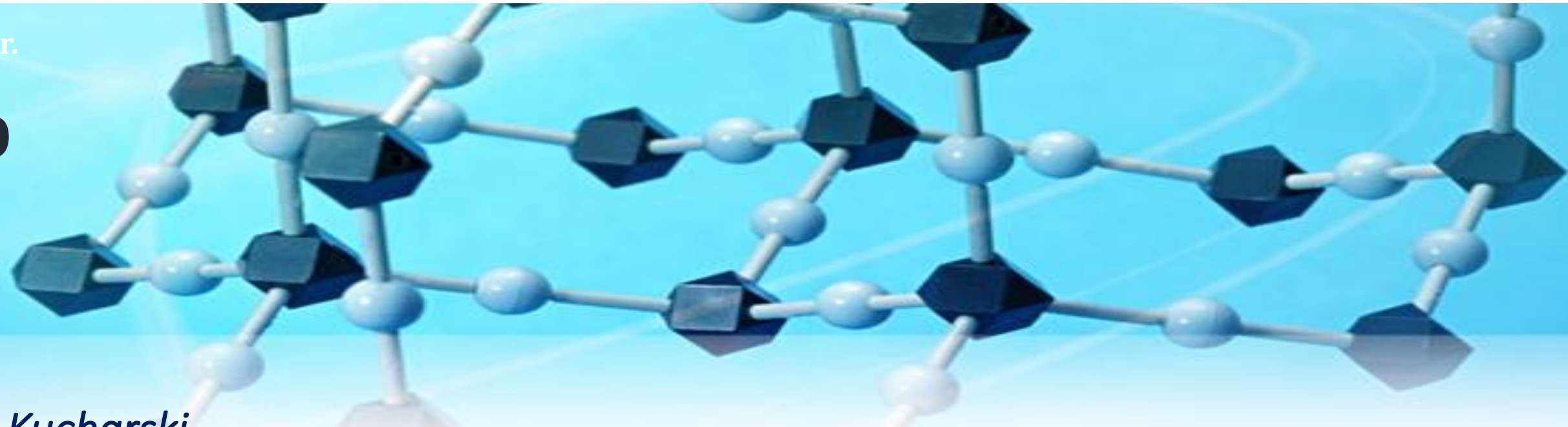
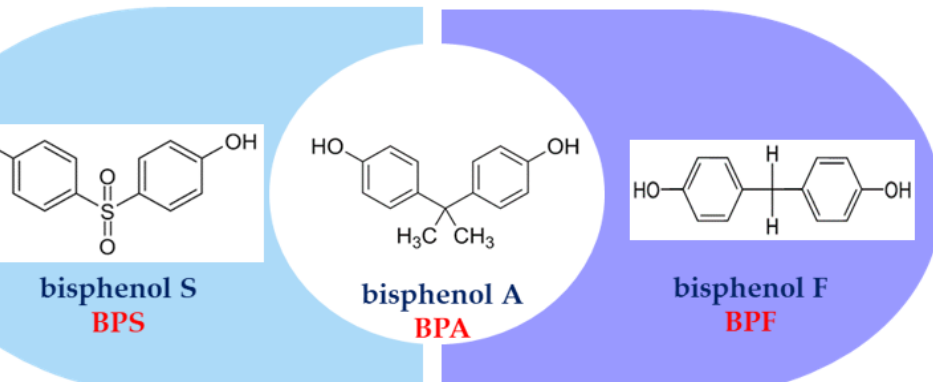


# Odpowiedź roślin i mikrobiomu gleb na zanieczyszczenie bisfenolem A, bisfenolem S i bisfenolem F



## Wstęp

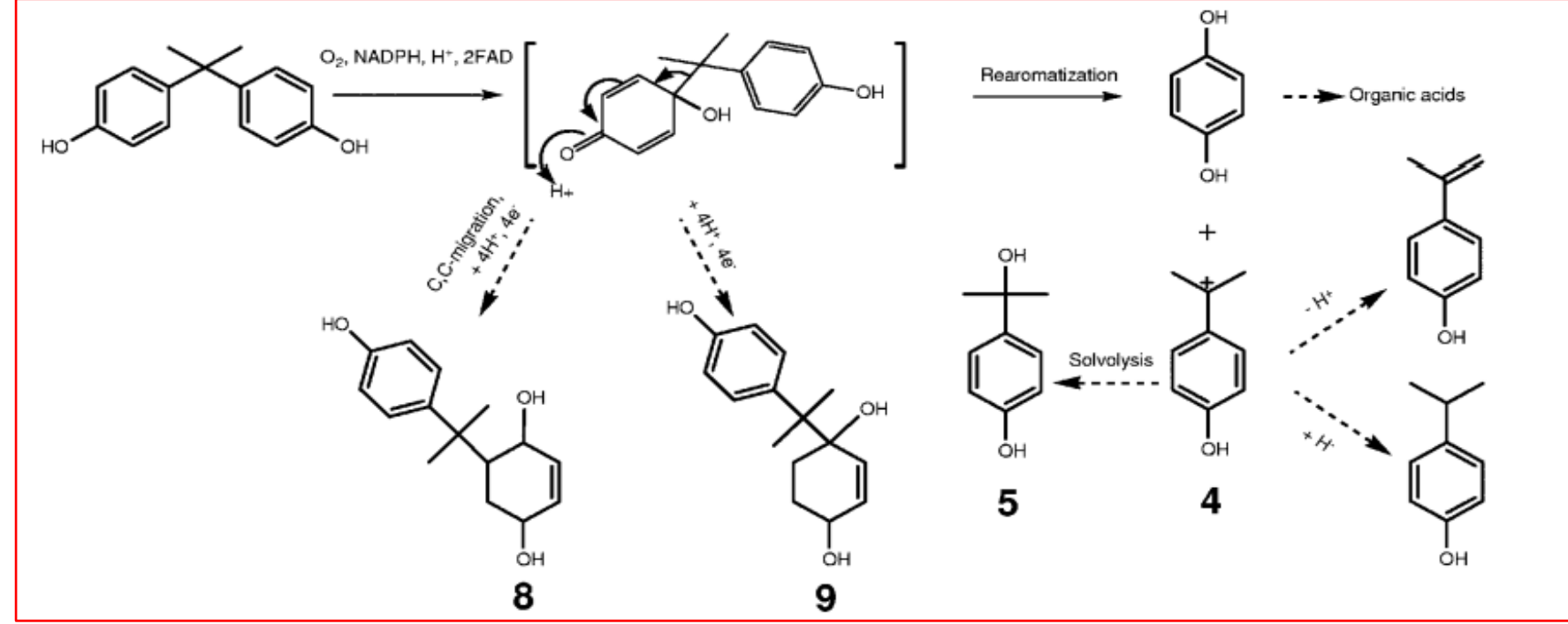
Magdalena Zaborowska, Jadwiga Wyszowska, Agata Borowik, Jan Kucharski  
Katedra Gleboznawstwa i Mikrobiologii, Uniwersytet Warmińsko – Mazurski w Olsztynie



