix (Bio-Rad, Hercules, USA), 정방향 및 역방향 프라이머 400 nM, bovine serum albumin 1 mg/mL와 1/100로 희석된 DNA 1 µL로 구성하였으며, qPCR은 CFX96 Real-Time PCR 시스템(Bio-Rad, Hercules, USA)을 이용하여 수행하였다. 세균의 정량은 338f[17]/V3-541R[18] 프라이머를 사용하였으며 다음과 같은 온도 프로그램을 사용하였다. 초기 denaturation (95°C, 3분) 후, denaturation (95°C, 15초), annealing (58°C, 30초), extension (72°C, 30초), plate reading (80°C, 10초)을 40회 반복하였다. 균류의 정량은 ITS1f/5.8s 프라이머[19]를 사용하였으며, 다음과 같은 온도 프로그램을 사용하였다. 초기 denaturation (95°C, 3분) 후, denaturation (95°C, 1분), annealing (53°C, 30초), extension (72°C, 1분) 및 plate reading을 40회 반복하였다. 정량표준곡선은 세균은 *Bacillus amyloliquefaciens* KACC 17177의 16S rRNA 유전자, 진균은 *Fusarium graminearum* KACC 41040의 ITS 염기서열을 포함하는 plasmid를 이용하여 조제하였다.

토양 세균 및 균류의 군집구조 분석

위에서 추출한 DNA를 이용하여 세균군집은 Bakt_341F/Bakt_805R 프라이머[20]를, 균류군집은 ITS3/ITS4 프라이머[21]를 이용하여 PCR 증폭 후 illumina MiSeq sequencer[22]를 이용하여 (주)마크로젠에 의뢰하여 분석하였다. 얻어진 염기서열들은 UPARSE[23]를 이용하여 품질 평가 후 최소 염기서열 수로 시료들을 표준화하고 97% 유사도 기준으로 OTU

(Operational Taxonomic Unit)로 분류하였다. 각 염기서열들의 계통분류, 알파다양성 분석, 주성분분석은 Mothur 프로그램[24]을 이용하였으며 계통분류 시 세균은 RDP database[25], 균류는 UNITE database[26]를 이용하였다.

통계 분석

모든 실험 결과는 평균±표준편차로 나타내었으며, SPSS 프로그램 25버전을 이용하여 t-test로 분석하였고, *p*값이 0.05 이하일 때만 통계적 유의성이 있는 것으로 판단하였다.

결과 및 고찰

토양 화학성 분석

무경운 토양과 경운 토양의 일반화학성 분석결과를 Table 1에 나타내었다. 토양 pH는 무경운에서 6.5±0.2, 경운에서 5.9±0.1, 유기물 함량은 무경운에서 18.3±1.6 g/kg dry soil, 경운에서 12.4±0.9 g/kg dry soil로 무경운이 경운에 비해 토양 pH가 더 중성에 가깝게 유지되며 유기물 함량도 높은 것으로 나타났다. 이전 연구에서 무경운 처리 시 경운 처리에 비해 토양 공극률의 증가가 관찰되었으며[27, 28], 이에 따라 호기적 조건이 보다 우세해짐으로써 경운 처리구보다 높은 pH를 유지한 것으로 생각된다. 또한 유기물 함량의 경우 경운에 의한 토양입단 파괴로 입단 내 유기물 분해가 촉진되기 때문으로 생각된다[29]. 한편 불안정한 토양유기물(LP I, LP II)의 경우 두 처리간 유의한 차이가 없었으나 안정한 탄소의 양(RP)은 무경운이 4.1±0.6 g C/kg dry soil, 경운이 2.5±0.3 g C/kg dry soil로 나타나 경운에 비해 무경운에서 66% 증가하였다(Fig. 1). Rovira와 Vallejo[16]는 LP I은 셀룰로스를 제외한 다당류, 즉 전분, 헤미셀룰로스, 가용성 당 등으로 구성되며, LP II는 셀룰로스만으로 구성된다고 하였다. 반면 RP는 리그닌 및 지방질의 고분자(지방, 왁스, 수지, 수베린 등) 등 생분해가 어려운 물질로 구성된다고 하였다. 이는 무경운 처리에서 경운 처리에 비해 토양에 생분해가 어려운 유기물이 증가하였음을 나타낸다. 무경운 및 보전경운 처리 시 토양표면에서 안정한 탄소의 양이 경운 처리에 비해 증가하

Table 1. Characterization of the soils from different tillage treatments^{a),b)}

	No tillage	Tillage
pH (1:5)	6.5±0.2 ^a	5.9±0.1 ^b
Water (%)	13.9±0.6	13.4±0.8
Organic matter (g/kg dry soil)	18.3±1.6 ^a	12.4±0.9 ^b
Total nitrogen (g/kg dry soil)	0.41±0.04	0.41±0.07
Available P ₂ O ₅ (mg/kg dry soil)	29.4±3.5	33.1±4.8
Exchangeable K (cmol _c /kg dry soil)	0.61±0.06	0.63±0.01
Exchangeable Ca (cmol _c /kg dry soil)	6.74±0.33	6.29±0.85
Exchangeable Mg (cmol _c /kg dry soil)	1.95±0.12	2.03±0.15

a) The averages of three replicate plots are presented with standard deviations.

b) Different lower cases indicate a significant differences between the two treatments (*p*<0.05).

