

---

Eötvös Loránd Tudományegyetem Természettudományi Kar  
Környezettudományi Doktori Iskola  
Környezetbiológiai Program

---

*Kari András*

## A TALAJOK TARTÓS SZERVES ANYAG PÓTLÁSA

*Bioszén és növényi növekedést serkentő rizobakteriális talajerőpótlók kombinált hatásának vizsgálata leromlott talajokon*

-doktori értekezés tézisei-

Témavezető:

Dr. Márialigeti Károly

egyetemi tanár

Doktori Iskola vezető:

Dr. Turányi Tamás

egyetemi tanár

Programvezető:

Dr. Tóth Erika habilitált

egyetemi docens



ELTE TTK BIOLÓGIAI INTÉZET MIKROBIOLÓGIAI TANSZÉK

BUDAPEST

2021

## BEVEZETÉS

Az elmúlt évtizedek során az intenzív mezőgazdasági termelés (fokozott műtrágya bevitel, peszticid alkalmazás és genetikai módosítás) következtében nemcsak az egységnyi területre és időtartamra jutó termésmennyiség nőtt meg, hanem az ökoszisztémára, az egészséges környezetre és az éghajlatváltozásra gyakorolt negatív következményei is (Nkebiwe és mtsai, 2016). A mezőgazdasági területek degradációja, a talaj tápanyagtartalmának csökkenésével és a talajerózió fokozódásával együtt, kiemelt gondot jelent a gazdaságok számára. Az a cél vezetett a fenntartható mezőgazdasági gyakorlathoz, hogy a környezeti, társadalmi, gazdasági érdekeket egyforma súllyal mérlegelve legyen az emberiség egészséges táplálék- és rostigénye kiszolgálva (Benbrook 1999).

Ezen környezettudatos gyakorlat részét képezi a bioszénrel történő mezőgazdasági talajjavítás. A porózus, finomszemcsés és nagy szénttartalmú bioszén megújuló erőforrásokon alapszik, hiszen a szerves mezőgazdasági (állati, növényi) biomassza oxigénmentes hőbontása (pirolízise) során állítják elő (Lehmann és mtsai, 2011). Számos közlemény számol be a bioszénnek a talaj termékenységére, szerkezetére, biológiai aktivitására gyakorolt jótékony hatásáról, továbbá az üvegházhatású gázok megkötésében játszott szerepéről (Liu és mtsai, 2012). A szénraktározási célok mellett, egyre nagyobb érdeklődés övezi a leromlott szerkezetű és kis tápanyagtartalmú talajok bioszén kezelés révén megvalósuló mezőgazdasági termelésbe vonását is. A bioszén egyedi tulajdonságai, mint a nagy fajlagos felület sok funkcionális csoporttal, a porozitás és az ásványi anyag tartalom nem csak a talajerópótlóként való használatát határozzák meg, hanem a talajbiótára gyakorolt hatását is. A mikrobiális közösségek és azok dinamikáját feltáró tanulmányok bemutatták, hogy a bioszén indukált mikrobiális közösség és aktivitásbeli változások éppúgy kiemelt szerepet játszanak a talajok tápanyag és szerves anyag ciklusában, mint a növény növekedésében (Ding és mtsai, 2016).

A növényi növekedést serkentő rizobakteriális (PGPR) oltókultúrák használata, szintén a fenntartható mezőgazdaság egy alternatív eszköze, hiszen a növények gyökerét kolonizálva anyagcsere sajátságaik révén képesek a növényi növekedés serkentésére, illetve stressztűrő képességeik fokozására (Kloepper és mtsai, 1980). A direkt módon megvalósuló növényi növekedés serkentés részét képezi a növényi tápanyag utánpótlás elősegítése (pl. N<sub>2</sub> fixáció), a tápanyag hozzáférhetőségének növelése (pl. foszfor szolubilizáció), illetve olyan fitohormonok termelése, mint az auxin vagy gibberelinsav. A PGPR organizmusok indirekt mechanizmusai közé tartozik a szubsztrát kompetíció, a sziderofór termelés, illetve az indukált szisztémás rezisztencia,

melyek segítségével képesek a növény patogén szervezetekkel szembeni biológiai kontrol folyamatokban szerepet játszani (Aeron és mtsai, 2011).

