

유기농경지 재배 유형에 따른 토양 미생물 활성 및 군집 특성

이영미*, 이슬기, 방정환, 홍성준

Soil Microbial Activity and Community Characteristics by Organic Agricultural Type

Young mi Lee , Seulgi Lee , Jeong Hwan Bang  and Sung Jun Hong 

농촌진흥청 국립농업과학원 농업환경부 유기농업과

Organic Agriculture Division, Department of Agricultural Environment, National Institute of Agricultural Science, Rural Development Administration, Wanju 55365, Korea

* Correspondence: youngmi13@korea.kr

<https://doi.org/10.5338/KJEA.2024.43.37>

Korean J. Environ. Agric. 2024, 43, 386-393

Received: December 2, 2024

Revised: December 8, 2024

Accepted: December 17, 2024

Published: December 20, 2024

Online ISSN: 2233-4173

Print ISSN: 1225-3537



Check for updates

© The Korean Society of Environmental Agriculture 2024



This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<https://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.

Abstract: Microorganism plays important roles in plant growth and health. Organic farming is known to play positive effect on microbial abundance and activity. Our study investigated the microbial characteristics of soil in various cultivation types, such as fields, orchards, rice paddies, and greenhouse. In this study we analyzed the soil chemical properties, microbial dehydrogenase activity, microbial carbon substrate utilization analysis and microbial community analysis using next-generation sequencing. As a result of soil chemical properties, organic matter content showed the highest value in orchard soil and the lowest value in greenhouse soil. Greenhouse soil showed the highest level of EC value. Dehydrogenase activity and community level physiological profiling (CLPP) were the highest in the farmland soil. Microbial carbon substrate utilization analysis, high values were shown in farmland soil and orchards and low values were shown in rice paddies and greenhouse soil. This was thought to be due to the influence of microbial community distribution. Bacterial community analysis show that *Pseudomonadota*, *Bacilota* and *Chloroflexota* were predominant phylum in all type fields. In the case of orchards, it is thought that *Psuedomonadota*, which increases when the organic matter content is rich, showed a high distribution, and in the case of paddies *Chloroflexota* which increases when the organic matter content is low, showed a high distribution. The numbers of operational taxonomic units (OTU, defined at 97% similarity) and species richness were the highest in the farmlands soil. These results speculate that bacterial community were highly correlated with microbial enzyme activity. Additionally, various soil chemical properties such as available phosphorus and organic matter were main drivers for bacterial community composition. This study show that soil environment and microbial activity are highly correlated, suggesting that proper soil management is necessary.

Keywords: Microbial community, Microorganism, Organic agriculture

서 론

최근 지구환경에 대한 중요성이 날로 더해지고 있다. 그에 따라 생물의 서식지로서 농업생태계의 역할이 중요해지고 있다. 그에 따라 생물다양성을 지표로 활용하여 농업생태계 환경을 평가하려는 시도가 다양하게 이루어지고 있다[15]. 농업환경 내에서 미생물은 작물과 공생관계를 형성하며 토양 내 양분순환을 통한 작물의 흡수를 용이하게 하여 작물 생육에 영향을 준다[12]. 이러한 토양 속 미생물은 유기물 함량 등 토양의 환경에 따라 민감하게 반응하기 때문에 환경 변화에 따라 미생물 군집의 차이를 나타낸다[7]. 이렇듯 토양 속 미생물 군집 특성은 크게는 기후, 토양 환경에 영향을 받으며 작물 재배적 특징인 작물의 종류, 품종 그리고 재배 형태에 따른 영향도 받는다[18]. 무기질비료나 유기물을 투입할 경우 토양의 화학성에 영향을 미치고 결국 미생물 활성에 영향을 미친다는 연구 결과도 있다[4]. 유기농업의 형태로 작물을 재배하고 토양을 관리할 경우 미생물 생체량, 미생물 활성, 미생물 종 다양성이 증가한다는 보고가 있다[10]. 이는 유기농경지 토양의 경우 높은 유기물 함량으로 인해 양분순환과 관련된 미생물 등 다양한 미생물이 증가하여 미생물 다양성과 풍부도가 증가한다는 보고와 관련이 있다[8]. 토지이용 변화에 따라서 비옥도가 증가하는 경우 토양 미생물의 수, 효소활성 등 차이가 나타나기도 한다[20]. 이를 통해 미생물 군집 활성의 변화 분석을 이용해 토양 환경의 변화와 차이를 평가하는 지표로 활용할 수 있다[24]. 토양 상태를 반영하는 토양질의 미생물지표로써는 미생물체량, 미생물 효소활성, 군집구조 등 다양한 분석방법이 존재한다[2]. 토양 탈수소효소 활성은 유기물 투입에 따라 미생물에 의해 유기물이 분해되는 과정에서 그 값이 높아지기 때문에 미생물 활성을 나타내는 지표로 사용한다[5]. Ecoplate (Biolog Inc., Haward, CA)를 활용한 분석 방법은 31개의 탄소원에 대한 기질이용도를 CLPP를 통해 미생물의 군집 활성을 측정하는 방법이다. 미생물의 세균을 대상으로 신속하고 간편하게 기능적 다양성과 군집 활성을 비교 분석할 수 있기 때문에 보편적으로 사용되고 있다[14]. 유기농경지 내 토양의 미생물과 관련된 연구가 국내 일부 이루어진 했지만 아직 많은 연구가 이루어지지 않았다. 따라서 본 연구에서는 밭, 논 등 농경지 재배유형별 토양 환경에 따른 미생물의 특성을 알아보고자 하였다. 재배유형별 유기농경지 토양 미생물을 대상으로 하였고, 미생물의 특성을 확인하고자 탈수소효소 활성법과 Biolog사의 Ecoplate를 이용한 탄소기질 이용도 분석 그리고 차세대염기서열을 이용한 미생물 군집분석을 실시하여 토양 환경에 따른 미생물에 대한 특성을 밝히고자 하였다.

