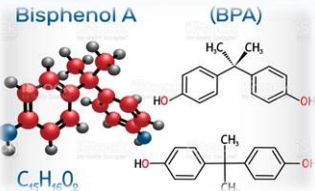


Różnorodność mikrobiomu w glebie zanieczyszczonej bisfenolem A obsianej rzepakiem jarym i kukurydzą

Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski
Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

WSTĘP

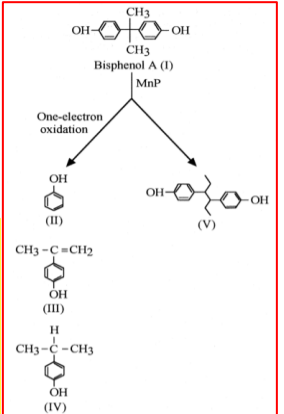


Struktura chemiczna bisfenolu A (2,2-bis(4-hydroksyfenilo) propanu) z podstawionymi dwiema fenolowymi grupami hydroksylowymi w pozycji para warunkuje jego dobrą reaktywność związaną z substytucją elektrofilową, przekształcaniem w etery, estry i sole oraz uleganie substytucji elektrofilowej takiej jak sulfonowanie, alkirowanie i nitrowanie.

Przewiduje się, że w 2022 roku, w Europejskim Obszarze Gospodarczym, roczna stopa produkcji lub importu BPA będzie wynosiła $10.6 \cdot 10^9$ kg

Grupa hydroksylowa BPA wchodzi w reakcje z jonami lub związkami binarnymi w glebie, tworząc estrogony zmieniające mobilność BPA w układzie gleba – roślina. W tkankach roślin BPA jest szybko metabolizowany w procesie glikozylacji bądź syntezy wysoce polarnych produktów polimerowych.

Za proces biodegradacji bisfenolu A odpowiadają monoooksygenazy: hydroksylaza fenolowa, pochodne cytochromu P-450; dioksygenazy: katecholowa 1,2-dioksygenaza, katecholowa 2,3-dioksygenaza oraz enzymy ligninolityczne: peroksydaza ligninowa, lakkaza, peroksydaza manganowa.