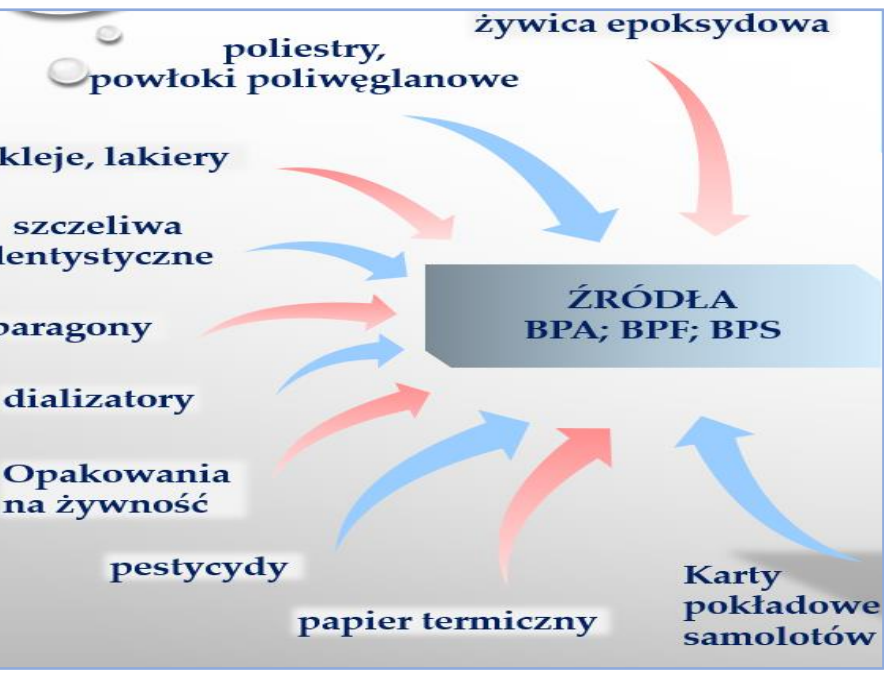
Grupa bisfenoli składa się ze związków chemicznych, które w swojej strukturze molekularnej zawierają dwie hydroksyfenylowe grupy funkcyjne. Najbardziej znanym jest BPA (BPA), który jest syntetycznym związkiem chemicznym mającym szerokie zastosowanie komercyjne na całym świecie. W przemyśle chemicznym zastosowano już szesnaście analogów BPA, których głównymi zamiennikami są bisfenol S (BPS) i bisfenol F (BPF).

Przyczyną rosnącej migracji bisfenoli do środowiska jest produkcja, przetwarzanie i hydroliza polimerów, co powoduje uwalnianie monomerów bisfenoli do ekosystemów i żywności. Bisfenole określa się mianem „substancji priorytetowych”. Koncepcja ta uwzględnia zestawienie toksyczności i ich częstotliwości występowania w środowisku. Kluczowym procesem regulującym stężenie, ruchliwość i toksyczność bisfenoli w środowisku jest ich sorpcja w glebie, zdeterminowana obecnością materii organicznej (OM), wilgotnością gleby, która wpływa na rozpuszczalność, a tym samym dostępność związków fenolowych oraz pH gleby.

Mikroorganizmy pośrednio uczestniczą w wielu katabolicznych reakcjach biochemicznych inicjujących proces biodegradacji bisfenolu. Odpowiedzialne są za nie monoooksygenazy dokonujące hydroksylacji pierścienia aromatycznego. Dioksygenazy są również kluczowymi enzymami na szlaku biodegradacji tlenowej (Rys. 1). Głównym celem badań było określenie skali inhibicyjnego oddziaływania BPA, BPF i BPS na liczebność i różnorodność biologiczną mikrobiomu glebowego, aktywność biochemiczną gleby oraz plonowanie roślin uprawnych.