재료 및 방법

대상지 선정 및 토양 채취

본 연구의 조사 대상지는 유기농업적으로 관리하고 있는 충청도와 전라도의 재배유형별 논, 밭, 과수, 시설재배지 토양을 대상으로 실시하였다. 조사 지점은 재배유형별로 밭 10지점, 논 3지점, 과수원 3지점, 시설재배지 2지점에 대해 조사하였다(Fig. 1). 대상 토양의 채취는 표토(0-15 cm)를 대상으로 auger를 이용하여 필지를 대표할 수 있도록 5지점에서 총 100 g 정도의 토양시료를 채취하여 잘 섞어주었다. 채취한 토양은 신속히 실험실로 운반 후 2 mm 체로 걸러 일부는 -80°C 냉동고에 보존하여 분자생물학적 분석에 사용하였다. 그 외 나머지 토양은 3일 정도 건조시켜 토양화학성 분석에 사용하였다.

토양 화학성 분석

토양시료의 분석은 농촌진흥청 분석 매뉴얼 내용에 따라 실시하였다(National Institute of Agricultural Science, 2000). 토양 pH와 전기전도도(electrical conductivity, EC)는 토양과 증류수를 1:5 (w/v) 비율로 혼합 진탕 후 각각 pH meter (Orion Star A215, Thermo Scientific, USA)로 측정하였다. 유기물 함량은 Vario Max (Elementar Analysensysteme GmbH, Hanau, Germany) CN으로 탄소 함량을 측정한 후 환산하였고, 유효인산(AV. P_2O_5) 함량은 Lancaster법에 따라 UV-Vis spectrophotometer (Analytikjena, SPECORD-200 PLUS, Germany)를 이용하여 720 nm에서 측정하였다. 교환성양이온(Ex. K, Ca, Mg, Na)은 1N NH_4OAc (pH 7.0) 침출법에 따라 ICP-OES (GBC Scientific Equipment, INTEGRAR XL DUAL, Australia)를 이용하여 분석하였다.

토양 탈수소효소활성 분석

토양 탈수소효소활성(Dehydrogenase activity analysis) 분석법은 토양 중 미생물 활성의 지표로 활용한다. 토양 속 유기물이

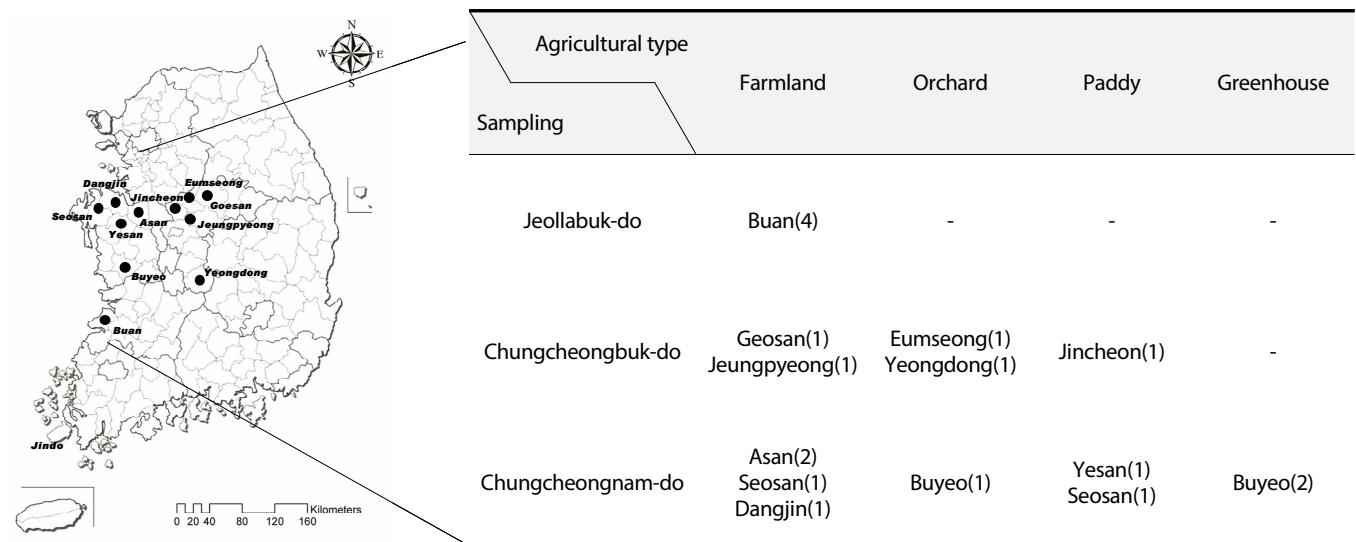


Fig. 1. Organic agricultural soil sampling site for Microbial activity and soil chemical properties.