A PGPR organizmusokkal történő hatékony talajoltás egyik legnagyobb kihívása a kijutatott törzsek változó, illetve csekély túlélése a talajban (Hale és mtsai, 2014). Ezért a nagy porozitással rendelkező bioszén jelentős adszorpciós kapacitásának köszönhetően a mikrobák számára hatékony (védelem és tápanyag) életteret biztosíthat. Ugyanakkor kevés tudományos ismeret áll rendelkezésünkre a bioszén oltóanyag hordozóként való felhasználásával kapcsolatban szabadföldi körülmények között, illetve a két szerves talajerőpótló (bioszén és PGPR) közös használatának a rizoszféra mikrobiális közösségre gyakorolt hatásáról. Ennek értelmében fontos, hogy egyre több ismeretünk legyen a bioszén és PGPR szerves talajerő pótlók együttes használatáról, nemcsak a talaj fizikai-kémiai és a termésmennyiség vonatkozásában, hanem a rizoszféra mikrobiális közösségre és talajoltó PGPR organizmusokra gyakorolt hatásairól.

## CÉLKITŰZÉSEK

A megújuló erőforráson alapuló bioszén, amellyel, hogy a leromlott szerkezetű és kis tápanyagtartalmú talajok mezőgazdasági termelésbe vonását segíti, fizikai-kémiai tulajdonságai predestinálják sikeres oltóanyag-hordozóként való felhasználását is. Ennek megfelelően céljaink a szabadföldi kísérletsorozat során az alábbiak voltak:

- Célunk volt egy olyan molekuláris modellrendszer felállítása, amely lehetővé teszi a kijutatott PGPR szervezetek *in situ* szabadföldi nyomon követését és közösségen belüli relatív gyakoriságának meghatározását.
- Célunk volt, hogy a bioszén bakteriális oltóanyag hordozóként való használatát megvizsgáljuk, a bioszénre vitt PGPR fajok közösségen belüli arányának nyomonkövetése által, az oltást követő egy tenyészidőn belül a kukorica rizoszférájában.
- Célunk volt, hogy felderítsük a savanyú és meszes homoktalajokon a bioszén és a PGPR oltóanyag közös használatának hatását a kukorica rizoszférájának mikrobiális közösségszerkezetére, a növény teljes fenofázisa során.
- A bioszén általi tartós szerves anyag pótlás hatásának vizsgálata 2 év távlatából savanyú homok, illetve meszes homoktalajokon egyaránt, a két különböző szerkezetű és kémhatású talaj baktérium közösségszerkezetében lévő különbségek feltárása által.

## ALKALMAZOTT MÓDSZEREK

A kutatásunk során a gabonahéj és papírgyártási szennyvíziszap alapanyagú bioszén és PGPR oltóanyagokat használtunk három különböző dózisban, savanyú (pH 4,4) és lúgos (pH 7,9) homokos talajokon. A szabadföldi kísérletsorozat során a mintavételi ütemterv igazodott a kukorica fenofázisához, ennek megfelelően a vetést követően, a kukorica vegetatív 4 – 6 leveles állapotában, a reprodukív R1– bibekitolás és az R6 –fiziológiai érettség állapotában egyaránt történt mintavétel. Annak érdekében, hogy az alkalmazott kezelések hosszútávú hatásait is vizsgálni tudjuk a talaj bakteriális szerkezetére 30 hónappal a kezelés után is történt mintavétel.

A szabadföldi kísérletsorozatot megelőzően a talajoltásra használt PGP törzsek közel teljes 16S rRNS gén szekvenciája meghatározásra került Sanger szekvenálás által az LGC Ltd. (Berlin, Germany) vállalatnál. Annak érdekében, hogy egymástól elkülöníthetőek legyenek a talajoltásra használt PGP törzsek, a 16S rRNS gén szekvenciákat *in silico* vizsgálatnak vetettük alá, a 27F-519R (Lane, 1991), 341F-907R (Teske és mtsai, 1996) és 968F-1401R (Heuer és mtsai, 1997) primer párok által meghatározott régiókban. Harmincnégy, kiváltképpen II-es típusú Fermentas (Thermo Fisher, USA) restrikciós endonukleázok kerültek tesztelésre. Az *in silico* analízis a MEGA6 program és a Microbial Community Analysis (MiCA) programcsomag (<http://mica.ibest.uidaho.edu/>) ISPaR (In Silico PCR and Restriction) szoftverének segítségével került kivitelezésre (Shyu és mtsai, 2007).