Rys.1. Ścieżka biodegradacji bisfenoli

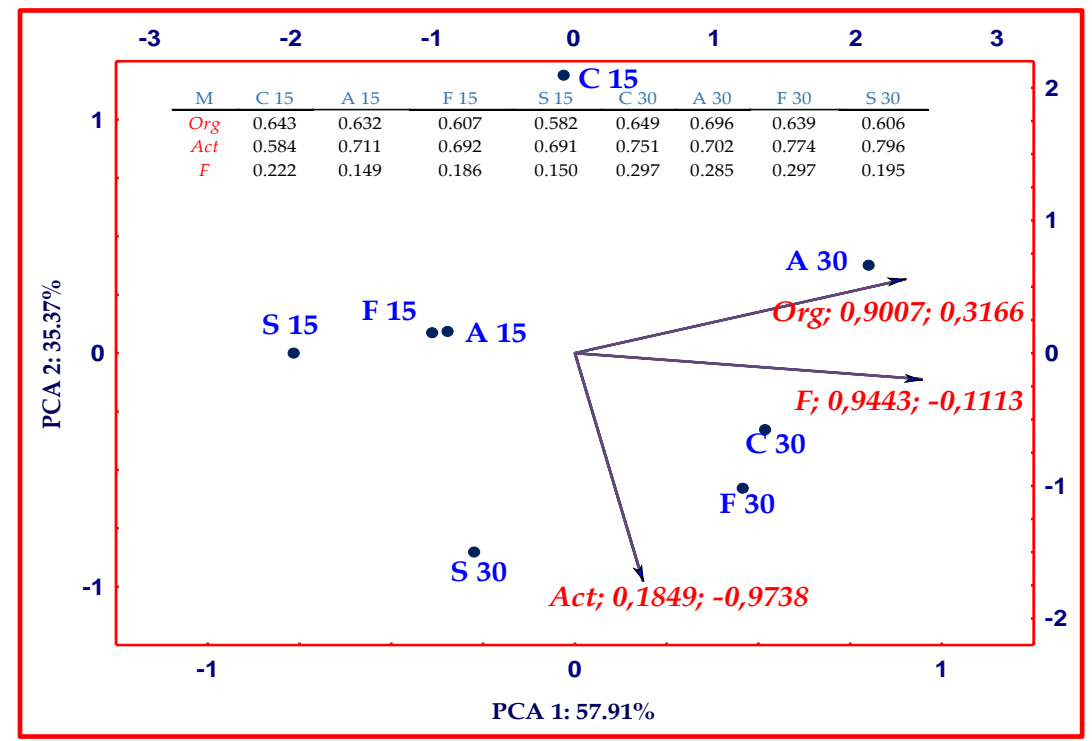
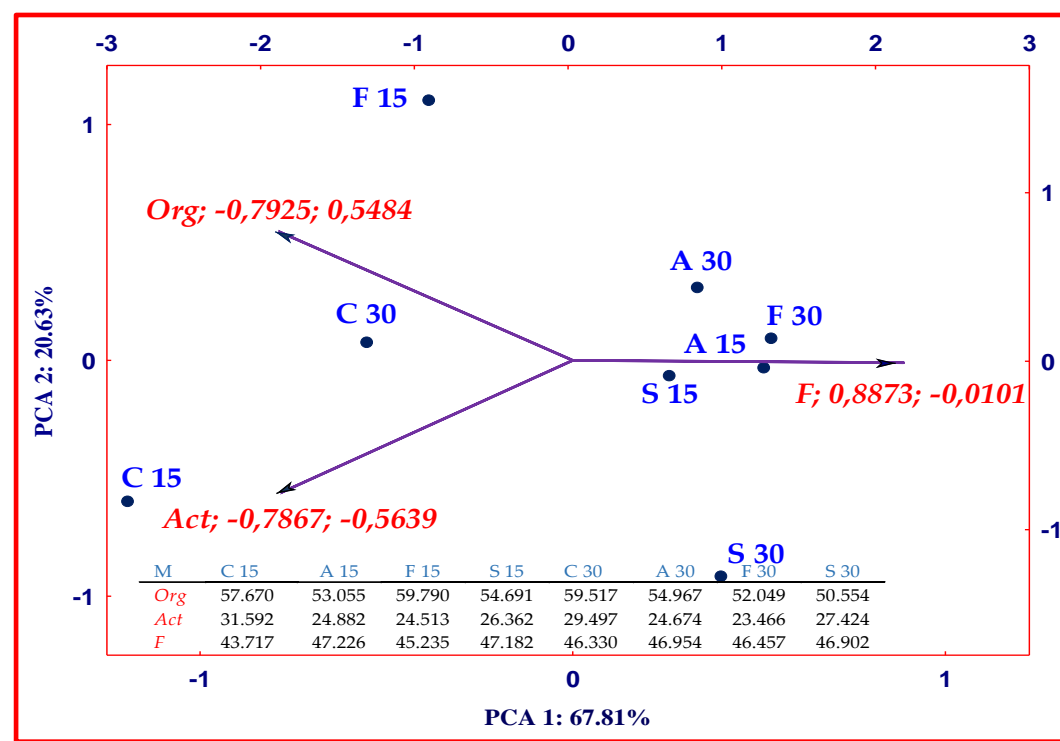
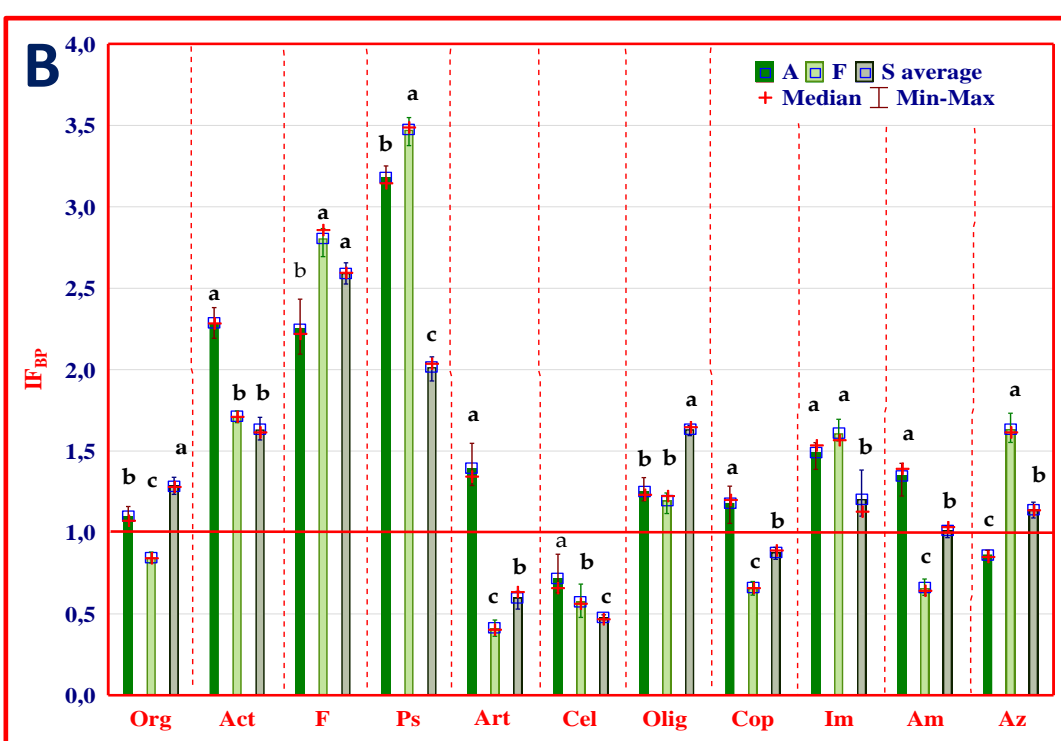
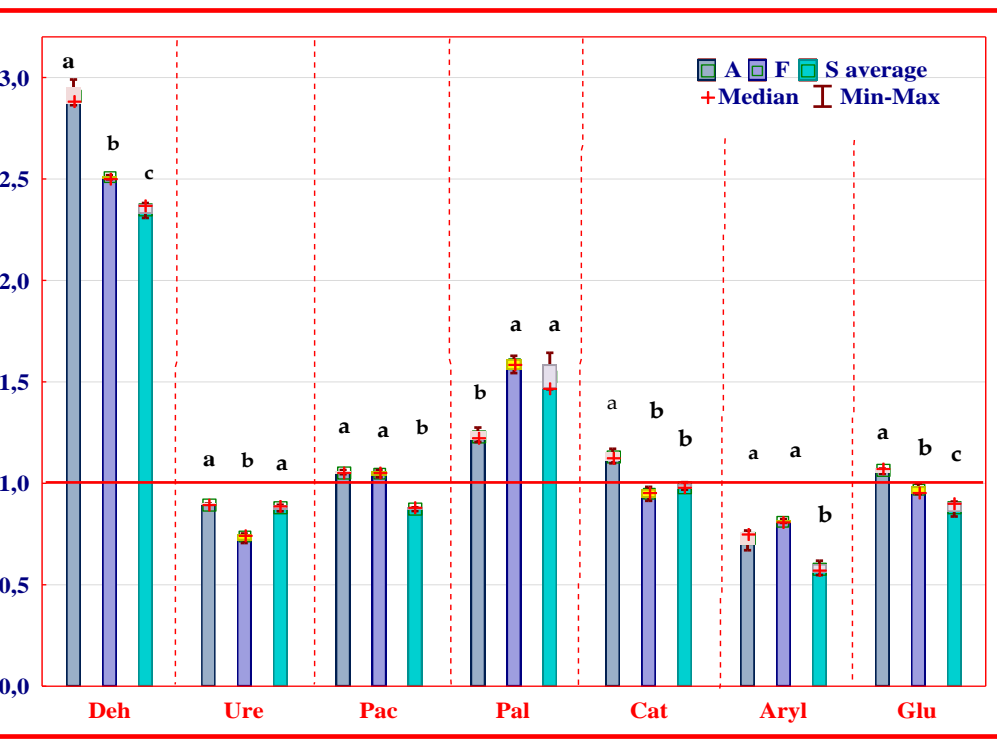