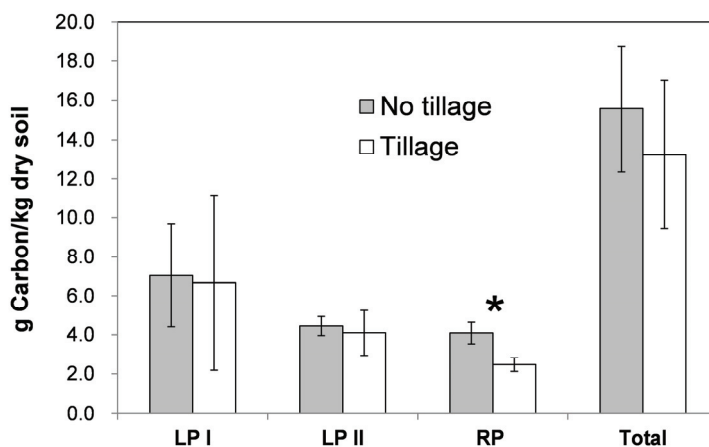


Fig. 1. Labile and recalcitrant pools of carbon in the soils. LP I: Labile Pool I; LP II: Labile Pool II; RP: Recalcitrant Pool. The averages of three replicate plots are presented with standard deviations. An asterisk indicates a significant difference between the two treatments ($p < 0.05$).

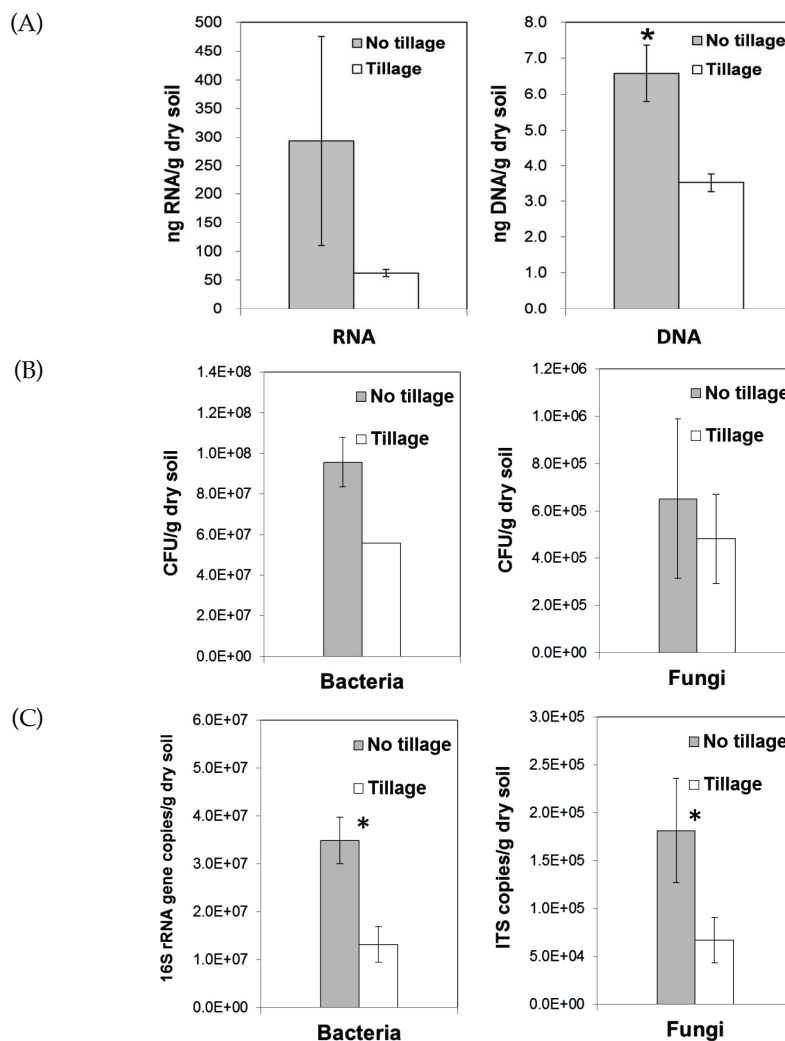


Fig. 2. The microbial abundances in the soils. (A) amounts of RNA and DNA; (B) viable counts of bacteria and fungi; (C) copy numbers of bacterial 16S rRNA genes and fungal ITS sequences. The averages of three replicate plots are presented with standard deviations. An asterisk indicates a significant difference between the two treatments ($p < 0.05$).