분해되는 과정에서 분리되는 수소이온을 기질의 일종인 TTC(2,3,5-triphenyl tetrazolium chloride)와 반응시켜 생성되는 TPF (Triphenyl formazan)의 양을 측정하는 방법이다. 풍건토 6 g에 CaCO_3 0.06 g와 3% 2,3,5-Triphenyl tetrazolium chloride (TTC) 용액 1 mL을 가하여 잘 혼합한 후 37°C 항온수조에서 24시간 배양한다. 배양액을 whatman No 2. 여과지로 여과 후 10 mL씩 Methanol을 가하여 총 100 mL을 여과 추출하였다. 그 후 485 nm에서 Tecan 200 Pro plate reader (Tecan instruments, Austria)로 흡광도를 측정하였다.

미생물 탄소기질 이용도(CLPP) 분석

Biolog 사의 Ecoplate (Biolog Inc., Hayward, CA)를 이용한 CLPP 분석은 미생물의 기질 이용성을 정성적으로 측정하는 방법으로 미생물의 군집 특성을 비교할 수 있다. 31개의 탄소 기질이 3set씩 96 well microplate 내에 건조된 상태로 채워져 있다. 각 well에 토양과 멸균수 1:10 (w/v) 현탁액을 접종하여 25°C에서 배양하였다. 시간에 따라 기질의 색상변화 및 탁도를 590 nm 파장에서 흡광도를 측정하였다. 측정한 값은 아래의 계산식을 이용해 Average well color development (AWCD) 값을 산출하였다.

$$\text{AWCD} = \sum(\text{C-R})/n$$

C: 각 well의 OD 590 nm 값

R: Control well의 OD 590 nm 값

n: 기질의 수(31)

미생물 군집분석

토양 미생물 군집분석을 위해 토양 샘플을 (주)마크로젠에 의뢰하였다. Illumina Miseq sequencer를 사용하여 16S rRNA gene의 V3-V4 영역에 대해 Universal primer인 341F와 805R를 사용하여 증폭한 후 illumina MiSeq sequencer를 이용하여 차세대염기서열 분석을 수행하였다. 얻어진 염기서열들은 정제 및 품질 평가 후 RDP database를 사용하여 계통학적 분류를 실시하였다. 또한 미생물 분류의 단위인 OTU를 일반적인 분류 기준인 유사도 97%로 염기서열들을 묶어 미생물을 분류하였다.

결과 및 고찰

토양 화학성 분석

재배유형별 유기농경지 토양의 화학성 결과는 Table 1과 같다. 밭 토양의 경우 pH는 평균 6.73, 유효인산 697.8 mg kg^{-1} , 과수원 토양의 경우 평균 pH 6.16, 유효인산 301.8 mg kg^{-1} , 논 토양의 평균 pH는 6.14, 유효인산 58.03 mg kg^{-1} , 시설재배지 토양의 경우 평균 pH 6.41, 유효인산 177.6 mg kg^{-1} 값을 나타냈다. 유기물 함량은 과수원에서 27.99 g/kg , 시설재배지에서 15.23 g/kg 으로 시설재배지는 적정 범위인 $25\text{--}30 \text{ g/kg}$ 보다 다소 낮게 나타났다. EC의 경우 시설재배지에서 평균 3.16으로 다른 유형의 재배지보다 다소 높은 값을 나타냈다. EC 값의 경우 2.0 이하의 값이 적정범위인데 다소 높은 경향을 나타냈다. 밭의 경우 경작으로 인한 토양의 침식으로 유기물과 같은 양분의 유실과 이로 인해 토양 비옥도가 낮아진다는 연구 결과가 있는데[11], 본 연구 결과에서는 유효인산이 적정 범위인 $300\text{--}550 \text{ mg kg}^{-1}$ 값보다 다소 높게 나타난 것 외에는 적정 범위를 나타냈다. K, Ca, Mg 함량의 경우 논에서 가장 낮은 값을 나타냈다. 일반적으로 농경지 토양의 P, K, Si, Mo 등의 유효도는 담수 상태의 논 토양조건에서 증가되고 밭 토양의 호기조건에서 감소한다고 알려져 있다[25]. 하지만 본 결과에서 유효인산과 Ca 함량은 논에서 가장 낮은 값을 나타냈고 밭에서 높게 나타나 기존 연구 결과와는 반대되는 결과를 보였다. 이러한 결과는 같은 논 의 경우에도 필지에 따라 투입되는 농자재의 종류와 양 그리고 담수 기간의 차이가 나기 때문으로 생각된다.

