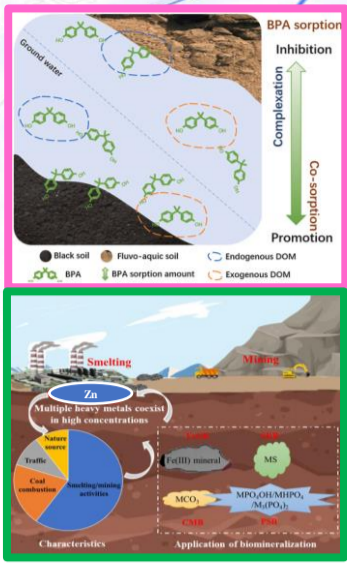


# ODPOWIEDŹ MIKROBIOMU GLEBY NA INDYWIDUALNĄ I POŁĄCZONĄ TOKSYCZNOŚĆ BISFENOLU A I CYNKU

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

Wstęp



Rys. 1. Transformacja BPA [1] i cynku [2] w glebie

Zachowanie różnorodności biologicznej, a tym samym zapobieganie degradacji gleb jest jednym z priorytetowych trendów wytyczonych w zarządzaniu środowiskiem glebowym. Zdefiniowanie go jest wynikiem rosnącego zainteresowania bisfenolem A (BPA), jednym z najniebezpieczniejszych komponentów plastifikatorów, którego światowa produkcja spektakularnie poszerza swój zasięg. W roku 2023 oscylowała ona na poziomie  $7.3 \times 10^9$  kg, prowadząc do wysokiej częstotliwości występowania tego związku fenolowego w glebach, również w kompilacji z innymi zanieczyszczeniami, w tym cynkiem ( $Zn^{2+}$ ). Skala zanieczyszczenia gleb rolniczych metalami ciężkimi przekłada się bowiem na 20 milionów hektarów gruntów. Konsekwencje rozproszenia tych ksenobiotyków w środowisku odnoszą się niezaprzeczalnie do ingerencji w mikrobiom gleb.

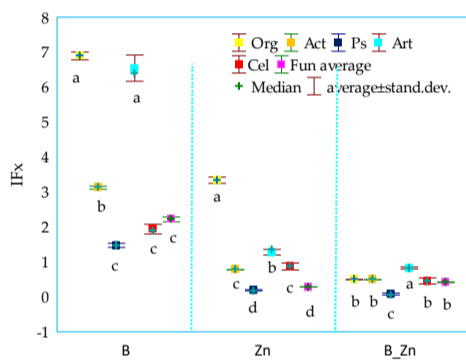
Celem badań było określenie odpowiedzi mikrobiomu glebowego, w tym jego bioróżnorodności, aktywności siedmiu enzymów glebowych i liczebności sześciu grup drobnoustrojów zarówno na indywidualną jak i połączoną toksyczność BPA oraz cynku, co pozwoliło na zweryfikowanie skali zaburzeń gleby poddanej kontaminacji tymi ksenobiotykami.

## Materiały i Metody

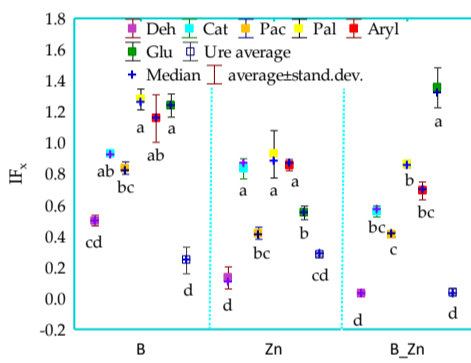
Badania przeprowadzono w glebie obsianej sorgo (*Sorghum Moench*) oraz proso różgowe (*Panicum virgatum*), poddanej presji BPA i  $Zn^{2+}$  na poziomie: 0 i 1000 mg BPA i 1000 mg  $Zn^{2+}$   $kg^{-1}$  s.m. gleby oraz kompilacji BPA i  $Zn^{2+}$  w dawkach po 1000 mg  $kg^{-1}$  s.m. gleby. Skład mikrobiomu glebowego określono metodami hodowlanymi i metagenomicznymi. Oznaczono liczebność sześciu grup hodowlanych mikroorganizmów, wskaźnik rozwoju kolonii (CD) oraz indeks ekofizjologicznej różnorodności (EP) bakterii organotroficznych, promieniowców i grzybów oraz różnorodność genetyczną bakterii i grzybów. Prześladowano również reakcję siedmiu enzymów glebowych: dehydrogenazy, ureazy, katalazy, fosfatazy kwaśnej, fosfatazy alkalicznej, arylosulfatazy i  $\beta$ -glukozydazy. Potencjalnie negatywne oddziaływanie zanieczyszczeń na mikrobiom gleby niwelowano poprzez zastosowanie kwasów humusowych.