는 현상은 많은 연구에서 관찰되었다[30-33]. 이는 경운 처리 시 토양 혼합에 의한 유기물의 희석 효과 때문으로 설명할 수도 있지만[33], 무경운 및 보전 경운에서 유기탄소의 안정화에 기여하는 수지상균근균 등의 증가 때문으로 설명할 수도 있다[34-36].

토양 RNA 및 DNA 양

토양에서 추출한 RNA의 양은 무경운에서 293.0 ± 182.8 ng/g dry soil, 경운에서 61.6 ± 6.1 ng/g dry soil, DNA의 양은 무경운에서 6.6 ± 0.8 ng/dry soil, 경운에서 3.5 ± 0.3 ng/dry soil이었으며, DNA의 경우 두 처리간 유의한 차이를 나타내었다(Fig. 2A). 이는 무경운이 경운에 비해 토양미생물의 활성 및 밀도가 증가했음을 나타낸다.

토양 세균 및 균류의 풍부도

토양 세균과 균류의 풍부도를 배양방법으로 분석했을 때 무

경운과 경운에서 세균의 생균수는 각각 $(9.6 \pm 1.2) \times 10^7$, 5.6×10^7 cfu/g dry soil, 균류의 생균수는 $(6.5 \pm 3.3) \times 10^5$, $(4.8 \pm 1.9) \times 10^5$ cfu/g dry soil로 나타났으며(Fig. 2B), 두 처리간 유의한 차이는 나타나지 않았다. 반면 qPCR을 이용한 비배양방법으로 세균과 균류의 밀도를 조사한 결과 경운에 비해 무경운에서 세균과 균류의 밀도가 모두 2.7배 증가한 것으로 나타났다(Fig. 2C). 배양방법으로 조사한 생균수가 대부분의 토양 미생물을 포함하지 못함을 고려할 때[37], 비배양방법으로 조사한 결과의 신빙성이 더 높을 것으로 생각되며 따라서 무경운 처리가 경운 처리에 비해 세균과 균류의 풍부도를 증가시켰다고 판단할 수 있다. 무경운 및 보전경운이 경운에 비해 균류의 풍부도를 증가시켰음은 이전 연구에서도 보고되었다[10, 38]. Six 등[5]은 그 이유를 무경운 처리가 경운 처리에 비해 균사의 훼손이 적고 토양 수분량이 높으며 원거리에서 양분의 공급이 가능한 균류의 성장에 유리하기 때문으로 추정하였다. 그러나 세균의 경우 그 결과는 일관적이지 않다[39, 40].

Table 2. Diversity indices of bacterial and fungal communities in the soils^{a),b)}

	Bacteria		Fungi	
	No tillage	Tillage	No tillage	Tillage
No. of reads ^{c)}	25,252	25,252	56,649	56,649
No. of OTUs	$1,956 \pm 28^a$	$1,617 \pm 97^b$	443 ± 48	354 ± 30
Good's Coverage	0.98 ± 0.00	0.99 ± 0.00	1.00 ± 0.00	1.00 ± 0.00
Chao richness estimate	$2,227 \pm 9^a$	$1,804 \pm 149^b$	458 ± 55	360 ± 32
ACE richness estimate	$2,245 \pm 8^a$	$1,844 \pm 140^b$	453 ± 52	361 ± 32
Shannon diversity index	6.47 ± 0.04^a	6.09 ± 0.08^b	4.28 ± 0.66	4.07 ± 0.13
Inverse Simpson index	237 ± 14^a	139 ± 5^b	21.5 ± 16.1	12.6 ± 1.39

a) The averages of three replicate plots are presented with standard deviations.

b) Different lower cases indicate a significant differences between the two treatments ($p < 0.05$).

c) The number of reads for each plot, which was normalized to the lowest number of reads among the six plots.