## Materiały i metody

Z racji braku precyzyjnych danych na temat potencjalnej toksyczności BPA, BPF i BPS wobec aktywności mikrobiologicznej i biochemicznej gleby, przeprowadzono badania laboratoryjne i wazonowe, podczas których skażono glebę bisfenolami i obsiano ją wybranymi gatunkami roślin uprawnych. Skład mikrobiomu glebowego określono metodami inkubacyjnymi i metagenomicznymi. Oznaczono także aktywność siedmiu enzymów glebowych. Podjęto także próbę przywrócenia homeostazy gleb zdegradowanych przez zanieczyszczenia organiczne. W tym celu zastosowano biostymulację gleby *Chlorella* sp. i rhamnolipid 90, a także bioaugmentację z wykorzystaniem konsorcjum bakterii i konsorcjum grzybów pleśniowych.

## Wyniki

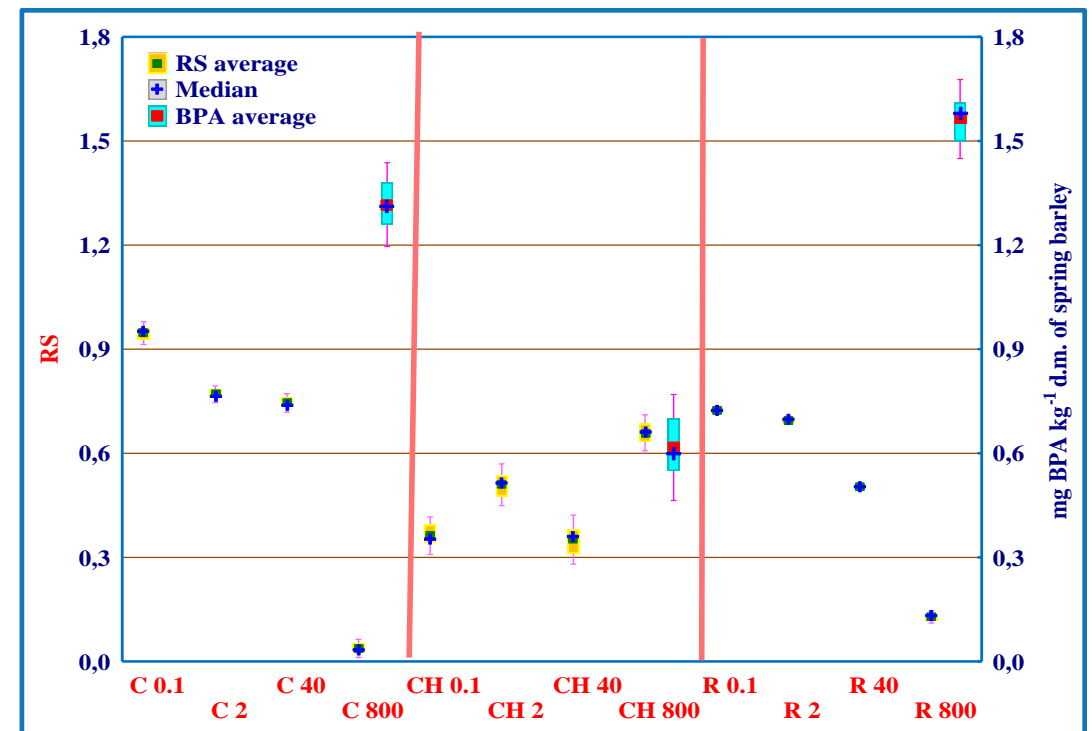
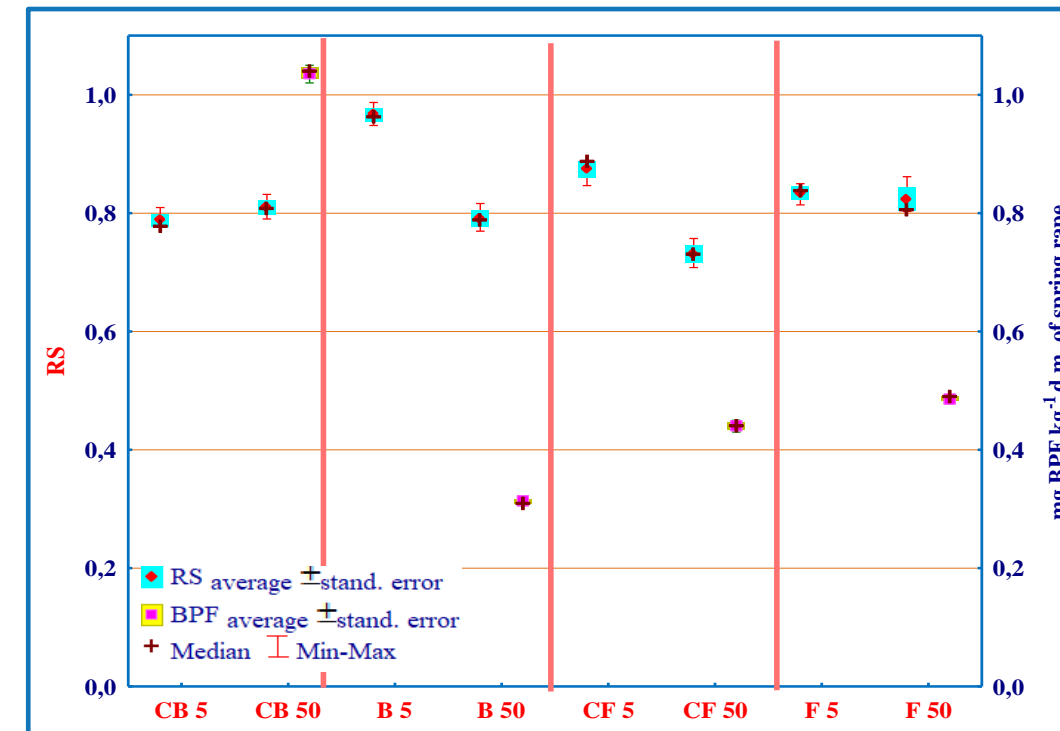
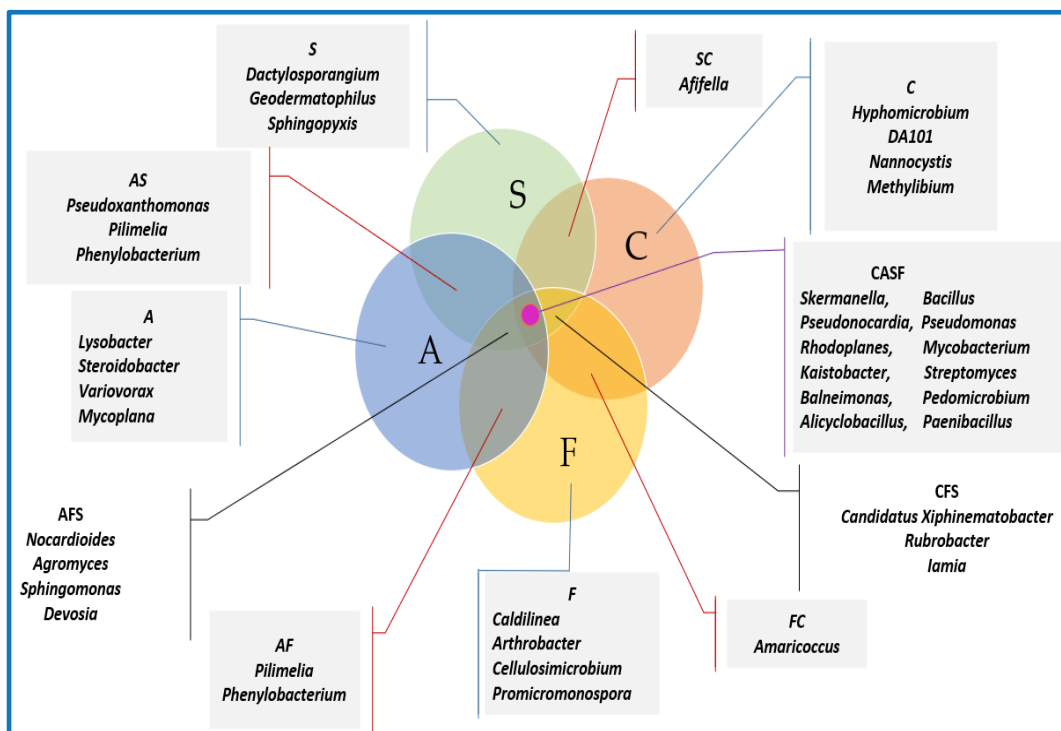