## Wyniki

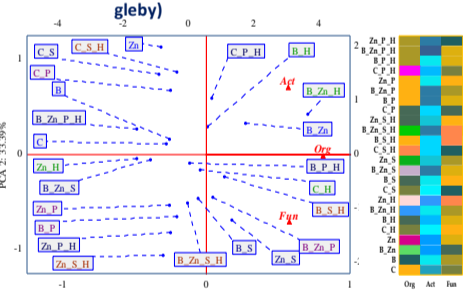
Skutki stresu biotycznego spowodowanego zanieczyszczeniem gleby BPA i cynkiem odzwierciedliła nie tylko liczebność, ale także tempo rozwoju (CD) i ekofizjologiczna różnorodność mikroorganizmów hodowlanych (rys. 2, rys. 4). Zaaplikowane do gleby ksenobiotyki zarówno pojedynczo jak i w kompilacji BPA i cynku odegrały również istotną rolę w kształtowaniu różnorodności mikrobiologicznej (rys. 6, rys. 7, rys. 8) oraz aktywności biochemicznej gleby (rys. 3). Rozpoznano również przydatność kwasu humusowego w odnowie biologicznej gleby wyeksponowanej na indywidualną i połączoną toksyczność bisfenolu A i cynku (rys. 5).



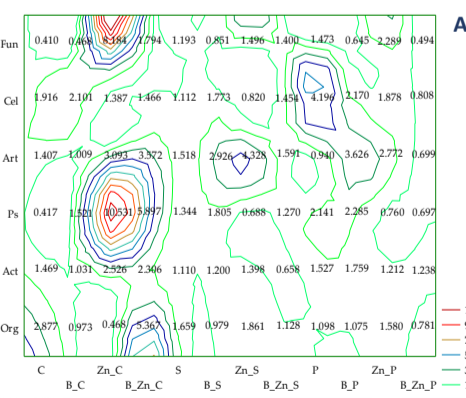
Rys. 2. Liczebność Org, Act ( $10^9$ ), Ps ( $10^8$ ), Art ( $10^8$ ), Cel ( $10^8$ ) w glebie, ( $cfu \cdot 10^6 \cdot kg^{-1}$  s.m. gleby)



Rys. 3. Aktywność Deh (mM TFF), Cat (M  $O_2$ ), Ure (mMol N- $NH_4$ ), Pal, Pac, Glu i Aryl (mMol 4-nitrofenol PN) w glebie, ( $kg^{-1}$  s.m. gleby  $h^{-1}$ )



Rys. 4. Wskaźnik rozwoju kolonii (CD) (A) i współczynnik ekofizjologicznej różnorodności (EP) (B) Org, Act i Fun w glebie



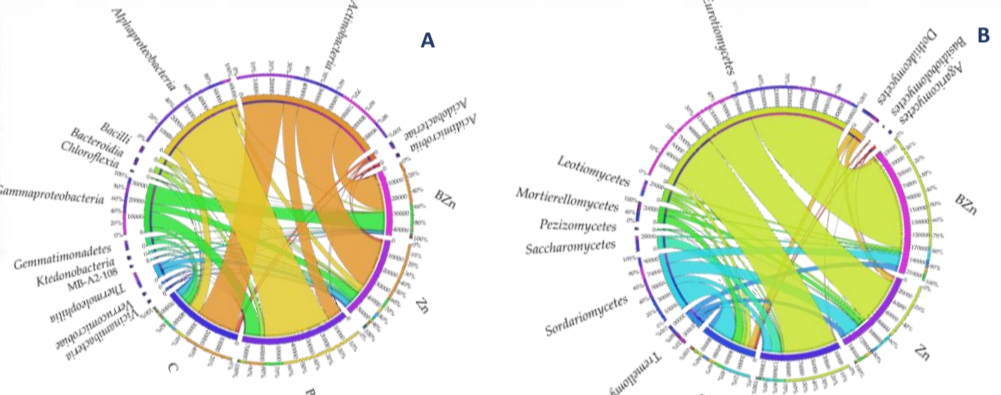
Rys. 5. Współczynniki wpływu ( $IF_x$ ) kwasu humusowego na liczebność mikroorganizmów (A) i aktywność enzymów (B) w glebie