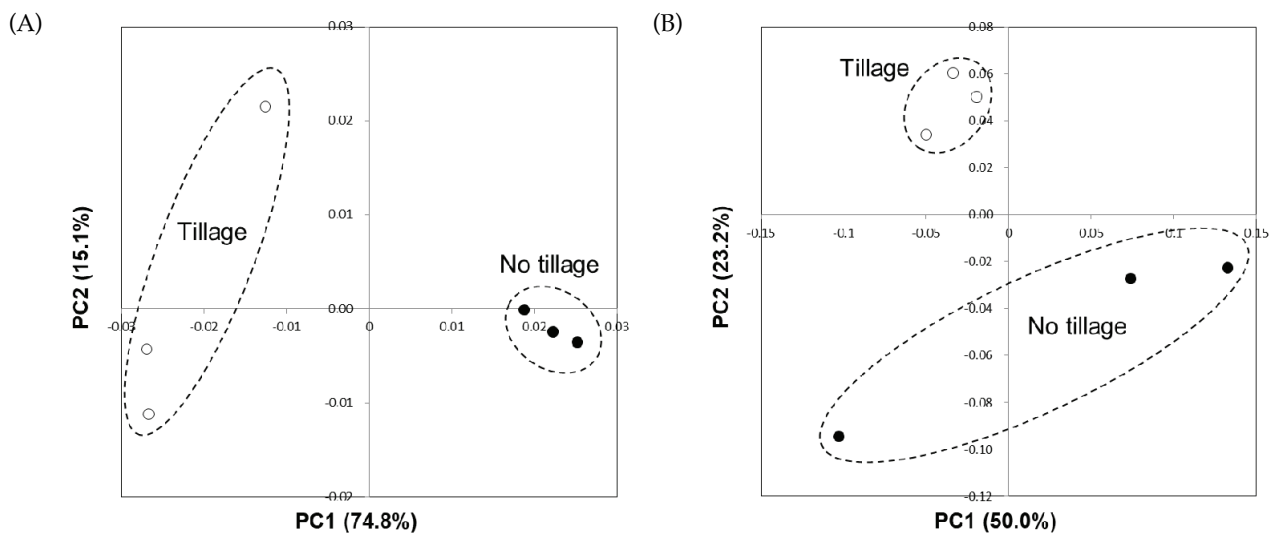


Fig. 3. Principal component analysis (PCA) of the (A) bacterial and (B) fungal reads in the soils. Filled symbols, no tillage treatment; closed symbols, tillage treatment. Each symbol indicates each replicate plot in the treatment.

