

Znikający azot w rzece na obszarze silnie zurbanizowanym - czy badania metataksonomiczne składu populacji bakterii i grzybów pomogą go odnaleźć?

Anna Lenart-Boroń¹, Anna Bojarczuk², Piotr Boroń³, Natalia Czernecka⁴

¹Katedra Mikrobiologii i Biomonitoringu, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

²Zakład Hydrologii, Instytut Geografii i Gospodarki Przestrzennej, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

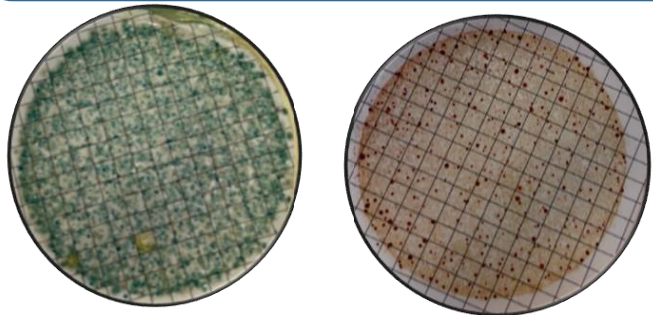
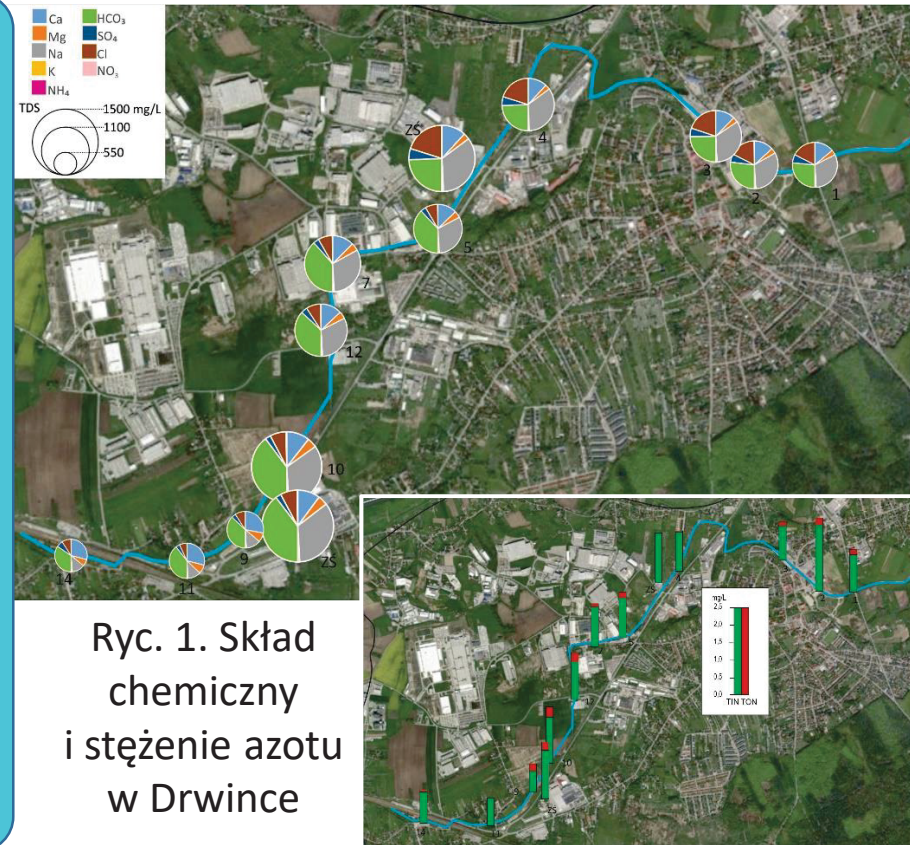
³Katedra Ochrony Ekosystemów Leśnych, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

⁴Koło Naukowe Biotechnologów „HELISA”, Sekcja Mikrobiologii, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie

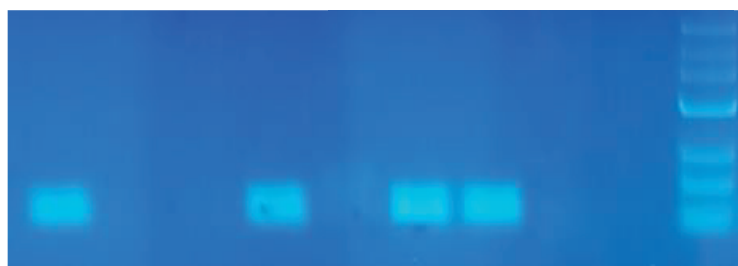
Badania przeprowadzono w na rzece Drwince, wzdłuż Niepołomickiej Strefy Inwestycyjnej (Ryc. 1), gdzie analizy hydrochemiczne wykazały nietypowo jak na silnie antropogenicznie zmienione wody (Ryc. 2), niskie stężenia biogenów, zwłaszcza NO_3 , NO_2 i PO_4 , wskazując na obecność zjawisk przyczyniających się do ich zmniejszania.