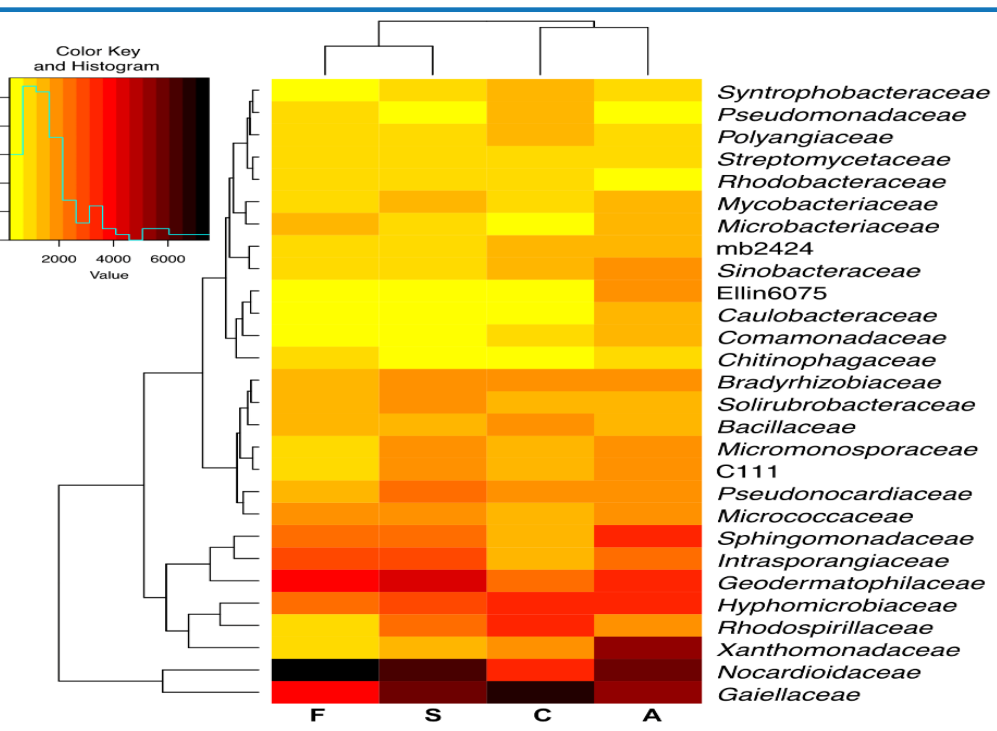
Skutki stresu biotycznego wywołanego zanieczyszczeniem gleby bisfenolami znalazły odzwierciedlenie zarówno w liczebności, tempie rozwoju (CD), jak i różnorodności ekofizjologicznej hodowanych mikroorganizmów (rys. 2B, rys. 3, rys. 4). BPA, BPF i BPS odegrały również ważną rolę w kształtowaniu aktywności biochemicznej (rys. 2A) i różnorodności mikrobiologicznej gleby (rys. 5, rys. 6). Wzrost i rozwój rzepaku jarego (*Brassica napus*) pod wpływem bisfenoli (ryc. 7) został zahamowany w większym stopniu niż jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) (rys. 8). Większy potencjał biostymulacyjny stwierdzono w przypadku *Chlorella* sp. niż rhamnolipid 90 (rys. 9) oraz potencjał bioaugmentacji w przypadku konsorcjum bakterii niż konsorcjum grzybów (rys. 10).