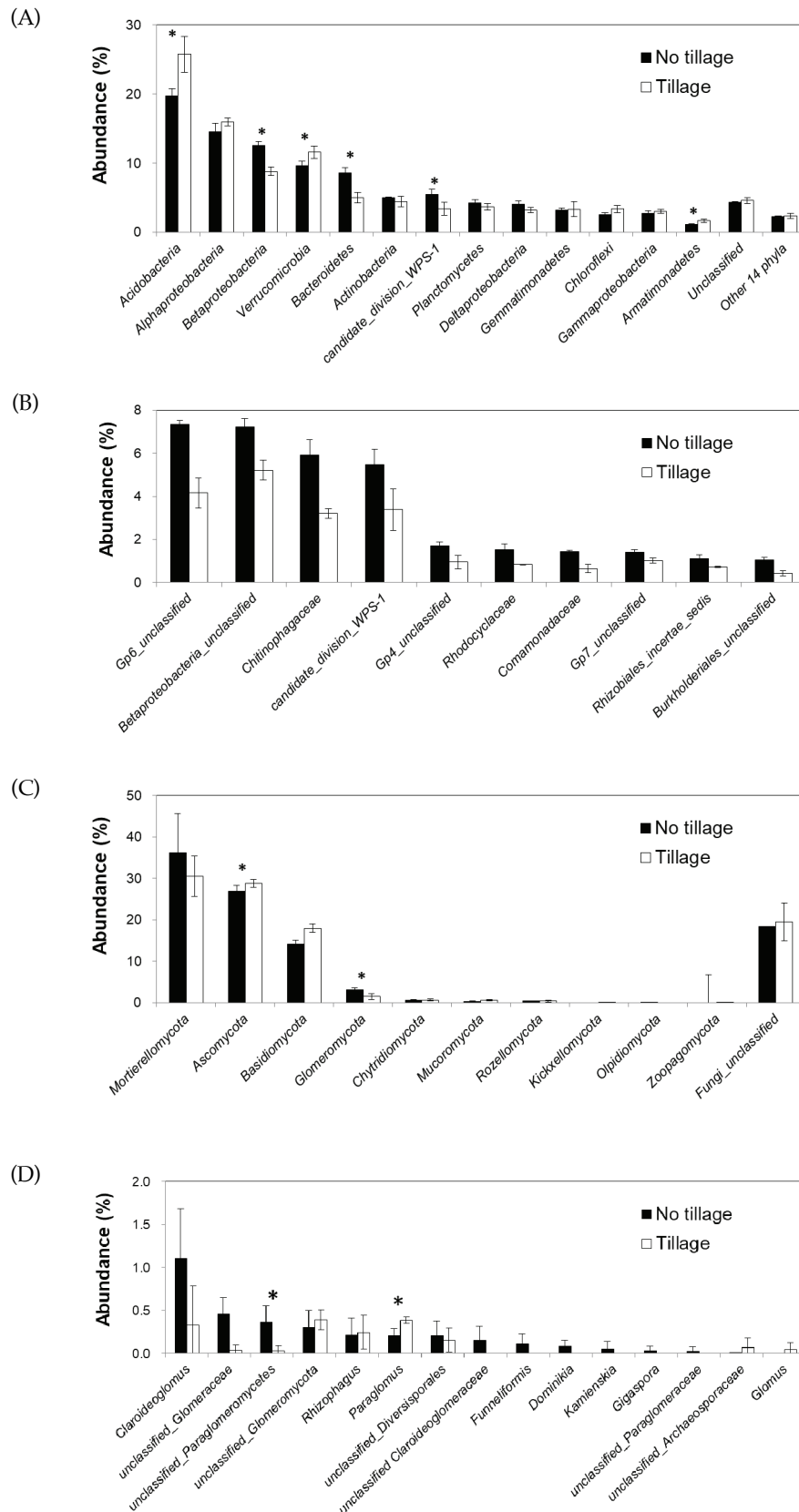


Fig. 4. Relative abundances of (A) bacterial phyla, (B) bacterial families which are significantly more abundant ($p < 0.05$) in no-tillage treatment than in tillage treatment, (C) fungal phyla, and (D) fungal genera belonging to the phylum *Glomeromycota*. Asterisks indicate significant differences between the two treatments ($p < 0.05$).

본 연구에서는 무경운에서 세균과 균류의 풍부도가 모두 증가했는데 그 한가지 이유는 토양유기물 함량이 무경운 토양에서 높았기 때문으로 생각된다.

토양미생물 군집구조

무경운과 경운 처리 시 토양 세균 및 균류의 종풍부도지수 및 다양성지수를 Table 2에 나타내었다. 세균과 균류 모두 경운에 비해 무경운에서 종풍부도(OTU수, Chao 및 ACE 종풍부도지수)와 종다양성(Shannon 및 Inverse Simpson 종다양성지수)이 증가하였으며 세균의 경우 두 처리간 유의한 차이가 있는 것으로 나타났다. 이는 경운에 비해 무경운에서 보다 다양한 미생물이 보다 균등한 비율로 서식하고 있음을 의미한다. 이전 연구에서 경운에 비해 무경운에서 미생물군집의 기질 이용 다양성이 증가하고[40], 세균의 종다양성이 증가하는 것[41]이 관찰되었다. Lupwayi 등[40]은 무경운에 비해 경운에서 토양미생물의 다양성이 감소하는 이유로서 교란에 의한 균사 등의 물리적인 파괴와 토양 혼합에 의한 토양 내 기질 분포 및 미세환경의 균일화에 기인할 것으로 추정하였다.

무경운과 경운 토양에서 미생물 군집구조에 대한 주성분 분석을 수행했을 때 세균 군집은 PC1 상에서 뚜렷이 구분된 반면 균류는 PC2 상에서 구분되어 경운 처리 방식이 세균과 균류의 군집구조에 큰 영향을 미쳤음이 나타났다(Fig. 3A와 B). 토양미생물의 기질이용 패턴[40] 및 군집구조[41]가 무경운과 경운에서 뚜렷이 달라진다는 것은 이전 연구에서도 나타났다. 세균의 경우 경운에 비해 무경운에서 처리간 군집구조의 차이가 적었으며(Fig. 3A), 균류의 경우 반대의 경향을 나타내었다(Fig. 3B). 경운에 의한 토양 혼합으로 보다 균일한 환경이 형성되었을 것으로 예상되지만 세균의 경우에는 반대의 경향이 나타났는데 그 이유는 분명치 않다.

무경운과 경운에서 세균 문(phylum) 풍부도를 분석한 결과, *Betaproteobacteria*와 *Bacteroidetes*, WPS-2 문의 비율은 무경운 토양에서 높았던 반면, *Acidobacteria*, *Verrucomicrobia*, *Amatimonadetes* 문의 비율은 경운 토양에서 높았다(Fig. 4A). Fierer 등[42]은 기질의 분해속도가 빠른 토양에서는 *Betaproteobacteria*와 *Bacteroidetes* 문의 풍부도가 높고 느린 토양에서는 *Acidobacteria* 문의 풍부도가 높으며, 그 이유는 *Betaproteobacteria*와 *Bacteroidetes* 문에 속하는 많은 세균이 분해되기 쉬운 유기물이 풍부한 곳에 서식하는 과영양성(copiotrophic)이고 *Acidobacteria* 문에 속하는 세균의 경우 먹이가 부족한 곳에서 분해되기 어려운 고분자를 이용하는 빈영양성(oligotrophic)이기 때문으로 설명하였다. *Verrucomicrobia* 문 역시 일반적으로 유기물이 풍부하지 않은 곳에서 번성하는 빈영양성 세균으로 보고되었다[43]. 본 연구에서는 분해되기 쉬운 유기물의 경우 무경운과 경운 간 차이가 없었으며 분해되기 어려운 유기물의 경우 무경운에서 높았다는 점(Fig. 1)을 고려할 때, 이전 연구 결과와는 상반된다. 이 현상에 대한 추가 연구가 필요할 것으로 생각된다.