Az *in silico* analízis eredményeképpen *Bsh*12361 és *Bsu*RI (Thermo Fisher, USA) restrikciós endonukleázok lettek felhasználva a törzsek 16S rRNS gén 27F-519R primer párja által meghatározott génszakaszának a T-RFLP (terminális restrikciós fragmens hossz polimorfizmus) molekuláris ujjlenyomat módszerrel történő vizsgálatára. A kukorica rizoszféra bakteriális közösségszerkezetének vizsgálata során a „szekvenciával-támogatott T-RFLP” (sequence-aided T-RFLP) módszer során meghatározásra kerültek a bakteriális közösségek domináns közösségalkotói, a parciális 16S rDNS klóntárak segítségével. A genotípusos („szekvenciával-támogatott T-RFLP”) módszer mellett a fenotípusos foszfolipid zsírsav (PLFA) módszer egyaránt felhasználásra került a mikrobiális közösségszerkezet vizsgálata során. Az eredmények statisztikai értékelését a PAST szoftver 3.13 verzió segítségével (Hammer és mtsai, 2001) végeztük, míg a környezeti változók és a bakteriális közösségszerkezetben bekövetkező változások kapcsolatának feltárása érdekében a főkomponens analízis (PCA) főbb komponenseire vektorként vetítettük a környezeti paramétereket. A környezeti paramétereket az R program (R Core Team, 2016; <http://www.r-project.org/>) „envfit” parancsának segítségével illesztettük a PCA ordinációra (T-

RFLP, PLFA és OTU arányok), majd ezen illeszkedés szignifikancia szintjét határoztuk meg random permutációk segítségével (Oksanen és mtsai, 2018).

A bioszén és PGPR oltóanyag kezelést követő második évi kukorica rizoszféra talajmintáiból extrahált DNS segítségével a baktérium közösség szerkezet feltárása, a 16S riboszómális RNS gén hipervariábilis V3 és V4 amplikonjainak új generációs szekvenálásával valósult meg. A közösségi DNS mintákból a 16S rRNS gén V3-V4 régiójának B341F és B805R primerekkel való felszaporításával hoztuk létre az amplikon könyvtárakat. A szekvenálást a Michigan State University (USA) Research Technology Support Facility, Genomics Core Laboratóriumában végezték Illumina MiSeq platformon. A kijutatott bioszén felszínének mikrobiális kolonizációjának vizsgálata pásztázó elektronmikroszkóp (SEM) segítségével történt.

## EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

Az oltóanyagokban jelenlévő törzsek elválasztását, valamint azok nyomon követését a szabadföldi kísérlet sorozat során a T-RFLP módszer segítségével sikeresen megvalósítottuk. Az általunk megalkotott modellrendszer lehetővé tette a kijutatott törzsek jelenlétének és relatív mennyiségi változásainak meghatározását a jelenlévő talajbaktériumok mellett. Hasonlóan a mi kutatásainkhoz, korábban sikeresen alkalmazták a T-RFLP módszert az oltásra használt endofita aktinobaktériumok szétválasztására és talajban történő nyomon követésére (Conn és Franco, 2004), illetve *phlD*+ *Pseudomonas* fajok elkülönítésére és detektálására (von Felten és mtsai, 2011).

Eredményeink rámutattak, hogy a két különböző talajon eltérő dózisban alkalmazott PGPR és bioszén kezelések a savanyú és karbonátos homokos talaj esetében is szignifikáns hatásokat váltottak ki. Mindkét esetben a  $N_2$  fixáló és auxin termelő *Azospirillum* nemzetség tagjainak a közösségen belüli aránya emelkedett meg szignifikánsan. A savanyú homokos talaj esetében az *Azospirillum brasilense* közösségen belüli arányát a  $30 \text{ t ha}^{-1}$  bioszén (A4, +1-3%-ék) és a  $15 \text{ t ha}^{-1}$  (C3 +0,5-3,2%) bioszén mint oltóanyag hordozó kezelés szignifikánsan, pozitívan, befolyásolta. Az *Azospirillum irakense* esetében is a nagy dózisú ( $30 \text{ t ha}^{-1}$ ) bioszén mint oltóanyag hordozó kezelés hatására nőtt meg a +1,5%-kal szervezet százalékos relatív gyakorisága, a kezelést megelőző kontroll talajhoz képest. A további PGPR szervezetek közül az *Arthrobacter crystallopoietes* és a *Kocuria rosea* esetében is detektálható volt a különböző bioszén kezelések hatására kialakuló közösségen belüli relatív abundancia gyarapodások, azonban ezek a változások nem voltak szignifikánsak. A nyomonkövetésre használt T-RFLP módszer korlátait jelzi, hogy a