Zbadano:

- liczebność bakteryjnych wskaźników zanieczyszczenia mikrobiologicznego i bakterii biorących udział w przemianach azotu (hodowla na podłożach wybiórczych)
- Obecność genów kodujących enzymy zaangażowane w procesy nityfikacji (*amoA*) i denityfikacji (*napA*, *narG*, *nirK*, *nirS*, *nosZ*) (techniką PCR)
- skład populacji bakterii i grzybów (sekwencjonowanie NGS: region V3-V4 16S rRNA i ITS)

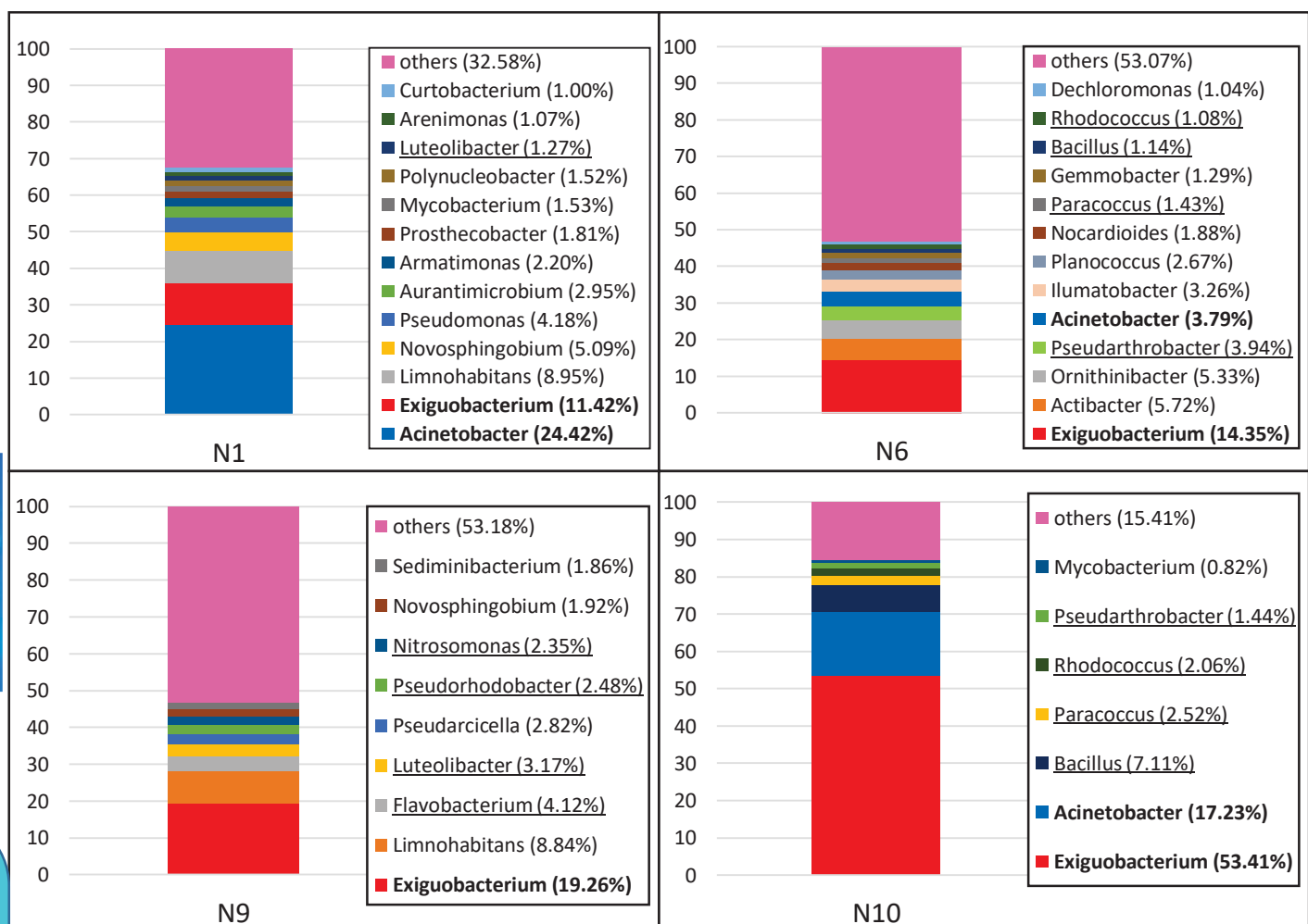


Ryc. 2. W badanych próbkach występowały bardzo licznie bakterie *E. coli* i *E. faecalis*



Ryc. 3. gen *nirS* (256 pz)

W ośmiu próbkach wody wykryto obecność genu *nirS* (Ryc. 3), kodującego reduktazę azotynową, biorącą udział w procesie denityfikacji. W jednej próbce wykryto gen *amoA*, kodujący α -podjednostkę monoooksygenazy amonowej, biorącej udział w procesie nityfikacji.



Ryc. 4. Skład populacji bakteryjnej w czterech badanych punktach

Wyniki sekwencjonowania NGS wskazały na dominujący udział bakterii wiążących azot atmosferyczny, nityfikatorów i denityfikatorów (tj. *Exiguobacterium*, *Acinetobacter*, *Flavobacterium*, *Pseudarthrobacter*, *Nitrosomonas*, *Paracoccus* i in. (Ryc. 4). Wyniki sugerują konieczność poszerzenia zakresu analiz NGS 16S rDNA o dodatkowe lokalizacje.