Table 1. Soil chemical properties in organic soil samples by agricultural type

Agricultural type (Organic)	pH (1:5)	EC (ds/m)	O.M. (g/kg)	Av. P_2O_5 (mg/kg)	K	Ca	Mg
					Ex. (cmol+/kg)		
Farmland	6.83 ± 0.79	0.77 ± 0.24	27.25 ± 14.84	679.97 ± 438.85	0.66 ± 0.38	8.84 ± 3.24	2.12 ± 0.81
Orchard	6.16 ± 1.07	0.78 ± 0.79	27.99 ± 4.20	301.89 ± 102.45	0.90 ± 0.55	6.95 ± 4.89	1.44 ± 0.94
Paddy	6.14 ± 0.32	0.61 ± 0.54	21.96 ± 8.25	58.03 ± 8.25	0.27 ± 0.11	5.31 ± 0.75	1.33 ± 0.33
Greenhouse	6.41 ± 0.52	3.16 ± 2.26	15.23 ± 0.54	177.66 ± 82.73	0.42 ± 0.17	9.25 ± 2.80	2.63 ± 1.18

토양 탈수소효소 활성

탈수소효소 활성(DHA)은 미생물의 호흡 활동을 통해 활성을 측정하는 방법이다[22]. 탈수소효소 분석 결과 필지별 차이는 있지만 밭에서 높은 값을 나타냈고 시설재배지, 논, 과수원의 순서로 높은 값을 나타냈다(Fig. 2). 본 연구에서는 토양의 종류에 따른 결과 분석을 실시하지 않았지만 재배유형별 차이를 확인했을 때 밭 토양에서 가장 높은 값을 나타냈다. 이는 밭, 논, 과수원, 시설재배지 토양을 화산회토양과 비화산회토양으로 나누어 탈수소효소를 분석한 결과 토양 종류와 상관없이 밭 토양에서 가장 높은 값을 나타낸 결과와 일치한다[6]. 이는 토양 종류에 따른 차이보다 재배 유형에 따른 pH, 유기물 등 토양 화학성 차이와 그로 인한 미생물 활성의 차이가 나타나 밭에서 높은 값이 나타난 결과라고 보여진다. 재배환경과 탈수소효소 활성의 상관성을 보았을 때 식물 잔사가 토양에 남아 있을 경우 탈수소효소 활성 값이 높게 나타났다고 하는 연구 결과와[9] 풋거름작물 사용으로 탈수소효소 활성이 대조구에 비해 2-5배 증가했다는 연구 결과가 있었다[19]. 논과 과수원의 경우 밭, 시설재배지에 비해 재배 후 잔사물이 비교적 적고 단일작물을 경작하는 환경으로 인해 미생물 군집이 단순화되고 미생물의 활성에도 영향을 미쳐 다른 재배 유형보다는 낮은 값을 나타내는 것으로 추정된다. 또한 재배유형별, 지점별 값의 차이가 크게 나타났는데 이는 탈수소효소 활성은 위치적, 계절적 영향을 많이 받기 때문인 것으로 추측된다[16]. 따라서 향후 이러한 환경적 요소를 반영하여 추가적인 조사 연구가 필요할 것으로 생각된다.

미생물 탄소기질 이용도

Polymer, Carbohydrate, Carboxylic acid, Phenolic compound, Amino acid, Amine의 4개 그룹 총 31개의 탄소 기질에 대한 미생물 군집의 이용도에 대한 CLPP 분석 결과를 정성적인 방법인 AWCD 값으로 나타냈다. 재배유형별 각 토양에 대해 1일 차부터 7일 차까지 시간에 따른 기질 이용도 차이에 대한 값을 다음과 같이 나타냈다(Fig. 3). 그 결과 7일 차 되는 시점에서

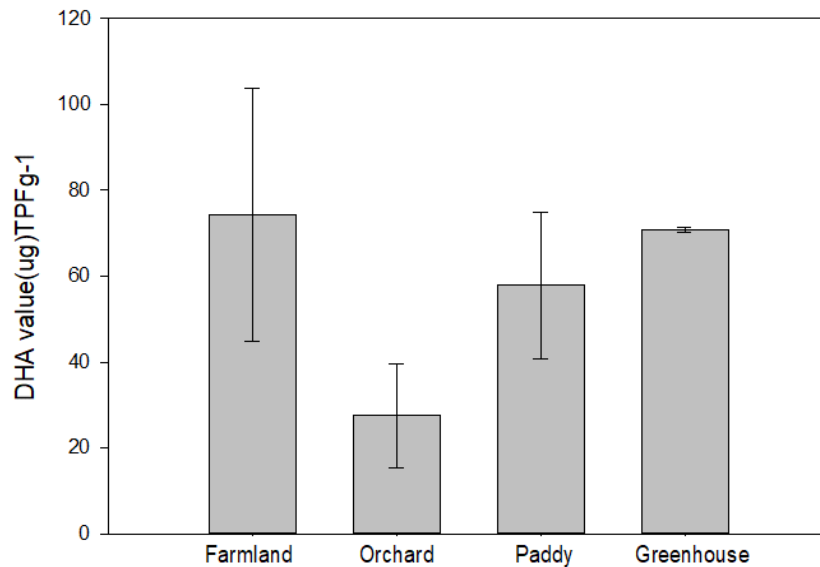


Fig. 2. Dehydrogenase activity value of the organic soil by agricultural type.