Fig. 4B는 무경운 토양의 세균군집에서 1% 이상을 점유하는

과(family) 중 경운 토양보다 그 풍부도가 유의하게 높은 과를 나타내었다. 이 중 *Bacteroidetes* 문에 속하는 *Chitinophagaceae* 가 무경운에서는 5.9±0.7%, 경운에서는 3.2±0.2%로 나타났는데 이 그룹에 속하는 많은 세균 종이 균류의 세포벽과 절지동물의 외골격을 이루는 키틴을 가수분해한다[44]. 이는 무경운에서 경운에 비해 균류의 밀도가 높다는 점(Fig. 2C)과 관련이 있을 것으로 생각된다.

Fig. 4(C)에 무경운과 경운에서 균류의 문 풍부도를 나타내었다. 무경운에서 *Glomeromycota* 문에 속하는 균류의 비율이 3.2±1.1%인 반면 경운에서는 1.5±0.7%로 나타나 무경운에서 2.1배 높았다. *Glomeromycota* 문은 지구상의 모든 수지상균근균을 포함한다[45]. 이는 경운에 비해 무경운에서 수지상균근균의 풍부도가 증가한다는 이전 결과와 일치한다[36, 38, 46, 47]. Kabir 등[47]은 수지상균근균이 다른 토양곰팡이에 비해 토양 교란에 더 민감한 이유로서 이들이 대부분 기생균이기 때문에 교란에 의해 식물 뿌리에서 분리될 경우 성장하기 어렵기 때문으로 추정하였다. Fig. 4(D)에는 *Glomeromycota* 문의 속 풍부도를 나타내었다. 무경운에서는 *Clarodelglomus* 속이 우점하고 있었으며 유의한 차이는 없었지만 무경운에서 경운에 비해 높은 것으로 나타났다. 그 외에도 미분류된 *Glomeraceae*과와 *Paraglomeromycetes*강에 속하는 수지상균근균의 비율이 무경운에서 높았으며 미분류된 *Clarodeoglomeraceae* 과, *Funneliformis*, *Dominikia*, *Kamienskia*, *Gigaspora* 속 등이 무경운에서만 나타나 경운 처리가 수지상균근균의 종다양성을 감소시켰음이 나타났다.

맺음말

본 연구에서는 경운방식에 따른 토양유기물 함량 및 미생물 군집의 변화를 관찰하였다. 유기농 옥수수밭에서 약 3년간 무경운과 경운 처리를 적용한 결과, 토양유기물 함량 및 분해되기 어려운 유기물 함량, 토양 미생물의 풍부도 및 다양성은 경운에 비해 무경운에서 증가했으며 경운 방식이 토양 미생물군집에 큰 영향을 미치는 것으로 나타났다. 특히 토양탄소격리에 영향을 미치는 수지상균근균의 비율이 무경운에서 증가하는 것이 관찰되었다. Morriën 등[48]은 폐농경지의 자연적 복원과정에서 토양생물의 먹이그물이 촘촘해지고 토양곰팡이의 군집구조 및 활성이 변화하면서 탄소이용 효율이 증가한다고 보고하였다. 따라서 본 연구에서 나타난 무경운 처리에 따른 토양미생물의 풍부도 및 다양성 증가와 균류 군집구조의 변화가 토양탄소격리와 상관성이 있을 것으로 추정되며 향후 토양미생물에 의한 토양탄소격리 기작을 구명하고 그 활성을 높이기 위한 연구가 진행되어야 할 것으로 생각된다.

Note

The authors declare no conflict of interest

Acknowledgement

This work was supported by the National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Republic of Korea [project no. PJ01359603].