talajoltásba vont *Bacillus aryabhatai* és *Paenibacillus peoriae* szervezetek, melyek közösségen belüli aránya 1%-ék körül volt, nem voltak detektálhatók nagy biztonsággal. Továbbá a jelenség utal a talaj biotikus és abiotikus tényezőinek kiemelt fontosságára is, melyek a rizoszféra mikrobáinak túlélésére és gyakoriságára egyaránt nagy hatással vannak.

A molekuláris eredmények a savanyú homokos (Lamellic Arenosol) és karbonátos homokos (Mollic Umbrisol) talajok kukorica rizoszféra bakteriális közösség szerkezetében levő nagymértékű különbségeket jelezték. Amíg a „szekvenciával-támogatott T-RFLP” elemzés értelmében a két talaj közötti különbség a savanyú talaj magas Acidobacteriaceae és a karbonátos talaj esetében a Solibacteres osztályba tartozó EU445199 család tagjainak magas arányának volt köszönhető, addig az újgenerációs szekvenálás során, 30 hónappal a kezelést követően, a savanyú talaj magas Acidobacteriaceae aránya mellett, a karbonátos homokos talajban az Acidobacteria törzsbe tartozó Pyrinomonadaceae család magas közösségen belüli arányának volt köszönhető. Ezek a tapasztalatok, nemcsak a különböző molekuláris technológiák felbontóképessége között meglévő különbségekre utalnak (Gong és mtsai, 2013), de a korábbi tapasztalatoknak megfelelően reprezentálja, hogy hosszútávon a tápanyagprofilban kialakuló változás miatt, a közösség szerkezetben jelentős átalakulások mennek végbe. A változatos előfordulású és különböző környezetekhez adaptálódott szervezeteket tartalmazó Acidobacteria törzs jó indikátora tud lenni a talaj fizikai és kémiai paramétereink megváltozására (Bartram és mtsai, 2014).

Az egyes talajok esetében a rizoszféra bakteriális közösség szerkezetének megváltozásában a kukorica egyedfejlődése volt legjelentősebb tényező. A 2015-ös „szekvenciával-támogatott T-RFLP” és PLFA eredmények egyaránt igazolták a kukorica fenofázisának a talaj bakteriális közösség szerkezetére gyakorolt szignifikáns hatását. A savanyú talajon végzett 2015-ös genotípusos kísérleti eredmények rávilágítottak, hogy a 15 t ha<sup>-1</sup> mennyiséget elérő, vagy azt meghaladó gabonamaghéj és papírgyártású szennyvíziszap alapanyagú bioszén kezelés nemcsak a talaj fizikai és kémiai paramétereit változtatja meg szignifikánsan – amely korábban már ismert volt (Rékási és mtsai, 2018) – hanem ezzel összefüggésben a bakteriális közösség szerkezetet is szignifikánsan befolyásolja.

Az eredményeink rámutattak, hogy a nagy bioszén kezelés hatására a talajba jutó labilis, könnyen hasznosítható szénformák hatására, a korábban az oligotróf környezethez adaptálódott lassan növekedő K-stratégista (Acidobacteriaceae, Ktedonobacteraceae, Solibacteraceae) szervezeteket, az r-stratégista gyorsan növekedő kopiotróf baktérium szervezetek által (Sphingomonadaceae és Chitinophagaceae) hátrányba kerültek. A jelenség hasonló a már

korábban megfigyelt „kopirotrof baktérium közösségi változással”, amelyet a bioszén használat vált ki (Jenkins és mtsai, 2017). A fenotípusos PLFA vizsgálatok eredményei a nagy dóziséű bioszén kezelés hatására megváltozott Gram-negatív/ Gram-pozitív aránnyal is a talaj szerves anyag tartalmának minőségi és mennyiségi változására utalnak (Kourtev és mtsai, 2003; Zhong és mtsai, 2010).