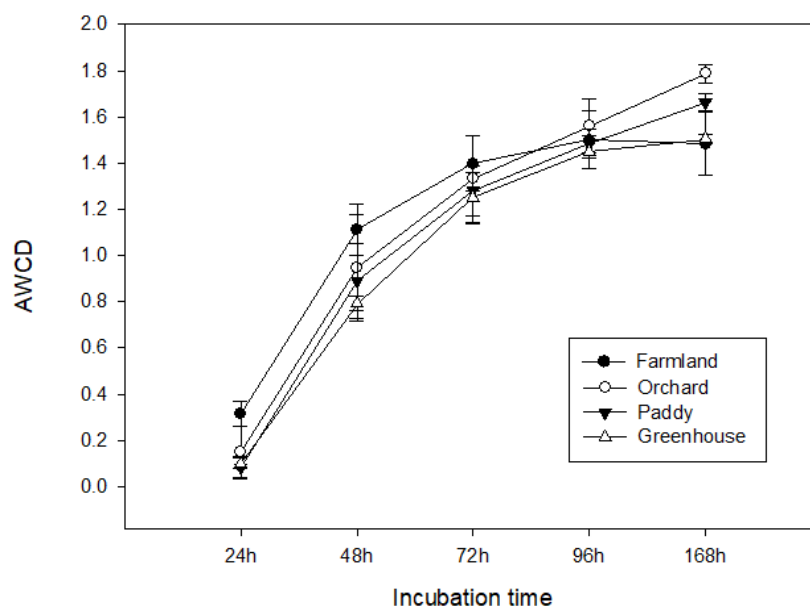


Fig. 3. Average well color development (AWCD) of community level physiological profiles (CLPP) under the organic and control soil after incubation in BIOLOG Ecoplates.

측정한 결과 과수원, 논, 시설재배지, 밭 토양은 각 1.78, 1.66, 1.50, 1.48의 값의 순서로 높은 값을 나타내는 것을 확인할 수 있었다. 1일 차에는 밭, 과수원, 시설, 논 토양의 순서로 높은 값을 나타냈다. 초기 논 토양이 시설재배지 토양보다 더 낮은 값을 나타냈으나 2일 차부터 시설재배지 토양보다 높은 값을 나타내 기질활성도가 증가한 것으로 확인되었다. 미생물의 기질 이용도 차이가 나타나는 것은 작물의 양분 흡수와 미생물 군집이 밀접한 관련이 있기 때문에 그 차이로 인한 것으로 생각된다[3]. 재배 유형별 재배작물과 토양 화학성 차이에 따른 미생물 군집의 활성이 변화된 것으로 추측된다.

미생물 군집분석

16S rRNA gene 영역을 이용한 차세대염기서열(NGS) 분석 결과 미생물 분류의 기본 단위인 Phylum 수준에서는 *Pseudomonadota*, *Bacillota*, *Actinomycetota*, *Chloroflexota*가 모든 재배유형에서 우점하였다. 이 중 차이를 나타내는 군집을 Class 수준에서