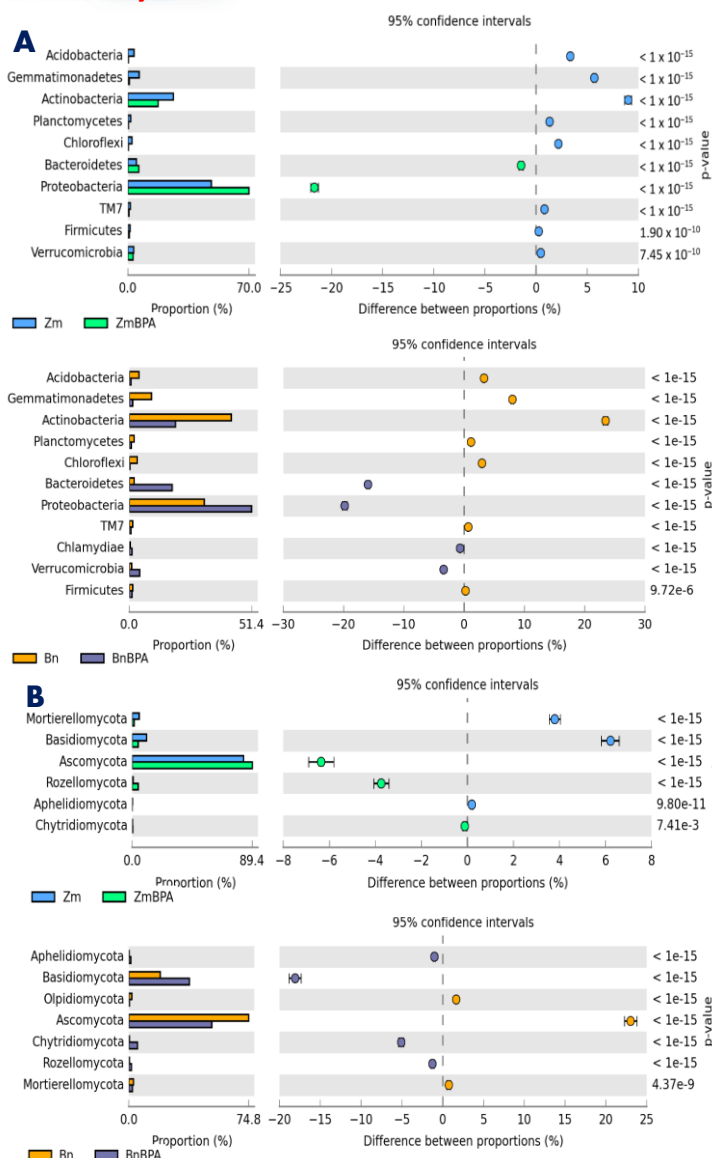
Cel badań

Brak szerokiej puli danych stanowiących matrycę do kształtującej się oceny skali potencjalnie inhibicyjnego oddziaływania BPA na mikrobiom glebowy, przyczynił się do ukonstytuowania celu badań. W przeprowadzonym eksperymencie określono wpływ BPA na liczebność i bioróżnorodność drobnoustrojów poszerzony o analizę wpływu tego bisfenolu na wzrost i rozwój rzepaku jarego (*Brassica napus*) oraz kukurydzy (*Zea mays*).

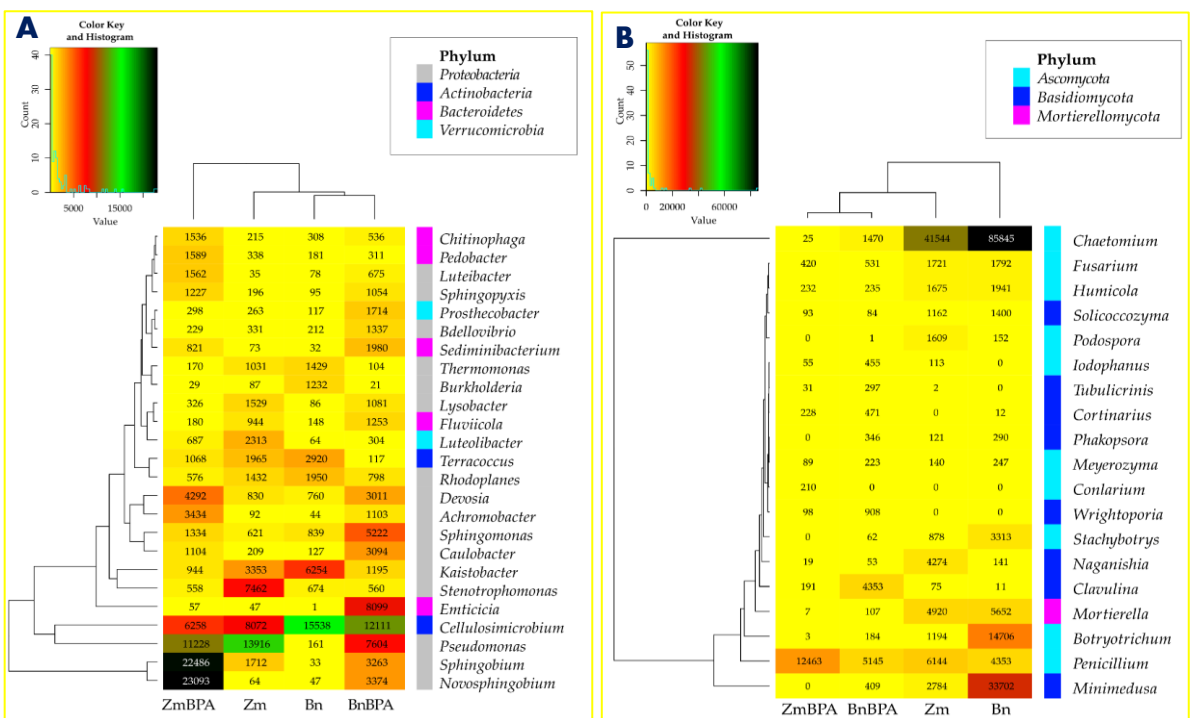
Materiały i Metody

Badania wykonano w doświadczeniu wazonowym, aplikując do gleby następujące ilości BPA: 0, 10, 100, 1000 mg BPA kg^{-1} s.m. gleby. Skład mikrobiomu gleby oznaczono metodą hodowlaną i metagenomiczną. Kondycję gleby zweryfikowano określając wartości wskaźników: rozwoju kolonii (CD) i ekofizjologicznej różnorodności (EP) mikroorganizmów, tolerancji mikroorganizmów i roślin (TI_{BPA}), stosunku masy części nadziemnych do korzeni roślin (PR) oraz zieloności liści SPAD.