Eredményeink rámutattak, hogy nagy dóziséű bioszén kezelés hatására (15 és 30 t ha<sup>-1</sup>) megvalósult szerves anyag pótlás nemcsak a szén körforgalomban résztvevő szervezetek közösségen belüli arányára volt hatással, hanem a légköri N<sub>2</sub> fixációban szerepet játszó családok (Rhodospirillaceae, Bradyrhizobiaceae) közösségen belüli arányaik növekedését is elősegítette. A jelenség feltehetően a bioszén által szolgáltatott labilis szénformáknak tulajdonítható, amelyek jól hasznosítható tápanyagot biztosítanak ezen szervezetek számára. A bioszén ilyen formán „nitrogén szigetként” is felfogható, hiszen nemcsak serkenti a légköri N<sub>2</sub> fixáló szervezetek aktivitást, de megakadályozza a nitrogén kimosódását is (Anderson és mtsai, 2011).

A kutatásaink során kapott eredmények rávilágítottak, hogy a bioszén használata által bekövetkező fizikai és kémiai változások mellett, a bioszén mint oltóanyag-hordozó is szignifikáns hatással van a növény növekedésére. A bioszén mint oltóanyag hordozó kezelés (C), nemcsak szignifikánsan emelte meg a kijuttatott *Azospirillum brasilense* közösségen belüli arányát, az extrém savanyú talajban (4,4 pH), de sikeresen elősegítette a kukorica biomasszájának növekedését. A növényi növekedés serkentésének alapfeltétele a kijuttatott PGPR szervezetek túlélése és sikeres gyökérkolonizálás (Buddrus-Schiemann és mtsai, 2010). Ennek értelmében az általunk mért közösségen belüli arányok mellett, a Rékási és mtsai (2018) által leírt kukorica biomassza növekedés a bioszén felszínén immobilizált PGPR törzsek túlélését jelzi.

Eredményeink felhívják a figyelmet, hogy a bioszén nagymértékű porozitása által, a kijuttatott PGPR szervezetek számára életteret és védelmet biztosít, így azok a szárazságstressz esetén is kifejtik a növényi növekedés serkentő hatásukat. A bioszén PGPR hordozóanyagként való használata az eredményeink tükrében jó potenciállal bír, míg a két szerves talajerőpótló együttes használatának jótékony hatásai a savanyú talaj esetében számottevőek. Az ellentmondásos tapasztalatok a bioszén alapanyagával, az alkalmazott dózissal és a pirolízis körülményeivel kapcsolatban, rávilágítanak a további hosszútávú szabadföldi kutatások fontosságára, melyek elengedhetetlenek a bioszén oltóanyag-hordozó és talajjavítóként való felhasználásának optimalizálása érdekében.