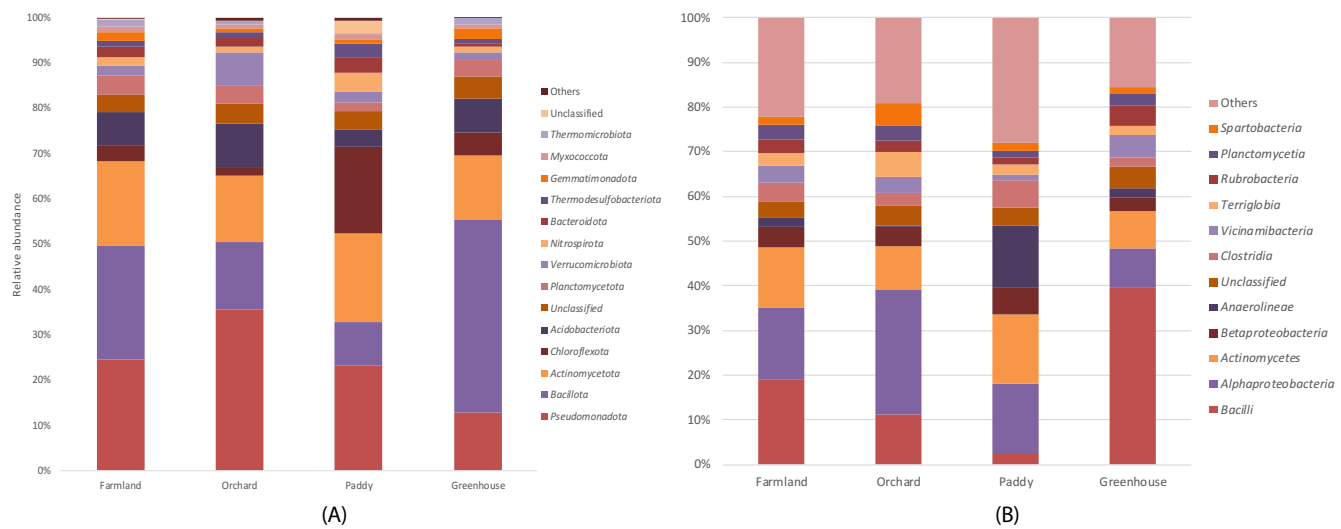


Fig. 4. Comparison of taxonomic distribution of bacterial phylum(A) and class(B) in the organic soils of agricultural type.

살펴보면 *Bacilli*와 *Anaerolinea*에서 재배유형별 차이가 크게 나타났다(Fig. 4). 특히, 논에서 *Anaerolinea*의 분포가 높게 나타났는데 이 미생물은 혐기조건에서 생육 특성을 나타내는 미생물인데 이는 논의 담수 조건에서의 혐기조건 특성으로 나타난 결과인 것으로 알려져 있다[23]. 과수원의 경우 유기물 함량이 높을수록 증가한다는 copiotrophic bacteria인 *Pseudomonadota*, *Bacillota*의 비율을 살펴보면 *Pseudomonadota*는 과수에서 높은 분포를 나타냈으며, *Bacillota*의 경우 논에서 가장 낮은 값을 나타냈다. 이와 유사하게 논에서 유기물 함량이 낮을수록 증가한다는 oligotrophic bacteria인 *Chloroflexota*의 비율이 높게 나타났다. 특히 *Chloroflexota*의 경우 논에서 가장 많은 분포를 나타냈는데 분해가 어려운 유기물이 많은 곳에서 나타난다고 알려져 있다[21]. 이는 앞서 탄소기질 이용도 결과 논에서 기질 분해 속도가 가장 낮은 결과와도 일치한다. 토양 유기물 함량 분석 결과와는 다른 양상을 나타냈는데 이는 미생물의 다양한 활동을 통한 토양 내 유기물 분해, 양분 무기화와 순환 등 다양한 영향에 의한 결과라고 생각된다[1]. 미생물 군집분석을 통한 종 풍부도를 살펴본 결과 종 풍부도를 나타내는 Chao1의 값은 밭에서 가장 높게 나타났고 논, 과수원, 시설재배 농경지의 순서로 높게 나타난 것을 확인하였다(Table 2). 종 다양성을 나타내는 Shannon, Gini-Simpson의 경우 논, 밭, 과수원, 시설재배지 순서로 높게 나타났다. 과수원과 시설재배지의 경우 풍부도와 균등도가 낮게 나타났다. 특히 시설재배지의 경우 토양의 높은 EC 값과 낮은 유기물 함량으로 인해 미생물의 풍부도와 다양성이 가장 낮게 나타났을 것이라 생각된다. 과수 농경지의 경우도 앞서 설명한 단일작물 재배 특성으로 상대적으로 다른 유형의 재배지보다 미생물 군집이 단순화되고 활성이 감소되어 나타난 결과라고 생각된다. 정확한 분석을 위해서는 재배작물과 투입 요소 등 다양한 변수를 고려해야 할 것으로 생각된다.

Table 2. Microbial community diversity index of organic soils

		Upland	Orchard	Paddy	Greenhouse
Number of reads		76,890	84,518	76,973	78,658
Number of OUTs		634	547	566	514
Good's coverage		0.957	0.961	0.946	0.978
Species richness indicator	Chao 1	802.0	690.7	733.2	627.1
	Shannon	7.544	7.309	7.647	6.371
Species diversity indicator	Gini-Simpson	0.979	0.977	0.987	0.941