References

- Lal R (2004) Soil carbon sequestration impacts on global climate change and food security. *Science*, 304, 1623-1627.
- Ontl TA (2012) Soil carbon storage. *Nature Education Knowledge*, 3, 35.
- Lal R (2004) Soil carbon sequestration to mitigate climate change. *Geoderma*, 123, 1-22.
- Minasny B, Malone BP, McBratney AB, Angers DA, Arrouays D, Chambers A, Chaplot V, Chen ZS, Cheng K et al. (2017) Soil carbon 4 per mille. *Geoderma*, 292, 59-86.
- Six J, Frey SD, Thiet RK, Batten KM (2006) Bacterial and fungal contributions to carbon sequestration in agroecosystems. *Soil Science Society of America Journal*, 70, 555-569.
- Clemmensen KE, Bahr A, Ovaskainen O, Dahlberg A, Ekblad A, Wallander H, Stenlid J, Finlay RD, Wardle DA et al. (2013) Roots and associated fungi drive long-term carbon sequestration in boreal forest. *Science*, 339, 1615-1618.
- Sokol NW, Bradford MA (2019) Microbial formation of stable soil carbon is more efficient from belowground than aboveground input. *Nature Geoscience*, 12, 46-53.
- Bedini S, Pellegrino E, Avio L, Pellegrini S, Bazzoffi P, Argese E, Giovannetti M (2009) Changes in soil aggregation and glomalin-related soil protein content as affected by the arbuscular mycorrhizal fungal species *Glomus mosseae* and *Glomus intraradices*. *Soil Biology and Biochemistry*, 41, 1491-1496.
- Averill C, Turner BL, Finzi AC (2014) Mycorrhiza-mediated competition between plants and decomposers drives soil carbon storage. *Nature*, 505, 543-545.
- Frey SD, Elliott ET, Paustian K (1999) Bacterial and fungal abundance and biomass in conventional and no-tillage agroecosystems along two climatic gradients. *Soil Biology and Biochemistry*, 31, 573-585.
- Bailey VL, Smith JL, Bolton H (2002) Fungal-to-bacterial ratios in soils investigated for enhanced C sequestration. *Soil Biology and Biochemistry*, 34, 997-1007.
- Wilson G, Rice WT, Rillig CW, Springer MC, Hartnett DC (2009) Soil aggregation and carbon sequestration are tightly correlated with the abundance of arbuscular mycorrhizal fungi: results from long-term field experiments. *Ecology Letters*, 12, 452-461.
- Halvorson AD, Wienhold BJ, Black AL (2002) Tillage, nitrogen, and cropping system effects on soil carbon sequestration. *Soil Science Society of America Journal*, 66, 906-912.
- Zuber SM, Villamil MB (2016) Meta-analysis approach to assess effect of tillage on microbial biomass and enzyme activities. *Soil Biology and Biochemistry*, 97, 176-187.
- RDA (2017) Analysis manual for comprehensive assay. Rural Development Administration, Jeonju, Republic of Korea.
- Rovira P, Vallejo VR (2002) Labile and recalcitrant pools of carbon and nitrogen in organic matter decomposing at different depths in soil: an acid hydrolysis approach. *Geoderma*, 107, 109-141.
- Muyzer G, De Waal EC, Uitterlinden AG (1993) Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA. *Applied and Environmental Microbiology*, 59, 695-700.
- Chun J, Kim K, Lee JH, Choi Y (2010) The analysis of oral microbial communities of wild-type and toll-like receptor 2-deficient mice using a 454 GS FLX Titanium pyrosequencer. *BMC Microbiology*, 10, 101.
- Fierer N, Jackson JA, Vilgalys R, Jackson RB (2005) Assessment of soil microbial community structure by use of taxon-specific quantitative PCR assays. *Applied and Environmental Microbiology*, 71, 4117-4120.
- Herlemann DPR, Labrenz M, Jürgens K, Bertilsson S, Waniek JJ, Andersson A F (2011) Transitions in bacterial communities along the 2000 km salinity gradient of the Baltic Sea. *The ISME Journal*, 5, 1571.
- White T, Bruns T, Lee S, Taylor J (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics, in: Innis MA, Gelfand DH, Sninski JJ, White TJ (eds.), *PCR-protocols a guide to methods and applications*. pp. 315-322, Academic press, San Diego.
- Illumina (2013) 16S metagenomic sequencing library preparation protocol: preparing 16S ribosomal RNA gene amplicons for the Illumina MiSeq system. Part no. 15044223 Rev B. Illumina, San Diego, CA.
- Edgar RC (2013) UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads. *Nature Methods*, 10, 996-998.