## ***IRODALOMJEGYZÉK***

- Aeron, A., Kumar, S., Pandey, P., & Maheshwari, D. K. (2011). Bacteria in Agrobiolgy: Crop Ecosystems. In *Bacteria in Agrobiolgy: Crop Ecosystems*. <https://doi.org/10.1007/978-3-642-18357-7>
- Anderson, C.R., Condrón, L.M., Clough, T.J., Fiers, M., Stewart, A., Hill, R.A., Sherlock, R.R., 2011. Biochar induced soil microbial community change: Implications for biogeochemical cycling of carbon, nitrogen and phosphorus. *Pedobiologia (Jena)* 54, 309–320. <https://doi.org/10.1016/j.pedobi.2011.07.005>
- Bartram, A.K., Jiang, X., Lynch, M.D.J., Masella, A.P., Nicol, G.W., Dushoff, J., Neufeld, J.D., 2014. Exploring links between pH and bacterial community composition in soils from the Craibstone Experimental Farm. *FEMS Microbiol. Ecol.* 87, 403–415. <https://doi.org/10.1111/1574-6941.12231>.
- Benbrook, C. M. (1999). World food system challenges and opportunities: GMOs, biodiversity, and lessons from America’s Heartland. In Paper presented as part of the University of Illinois World Food and Sustainable Agriculture Program, January (Vol. 27).
- Buddrus-Schiemann, K., Schmid, M., Schreiner, K., Welzl, G., Hartmann, A., 2010. Root colonization by *Pseudomonas* sp. DSMZ 13134 and impact on the indigenous rhizosphere bacterial community of barley. *Microb. Ecol.* 60, 381–393. <https://doi.org/10.1007/s00248-010-9720-8>.
- Conn, V.M., Franco, C.M.M., 2004. Effect of microbial inoculants on the indigenous actinobacterial endophyte population in the roots of wheat as determined by terminal restriction fragment length polymorphism. *Appl. Environ. Microbiol.* 70, 6407–6413. <https://doi.org/10.1128/AEM.70.11.6407-6413.2004>.
- Ding, Y., Liu, Y., Liu, S., Li, Z., Tan, X., Huang, X., Zeng, G., Zhou, L., & Zheng, B. (2016). Biochar to improve soil fertility. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, 36(2). <https://doi.org/10.1007/s13593-016-0372-z>
- Gong, L., Han, Y., Chen, L., Liu, F., Hao, P., Sheng, J., Li, X. H., Yu, D. M., Gong, Q. M., Tian, F., Guo, X. K., & Zhang, X. X. (2013). Comparison of next-generation sequencing and clone-based sequencing in analysis of hepatitis b virus reverse transcriptase Quasispecies heterogeneity. *Journal of Clinical Microbiology*, 51(12), 4087–4094. <https://doi.org/10.1128/JCM.01723-13>
- Hale, L., Luth, M., Kenney, R., & Crowley, D. (2014). Evaluation of pinewood biochar as a carrier of bacterial strain *Enterobacter cloacae* UW5 for soil inoculation. *Applied Soil Ecology*, 84, 192–199. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2014.08.001>
- Hammer, Ø., Harper, D.A.T.a.T., Ryan, P.D., 2001. PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontol. Electron.* 4(1), 1–9. [doi:10.1016/j.bcp.2008.05.025](https://doi.org/10.1016/j.bcp.2008.05.025)



- Heuer, H., Krsek, M., Baker, P., Smalla, K., Wellington, E.M.H., 1997. Analysis of actinomycete communities by specific amplification of genes encoding 16S rRNA and gel-electrophoretic separation in denaturing gradients. *Appl. Environ. Microbiol.* 63, 3233–3241. <https://doi.org/10.1023/A:1000669317571>.
- Jenkins, J.R., Viger, M., Elizabeth C. A., Harris, M.Z, Ventura, M., (2017). Biochar alters the soil microbiome and soil function: results of next-generation amplicon sequencing across Europe. *Global Change Biology - Bioenergy*, 9 (3), pp.591-612. [10.1111/gcbb.12371](https://doi.org/10.1111/gcbb.12371). [ff10.1111/gcbb.12371](https://doi.org/10.1111/gcbb.12371). [ffhal01541800](https://doi.org/10.1111/gcbb.12371)
- Kloepper, J. W., Leong, J., Teintze, M., & Schroth, M. N. (1980). Enhanced plant growth by siderophores produced by plant growth-promoting rhizobacteria. In *Nature* (Vol. 286, Issue 5776, pp. 885–886). <https://doi.org/10.1038/286885a0>
- Kourtev, P., Ehrenfeld, J., Hågglom, M., 2003. Experimental analysis of the effect of exotic and native plant species on the structure and function of soil microbial communities. *Soil Biol. Biochem.* 35, 895–905. [https://doi.org/10.1016/S0038-0717\(03\)00120-2](https://doi.org/10.1016/S0038-0717(03)00120-2).
- Lane, D.J., 1991. 16S/23S rRNA sequencing. *Nucleic acid techniques in bacterial systematics* Pp. 115–175 in Stackebrandt E. and Goodfellow M., editors
- Lehmann, J., Rillig, M.C., Thies, J., Masiello, C.A., Hockaday, W.C., Crowley, D., 2011. Biochar effects on soil biota – A review. *Soil Biology and Biochemistry* 43, 1812–1836. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2011.04.022>
- Liu, J., Schulz, H., Brandl, S., Miehtke, H., Huwe, B. & Glaser, B., 2012. Short-term effect of biochar and compost on soil fertility and water status of a Dystric Cambisol in NE Germany under field conditions. *J. Plant Nutr. Soil Sci.* 175. 698–707.
- Nkebiwe, P. M., Weinmann, M., & Müller, T. (2016). Improving fertilizer-depot exploitation and maize growth by inoculation with plant growth-promoting bacteria: From lab to field. *Chemical and Biological Technologies in Agriculture*, 3(1), 1–16. <https://doi.org/10.1186/s40538-016-0065-5>
- Oksanen, A.J., Blanchet, F.G., Friendly, M., Kindt, R., Legendre, P., McGlenn, D., Minchin, P.R., Hara, R.B.O., Simpson, G.L., Solymos, P., Stevens, M.H.H., Szoecs, E., Wagner, H., 2018. *Vegan: Community Ecology Package*. R package version 2.5-2. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>
- Rékási, M., Szili-Kovács, T., Takács, T., Bernhardt, B., Puspán, I., Kovács, R., Kutasi, J., Draskovits, E., Molnár, S., Molnár, M., Uzinger, N., 2018. Improving the fertility of sandy soils in the temperate region by combined biochar and microbial inoculant treatments. *Archives of Agronomy and Arch. Agron. Soil Sci. Soil Science* 0, 1–14. <https://doi.org/10.1080/03650340.2018.1482536>
- Shyu, C., Soule, T., Bent, S.J., Foster, J.A., Forney, L.J., 2007. MiCA: a web-based tool for the analysis of microbial communities based on terminal-restriction fragment length polymorphisms of 16S and 18S rRNA genes. *Microb. Ecol.* 53, 562–570. <https://doi.org/10.1007/s00248-006-9106-0>