결론

본 연구는 유기농경지 미생물 특성을 알아보고자 재배유형별 토양 및 미생물 활성을 비교 분석하였다. 토양 분석은 pH, 유기물 함량 등 화학성 분석을 통해 미생물 서식 환경을 조사하였다. 미생물 활성 분석을 위해 탈수소효소 활성과 Ecoplate를 이용한 탄소기질 이용도를 측정하였다. 또한 미생물 군집 분석에는 차세대염기서열 분석 방법을 이용하여 그 결과에 대한 차이를 비교 분석하였다. 토양 화학성 분석 결과 EC 값의 경우 다른 재배유형에 비해 시설재배지에서 높게 나타났다. 이는 시설재배지 일반적 재배 특성상 집약적 양분투입으로 인한 염류 집적의 결과라고 생각된다. 토양 유기물 함량의 경우 과수원, 밭, 논, 시설의 순서로 높게 나타났다. 과수원과 밭의 경우 퇴비 등 유기물 투입이 많기 때문에 다른 재배 유형보다 높은 값을 나타낸 것으로 생각된다. 논은 경우 유효인산과 양이온 교환 용량이 비교적 낮게 나타났다. 토양 분석 결과를 살펴보았을 때 농경지 유형별 토양관리, 작물관리 등 재배적 특징이 다르기 때문에 재배유형별 토양 특성을 나타내는 것으로 보인다. 탈수소효소 활성의 경우 밭, 시설, 논, 과수의 순서로 높게 나타났다. 탈수소효소 활성의 경우 토양 유기물 함량과 높은 관련이 있다는 연구 결과가 있다. 하지만 본 연구 결과를 보았을 때 유기물의 함량에 따른 차이로는 보이지는 않는다. 이와 같은 결과는 탈수소효소 활성의 경우 앞서 설명한 지역적, 계절적 외부 환경의 영향도 있지만 재배작물의 종류, 생육기 등의 차이로 인한 영향도 있기 때문으로 보인다[13]. 따라서 추후 이러한 요인에 대해 고려한 결과 분석이 필요할 것으로 생각된다. 탄소기질 이용도를 분석 결과는 초기 밭, 과수원, 시설재배지, 논 순서로 높게 나타났으나 7일 차에는 과수원, 논, 시설재배지, 밭 순서로 높게 나타났다. 이는 미생물 군집분석 결과와 연관시켜 이야기할 수 있을 것으로 보인다. 미생물 군집분석 결과 과수원과 밭의 경우 유기물 함량이 높을 때 나타난다는 *Pseudomonadota*와 *Bacillota*가 높은 분포를 나타냈기 때문에 초기 탄소기질 이용도가 높게 나타났으리라 생각된다. *Bacillota*의 경우 시설재배지에서도 높은 분포를 보이긴 했지만 집약적 재배 특성으로 인한 높은 EC 값과 미생물 분석 결과 다양도, 풍부도, OTU 값이 모두 낮게 나타난 것으로 보아 미생물의 활성에 영향이 있으리라 생각된다. 미생물 활성 및 군집 특성은 투입 자체 종류 및 함량, 토양관리, 경운작업, 재배작물 종류, 농가 재배 방식에 따른 영향이 크게 나타난다[17]. 따라서 다양한 환경적 요소에 대해 면밀한 조사가 이루어진다면 미생물 특성에 대해 추후 토양 환경 평가지표로써 활용할 수 있을 것이라 기대된다.

Data Availability: All data are available in the main text or in the Supplementary Information.

Author Contributions: Y.-M.L. and S.-J.H. conceived and designed the research; Y.-M.L. wrote the first manuscript; S.-J.H. and J.-H.B. revised the manuscript; Y.-M.L. and S.-K.L. field investigation, performed the microbiological experiments; S.-J.H. and J.-H.B. provide critical feedback.

Notes: The authors declare no conflict of interest.

Acknowledgments: This work was supported by a funding the Research Program for Agricultural Science and Technology Development (Project No. RS-2022-RD010266) funded by the Rural Development Administration in the Republic of Korea.

Additional Information:

Supplementary information The online version contains supplementary material available at <https://doi.org/10.5338/KJEA.2024.43.37>

Correspondence and requests for materials should be addressed to Young mi Lee.

Peer review information Korean Journal of Environmental Agriculture thanks the anonymous reviewers for their contribution to the peer review of this work.

Reprints and permissions information is available at <http://www.korseaj.org>

References

- Adetunji AT, Lewu FB, Mulidzi R, Ncube B (2017) The biological activities of β -glucosidase, phosphatase and urease as soil quality indicators: A review. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 17(3), 794-807. <https://doi.org/10.4067/S0718-95162017000300018>.