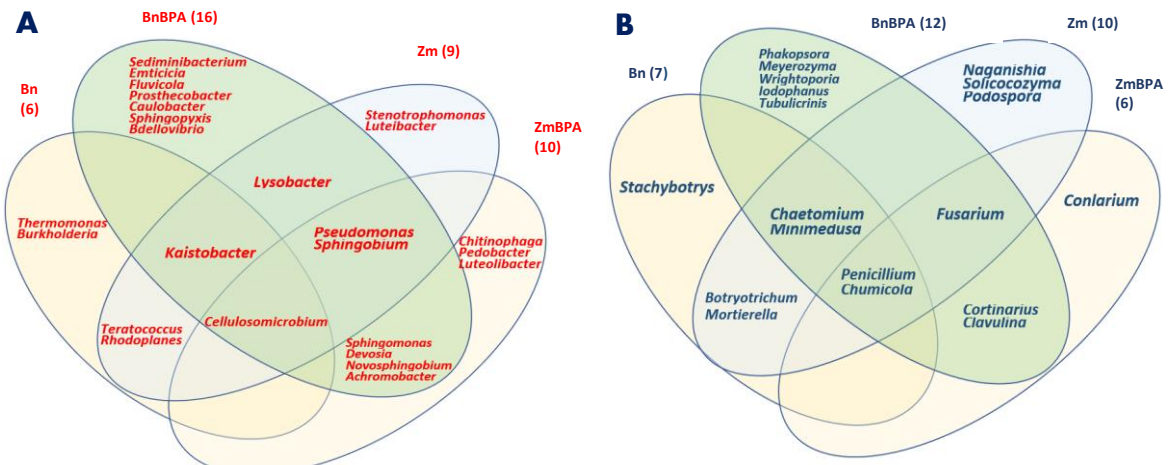
Wyniki



Rys. 1. Porównanie względnej liczebności OTU $\geq 1\%$ phylum bakterii (A) i grzybów (B) w glebie zanieczyszczonej BPA, obsianej rzepakiem jarym (Bn) i kukurydzą (Zm)



Rys. 2. Liczebność OTU $\geq 1\%$ rodzajów bakterii (A) i grzybów (B) w glebie zanieczyszczonej BPA, obsianej Bn i Zm



Rys. 3. Liczba unikalnych i wspólnych rodzajów bakterii (A) i grzybów (B) w glebie zanieczyszczonej BPA, obsianej Bn i Zm

Wnioski

1. Analiza metagenomiczna wykazała, że *Proteobacteria* były dominującym phylum bakterii, a *Ascomycota* grzybów. Niezależnie od gatunku uprawianej rośliny, związek fenolowy zmniejszał obfitość OTU *Actinobacteria*.
2. Wyłoniono również mikroorganizmy o potencjale bioremediacyjnym w stosunku do BPA, do których należą bakterie z rodzaju *Novosphingobium* i *Sphingomonas*, oraz grzyby z rodzaju *Penicillium*.
3. Reprezentantami mikroorganizmów najwrażliwszych na presję związku fenolowego okazały się *Stenotrophomonas* i *Cellulosimicrobium* wśród bakterii i *Chaetomium* wśród grzybów.
4. Stres biotyczny związany z ingerencją BPA wywołał zróżnicowane reakcje, zarówno wśród bakterii, promieniowców jak i grzybów. Zmieniał strukturę mikrobiomu z strategii k na strategię r.
5. Wrażliwość kukurydzy oraz rzepaku jarego na BPA wyklucza te gatunki z grupy roślin uprawnych skutecznie przywracających homeostazę gleby zanieczyszczonej tym związkiem fenolowym.