Rys. 2. Współczynnik wpływu bisfenoli (IF<sub>BP</sub>) na aktywność enzymów (A) i liczebność mikroorganizmów (B) w glebie zanieczyszczonej BPA, BPF i BPS

Rys. 3. Indeks rozwoju kolonii (CD) Org, Act i F w glebie zanieczyszczonej BPA, BPF i BPS

Rys. 4. Indeks ekofizjologicznej różnorodności (EP) Org, Act i F w glebie zanieczyszczonej BPA, BPF i BPS

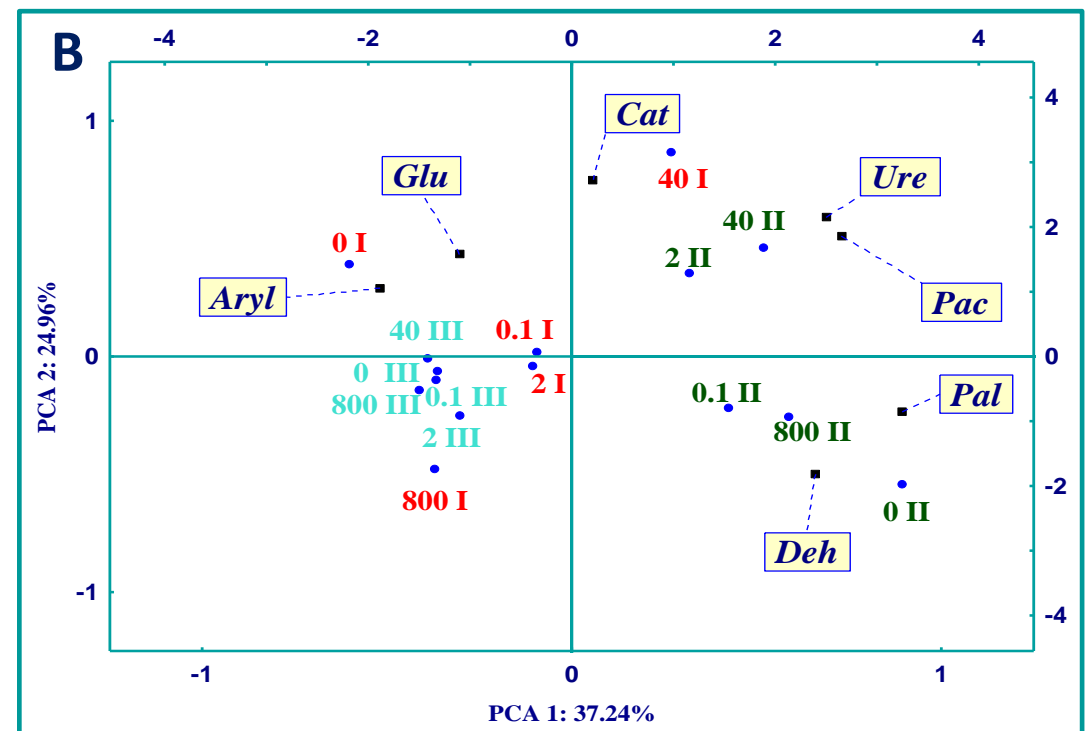
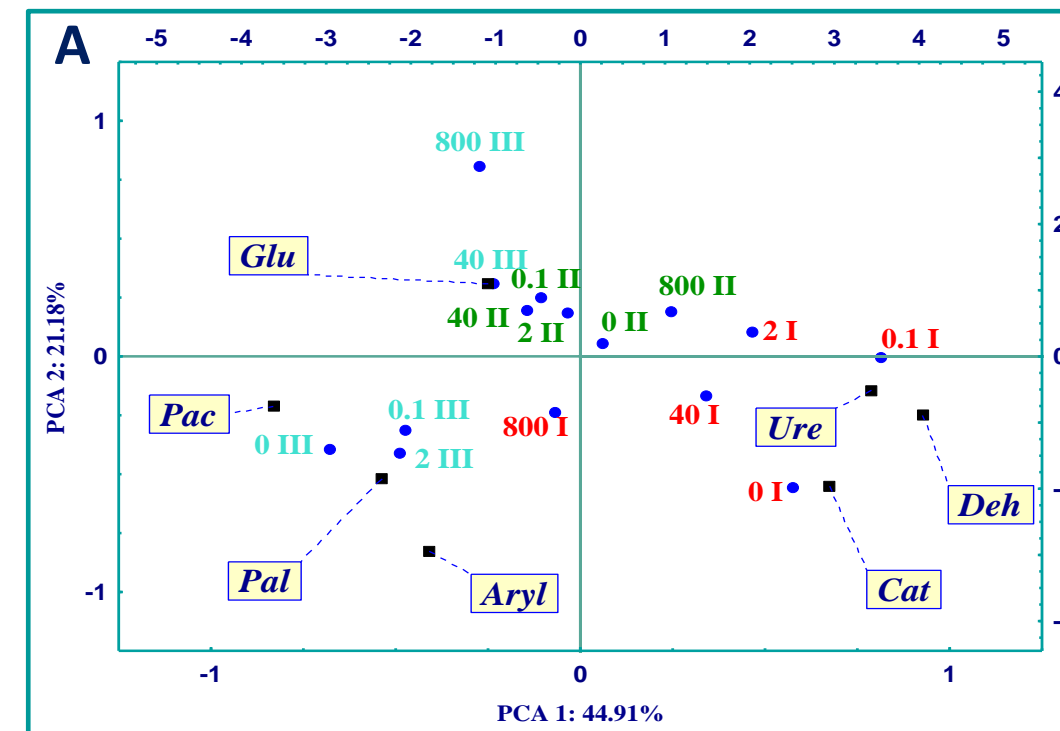
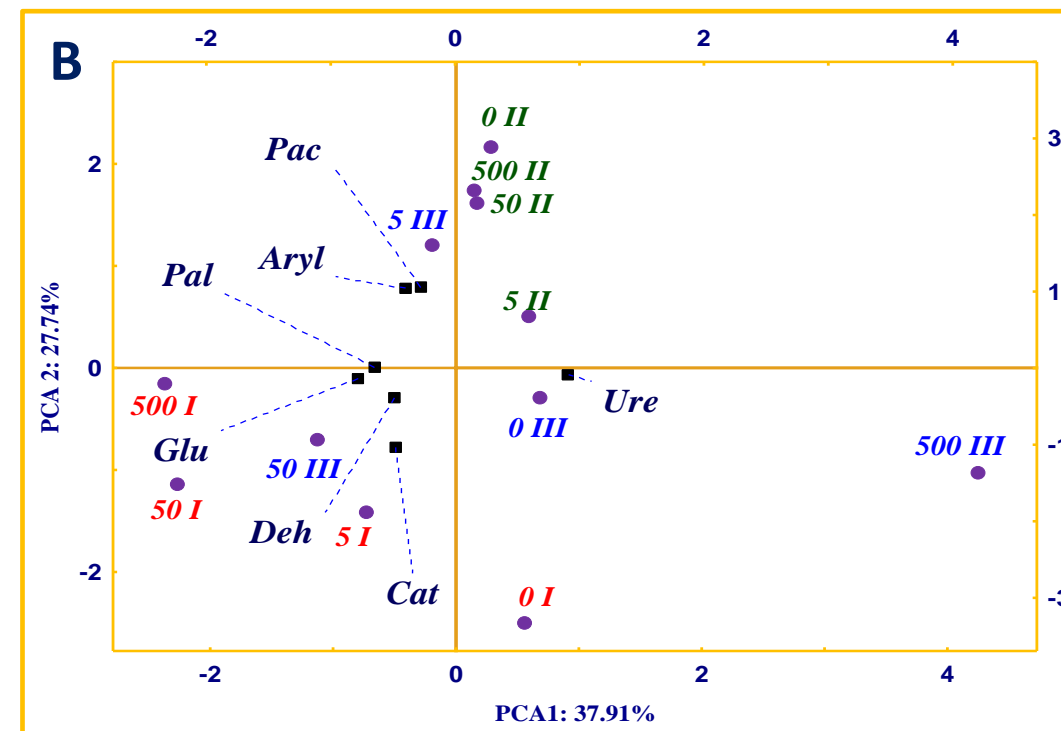
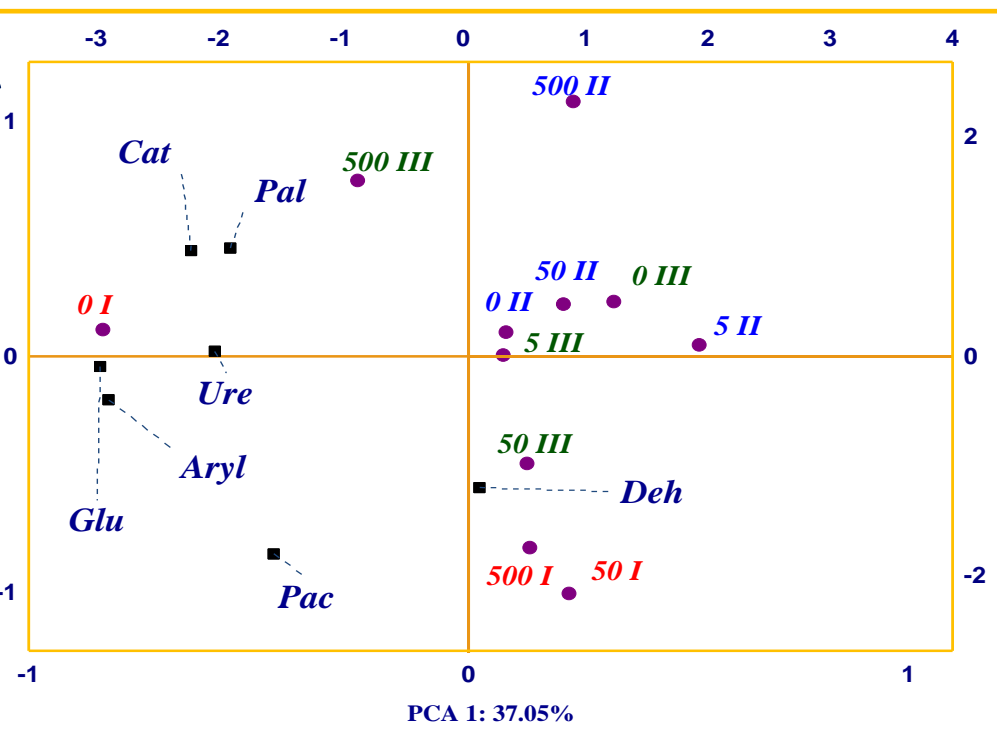