2. Bossio DA, Scow KM (1998) Impacts of carbon and flooding on soil microbial communities: Phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns. *Microbial Ecology*, 35, 265-278. <https://doi.org/10.1007/s002489900082>.
3. Cai F, Pang G, Miao Y, Li R, Li R, Shen Q, Chen W (2017) The nutrient preference of plants influences their rhizosphere microbiome. *Applied Soil Ecology*, 110, 146-150. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2016.11.006>.
4. Clegg CD (2006) Impact of cattle grazing and inorganic fertiliser additions to managed grasslands on the microbial community composition of soils. *Applied Soil Ecology*, 31(1-2), 73-82. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2005.04.003>.
5. Dinesh R, Dubey RP, Prasad GS (1998) Soil microbial biomass and enzyme activities as influenced by organic manure incorporation into soils of a rice-rice system. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 181(3), 173-178. <https://doi.org/10.1111/j.1439-037X.1998.tb00414.x>.
6. Joa JH, Moon KH, Choi KS, Kim SC, Koh SW (2013) Soil dehydrogenase activity and microbial biomass C in croplands of Jeju province. *Korean Journal of Soil Science and Fertilizer*, 46(2), 122-128. <https://doi.org/10.7745/KJSSF.2013.46.2.122>.
7. Lee YH, Ha SK (2011) Impacts of chemical properties on microbial population from upland soils in Gyeongnam province. *Korean Journal of Soil Science and Fertilizer*, 44(2), 242-247.
8. Lupatini M, Korthals GW, De Hollander M, Janssens TK, Kuramae EE (2017) Soil microbiome is more heterogeneous in organic than in conventional farming system. *Frontiers in Microbiology*, 7, 2064. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.02064>.
9. Melero S, Vanderlinden K, Ruiz JC, Madejón E (2009) Soil biochemical response after 23 years of direct drilling under a dryland agriculture system in southwest Spain. *The Journal of Agricultural Science*, 147(1), 9-15. <https://doi.org/10.1017/S0021859608008204>.
10. Mendes LW, Tsai SM, Navarrete AA, De Hollander M, van Veen JA, Kuramae EE (2015) Soil-borne microbiome: Linking diversity to function. *Microbial Ecology*, 70, 255-265. <https://doi.org/10.1007/s00248-014-0559-2>.
11. Msofe NK, Sheng L, Li Z, Wang L, Msofe NK, Msofe NK, Sheng L, Li Z, Wang L, et al. (2019) Influence of agricultural land use change on the selected physico-chemical soil properties in kilombero valley floodplain, Southeastern Tanzania. *International Journal of Environmental Sciences & Natural Resources*, 21(5), 1-11. <https://doi.org/10.19080/IJESNR.2019.21.556074>.
12. Park KL, Suga Y, Hong SG, Lee C, Ahn M, Kim SC, Hashimoto T (2016) Study on characteristics of chemical properties and microbial flora of organic farming soil in Korea. *Journal of the Korea Organic Resources Recycling Association*, 24(4), 77-83. <https://doi.org/10.17137/korrae.2016.24.4.77>.
13. Pfeiffer S, Mitter B, Oswald A, Schlöter-Hai B, Schlöter M, Declerck S, Sessitsch A (2017) 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), fiw242. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiw242>.
14. Preston-Mafham J, Boddy L, Randerson PF (2002) Analysis of microbial community functional diversity using sole-carbon-source utilisation profiles—A critique. *FEMS Microbiology Ecology*, 42(1), 1-14. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2002.tb00990.x>.
15. Pulleman M, Creamer R, Hamer U, Helder J, Pelosi C, Peres G, Rutgers M (2012) Soil biodiversity, biological indicators and soil ecosystem services—An overview of European approaches. *Current Opinion in Environmental Sustainability*, 4(5), 529-538. <https://doi.org/10.1016/j.cosust.2012.10.009>.
16. Quilchano C, Marañón T (2002) Dehydrogenase activity in Mediterranean forest soils. *Biology and Fertility of Soils*, 35, 102-107. <https://doi.org/10.1007/s00374-002-0446-8>.
17. Rahman MH, Okubo A, Sugiyama S, Mayland HF (2008) Physical, chemical and microbiological properties of an Andisol as related to land use and tillage practice. *Soil and Tillage Research*, 101(1-2), 10-19. <https://doi.org/10.1016/j.still.2008.05.006>.
18. Santos LF, Olivares FL (2021) Plant microbiome structure and benefits for sustainable agriculture. *Current Plant Biology*, 26, 100198. <https://doi.org/10.1016/j.cpb.2021.100198>.
19. Stark C, Condron LM, Stewart A, Di HJ, O'Callaghan M (2007) Influence of organic and mineral amendments on microbial soil properties and processes. *Applied Soil Ecology*, 35(1), 79-93. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2006.05.001>.
20. Suh JS, Shin JS (1997) Soil microbial diversity of paddy fields in Korea. *Korean Journal of Soil Science and Fertilizer*, 30(2), 200-207.
21. Trivedi P, Delgado-Baquerizo M, Jeffries TC, Trivedi C, Anderson IC, Lai K, McNee M, Flower K, Singh BP, et al. (2017) Soil aggregation and associated microbial communities modify the impact of agricultural management on carbon content. *Environmental Microbiology*, 19(8), 3070-3086. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.13779>.
22. Von Mersi W, Schinner F (1991) An improved and accurate method for determining the dehydrogenase activity of soils with iodonitro-tetrazolium chloride. *Biology and Fertility of Soils*, 11, 216-220. <https://doi.org/10.1007/BF00335770>.
23. Yamada T, Sekiguchi Y, Hanada S, Imachi H, Ohashi A, Harada H, Kamagata Y (2006) *Anaerolinea thermolimos* sp. nov., *Levilinea saccharolytica* gen. nov., sp. nov. and *Leptolinea tardivitalis* gen. nov., sp. nov., novel filamentous anaerobes, and description of the new classes *Anaerolineae* classis nov. and *Caldilineae* classis nov. in the bacterial phylum *Chloroflexi*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 56(6), 1331-1340. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64169-0>.
24. Yao H, He ZL, Wilson M, Campbell CD (2000) Microbial biomass and community structure in a sequence of soils with increasing fertility and changing land use. *Microbial Ecology*, 40, 223-237. <https://doi.org/10.1007/s002480000053>.
25. Zhou W, Lv TF, Chen Y, Westby AP, Ren WJ (2014) Soil physicochemical and biological properties of paddy-upland rotation: A review. *The Scientific World Journal*, 2014(1), 856352. <https://doi.org/10.1155/2014/856352>.