### **AZ ÉRTEKEZÉS TÉMÁJÁBAN MEGJELENT KÖZLEMÉNYEK**

- Kari, A.**, Nagymáté, Z., Romsics, C., Vajna, B., Tóth, E., Lazanyi-Kovács, R., Rizó, B., Kutasi, J., Bernhardt, B., Farkas, É., & Márialigeti, K. (2021). Evaluating the combined effect of biochar and PGPR inoculants on the bacterial community in acidic sandy soil. *Applied Soil Ecology*, 160(March 2020). <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2020.103856>
- Kari, A.**, Nagymáté, Z., Romsics, C., Vajna, B., Kutasi, J., Puspán, I., Kárpáti, É., Kovács, R., & Márialigeti, K. (2019). Monitoring of soil microbial inoculants and their impact on maize (*Zea mays* L.) rhizosphere using T-RFLP molecular fingerprint method. *Applied Soil Ecology*, 138(June 2018), 233–244. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2019.03.010>
- Farkas, É., Feigl, V., Gruiz, K., Vaszita, E., Fekete-Kertész, I., Tolner, M., Kerekes, I., Pusztai, É., **Kari, A.**, Uzinger, N., Rékási, M., Kirchkeszner, C., & Molnár, M. (2020). Long-term effects of grain husk and paper fibre sludge biochar on acidic and calcareous sandy soils – A scale-up field experiment applying a complex monitoring toolkit. *Science of the Total Environment*, 731, 138988. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.138988>

### **FONTOSABB KONFERENCIA KÖZLEMÉNYEK**

- Kari, A.**, Nagymáté, Z., Romsics, C., Kutasi, J., Kárpáti, É., Uzinger, N., Márialigeti, K. (2018). Monitoring the combined effect of biochar and plant growth promoting rhizobacteria soil amendments on acidic sandy soil. *Fiatal Biotechnológusok Országos Konferenciája*, Budapest, ISBN 978-963-315-370-3
- Kari, A.**, Nagymáté, Z., Rizó, B., Romsics, C., Puspán, I., Kovács, R., Kutas, J., Márialigeti, K. (2017). Monitoring the effect of common biochar and plant growth promoting rhizobacteria soil amendments. *Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica* 64, doi: 10.1556/030.64.2017.101
- Kari, A.**, Nagymáté, Z., Pohner, Zs., Rodrigues, Y.C., Medina, A.B., Romsics Cs., Kutasi J., Puspán I., Kárpáti É., Kovács R., Márialigeti, K. (2015). Monitoring of agricultural soil inoculations by molecular fingerprint method. *Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica* 62, doi: 10.1556/030.62.2015.Suppl.1