Rys. 5. Mapa ciepła i liczba rodzin bakterii w glebie z różnicą proporcji ≥ 1% w glebie zanieczyszczonej BPA, BPF i BPS

Rys. 6. Diagram Venna przedstawiający unikalne rodzaje bakterii oparte na wszystkich danych OTU w glebie zanieczyszczonej BPA, BPF i BPS

Rys. 7. Wskaźnik oporności rzepaku jarego (*Brassica napus*) (RS) zależny od poziomu zanieczyszczenia gleby BPF

Rys. 8. Wskaźnik oporności jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) (RS) zależny od poziomu zanieczyszczenia gleby BPA



Rys. 9. Współczynnik wpływu konsorcjum bakterii (IF<sub>BC</sub>) (A) i konsorcjum grzybów (IF<sub>BR</sub>) (B) na aktywność enzymatyczną w glebie zanieczyszczonej 0; 5; 50; 500 mg BPF kg<sup>-1</sup> s.m. gleby, czas inkubacji: I – 5 dzień, II – 30 dzień, III – 60 dzień badań

Rys. 10. Współczynnik wpływu *Chlorella* sp. (IF<sub>BC</sub>) (A) i rhamnolipidu 90 (IF<sub>BR</sub>) (B) na aktywność enzymatyczną w glebie zanieczyszczonej 0; 0,1; 2; 40; 800 mg BPA kg<sup>-1</sup> s.m. gleby, czas inkubacji: I – 5 dzień, II – 15 dzień, III – 45 dzień badań

**Objaśnienie skrótów** A – BPA; S – BPS; F – BPF; Deh – dehydrogenazy; Cat – katalaza; Ure – ureaza; Pal – fosfatasa kwaśna; Pac – fosfatasa alkaliczna; Glu – β-glukozydaza; Aryl – arylosulfatasa; Org – bakterie organotroficzne; Act – promieniowce; F – grzyby; Ps – *Pseudomonas* sp., Art – *Arthrobacter* sp., Cel bakterie celulozyczne; Olig – bakterie oligotroficzne; Cop – bakterie kopiotroficzne; Im – bakterie immobilizujące azot; Am – bakterie amonifikacyjne; Az – *Azotobacter* sp.; C – kontrola; CB – pożywka bakteryjna; B – konsorcjum bakterii, CF – pożywka grzybowa; F – konsorcjum grzybów pleśniowych; CH – *Chlorella* sp.; R – rhamnolipid 90

## Wnioski

1. Testowane bisfenole (BPA, BPF, BPS) znacząco ingerują w mikrobiom glebowy.
2. Bakterie celulozyczne są najbardziej wrażliwe na zanieczyszczenie gleby bisfenolami. Wszystkie związki fenolowe stymulują liczebność bakterii z rodzaju *Pseudomonas* oraz grzybów. Zmieniają strukturę mikroorganizmów ze strategii k na strategię r.
3. W glebie niezanieczyszczonej oraz wyeksponowanej na BPA dominują taksony z phylum *Actinobacteria* i *Proteobacteria*. BPF i BPS zmniejszają obfitość *Proteobacteria* i *Acidobacteria*, a zwiększają *Actinobacteria*.
4. Aktywność biochemiczną gleby w największym stopniu kształtuje BPS, a najmniej BPA.
5. Biostymulacja gleby za pomocą *Chlorella* sp. oraz bioaugmentacja konsorcjum bakterii korzystniej oddziałuje na mikrobiom gleby niż rhamnolipid 90 i bioaugmentacja konsorcjum grzybów.
6. Bisfenole zaburzają silniej wzrost i rozwój roślin dwuliściennych niż jednoliściennych.