### Objaśnienie skrótów

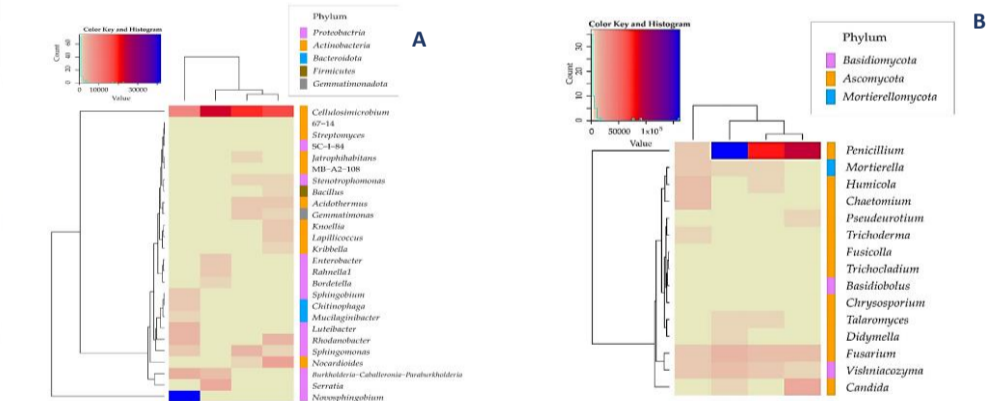
B – Bisfenol A; Zn – jony cynku ( $Zn^{2+}$ ); Org – bakterie organotroficzne; Act – promieniowce; Fun – grzyby; Ps – *Pseudomonas* sp.; Art – *Arthrobacter* sp.; Cel – bakterie celulozowe; Deh – dehydrogenaza; Cat – katalaza; Ure – ureaza; Pal – fosfataza alkaliczna; Pac – fosfataza kwaśna; Glu –  $\beta$ -glukozydaza; Aryl – arylosulfataza; C – gleba niezanieczyszczona, H – kwas humusowy, S – *Sorghum Moench*, P – *Panicum virgatum*;

## Wnioski

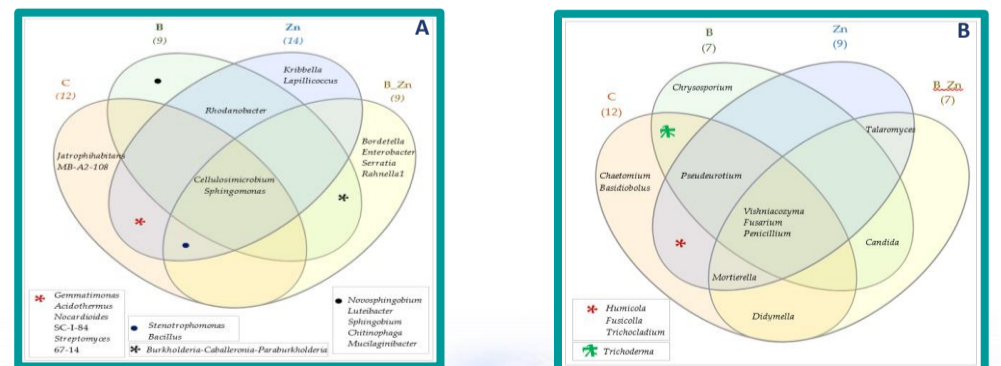
- Połączona toksyczność miała większą negatywną siłę oddziaływania na aktywność mikrobiologiczną oraz biochemiczną gleby niż pojedynczo aplikowany do gleby BPA i cynk.
- BPA jako jedyny stymulował namnażanie się mikroorganizmów, z kolei cynk w mniejszym stopniu obniżał różnorodność bakterii i grzybów.
- We wszystkich obiektach stwierdzono dominację przedstawicieli bakterii przypisanych do phylum *Actinobacteriota* i *Proteobacteria* oraz grzybów pleśniowych do phylum *Ascomycota* i *Basidiomycota*.
- Wyodrębniono unikalne rodzaje bakterii dla bisfenolu BPA: *Novosphingobium*, *Luteibacter*, *Sphingobium*, *Chitinophaga*, *Mucilaginibacter*, dla  $Zn^{2+}$ : *Knoellia*, *Lapilicoccus*, *Kribella*, a dla BPA +  $Zn^{2+}$ : *Serratia*, *Enterobacter*, *Rahnella1* i *Bordetella*. Spośród grzybów pleśniowych wyłoniono, niezależnie od rodzaju zanieczyszczenia, trzy dominujące rodzaje: *Penicillium*, *Fusarium* i *Vishniacozyma*.
- Kwas humusowy wzmacniał aktywność ureazy oraz namnażanie się bakterii organotroficznych i *Pseudomonas* sp.
- Sorgo* (*Sorghum Moench*) okazało się rośliną dużo bardziej wrażliwą na zanieczyszczenie gleby ksenobiotykami niż proso różgowe (*Panicum virgatum*).



Rys. 6. Względna liczebność dominujących klas bakterii (A) i grzybów (B) w glebie, OTU  $\geq 1\%$



Rys. 7. Mapa ciepła liczebności rodzajów bakterii (A) i grzybów (B) w glebie, OTU  $\geq 1\%$



Rys. 8. Wspólne i unikalne rodzaje bakterii (A) i grzybów (B), OTU  $\geq 1\%$