24. Schloss PD, Westcott SL, Ryabin T, Hall JR, Hartmann M, Hollister EB, Lesniewski RA, Oakley BB, Parks DH et al. (2009) Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities. *Applied and Environmental Microbiology*, 75, 7537-7541.
25. Cole JR, Wang Q, Cardenas E, Fish J, Chai B, Farris RJ, Kulam-Syed-Mohideen AS, McGarrell DM, Marsh T et al. (2009) The Ribosomal Database Project: improved alignments and new tools for rRNA analysis. *Nucleic Acids Research*, 37, D141-D145.
26. Kõljalg U, Nilsson RH, Abarenkov K, Tedersoo L, Taylor AFS, Bahram M, Bates ST, Bruns TD, Bengtsson-Palme J et al. (2013) Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi. *Molecular Ecology*, 22, 5271-5277.
27. Lee YH, Ahn BK, Lee JH (2010) Effects of rice straw application and green manuring on selected soil physical properties and microbial biomass carbon in no-till paddy field. *Korean Journal of soil science and fertility*, 43, 105-112.
28. Park HK, Kim SS, Choi WY, Lee KS, Lee JK (2002) Effect of continuous cultivation years on soil properties, weed occurrence, and rice yield in no-tillage machine transplanting and direct dry-seeding culture of rice. *Korean Journal of Crop Sciences*, 47, 167-173.
29. Kim S, Choi JS, Kang S, Park JH, Hong S, Kim TS, Yang W (2017) Effects of tillage and cultivation methods on carbon accumulation and formation of water-stable aggregates at different soil layer in rice paddy. *Korean Journal of soil science and fertility*, 50, 634-643.
30. Feng Y, Motta AC, Reeves DW, Burmester CH, Van Santen E, Osborne JA (2003) Soil microbial communities under conventional-till and no-till continuous cotton systems. *Soil Biology and Biochemistry*, 35, 1693-1703.
31. Wang Y, Tu C, Cheng L, Li C, Gentry LF, Hoyt GD, Zhang X, Hu S (2011) Long-term impact of farming practices on soil organic carbon and nitrogen pools and microbial biomass and activity. *Soil and Tillage Research*, 117, 8-16.
32. Somasundaram J, Chaudhary RS, Awanish Kumar D, Biswas AK, Sinha NK, Mohanty M, Hati KM, Jha P, Sankar M et al. (2018) Effect of contrasting tillage and cropping systems on soil aggregation, carbon pools and aggregate-associated carbon in rainfed Vertisols. *European Journal of Soil Science*, 69, 879-891.
33. Zhang Y, Li X, Gregorich EG, McLaughlin NB, Zhang X, Guo Y, Gao Y, Liang A (2019) Evaluating storage and pool size of soil organic carbon in degraded soils: Tillage effects when crop residue is returned. *Soil and Tillage Research*, 192, 215-221.
34. Rillig MC, Wright SF, Nichols KA, Schmidt WF, Torn MS (2001) Large contribution of arbuscular mycorrhizal fungi to soil carbon pools in tropical forest soils. *Plant and Soil*, 233, 167-177.
35. Rillig MC, Mummey DL (2006) Mycorrhizas and soil structure. *New Phytologist*, 171, 41-53.
36. Dai J, Hu J, Zhu A, Bai J, Wang J, Lin X (2015) No tillage enhances arbuscular mycorrhizal fungal population, glomalin-related soil protein content, and organic carbon accumulation in soil macroaggregates. *Journal of Soils and Sediments*, 15, 1055-1062.
37. McCaig AE, Grayston SJ, Prosser JL, Glover LA (2001) Impact of cultivation on characterisation of species composition of soil bacterial communities. *FEMS Microbiology Ecology*, 35, 37-48.
38. Hydbom S, Ernfors M, Birgander J, Hollander J, Jensen ES, Olsson PA (2017) Reduced tillage stimulated symbiotic fungi and microbial saprotrophs, but did not lead to a shift in the saprotrophic microorganism community structure. *Applied Soil Ecology*, 119, 104-114.
39. Mbuthia LW, Acosta-Martínez V, DeBruyn J, Schaeffer S, Tyler D, Odoi E, Mpheshea M, Walker F, Eash N (2015) Long term tillage, cover crop, and fertilization effects on microbial community structure, activity: Implications for soil quality. *Soil Biology and Biochemistry*, 89, 24-34.
40. Lupwayi NZ, Rice WA, Clayton GW (1998) Soil microbial diversity and community structure under wheat as influenced by tillage and crop rotation. *Soil Biology and Biochemistry*, 30, 1733-1741.
41. Dorr de Quadros P, Zhalnina K, Davis-Richardson A, Fagen JR, Drew J, Bayer C, Camargo FAO, Triplett EW (2012) The Effect of Tillage System and Crop Rotation on Soil Microbial Diversity and Composition in a Subtropical Acrisol. *Diversity*, 4, 375-395.
42. Fierer N, Bradford MA, Jackson RB (2007) Toward an ecological classification of soil bacteria. *Ecology*, 88, 1354-1364.
43. Bergmann GT, Bates ST, Eilers KG, Lauber CL, Caporaso JG, Walters WA, Knight R, Fierer N (2011) The under-recognized dominance of *Verrucomicrobia* in soil bacterial communities. *Soil Biology and Biochemistry*, 43, 1450-1455.
44. Kampfer P (2010) Family II. *Chitinophagaceae* fam. nov, in: Krieg NR, Staley JT, Brown DR, Hedlund BP, Paster BJ, Ward NL, Ludwig W, Whitman WB,

- Bergey's manual of systematic bacteriology. pp. 351-358, Springer, New York, USA.
45. Sanjeev K (2018) Molecular phylogeny and systematics of *Glomeromycota*: methods and limitations. *Plant Archives*, 18, 1091-1101.
 46. Entry JA, Reeves DW, Mudd E, Lee WJ, Guertal E, Raper RL (1996) Influence of compaction from wheel traffic and tillage on arbuscular mycorrhizae infection and nutrient uptake by *Zea mays*. *Plant and Soil*, 180, 139-146.
 47. Kabir Z, O'Halloran IP, Fyles JW, Hamel C (1997) Seasonal changes of arbuscular mycorrhizal fungi as affected by tillage practices and fertilization: Hyphal density and mycorrhizal root colonization. *Plant and Soil*, 192, 285-293.
 48. Morriën E, Hannula SE, Snoek LB, Helmsing NR, Zweers H, De Hollander M, Soto RL, Bouffaud ML, Buée M, Dimmers W et al. (2017) Soil networks become more connected and take up more carbon as nature restoration progresses. *Nature Communications*, 8, 14349.