

## Wpływ alternatywnego źródła węgla na zbiorowiska mikroorganizmów odpowiedzialnych za usuwanie związków azotu ze ścieków

### The influence of alternative carbon source on microbial communities reducing nitrogen from the wastewaters

Ciesielski S.<sup>1</sup>, Kowal P.<sup>1</sup>, Jankowska K.<sup>2</sup>, Łuczkiwicz A.<sup>2</sup>, Czerwionka K.<sup>2</sup>, Mąkinia J.<sup>3</sup>

1. Katedra i Biotechnologii w Ochronie Środowiska, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

2. Katedra Technologii Wody i Ścieków, Politechnika Gdańska

3. Katedra Inżynierii Sanitarnej, Politechnika Gdańska

**słowa kluczowe:** denitryfikacja, gen 16S rRNA, oleje fuzlowe, zbiorowiska mikroorganizmów, zewnętrzne źródła węgla

**key words:** 16S rRNA gene, denitrification, external carbon source, fusel oil, microbial communities

**Wstęp:** Jednym z podstawowych problemów związanych z oczyszczaniem ścieków jest zapewnienie wysokiej efektywności usuwania związków azotowych. W układach konwencjonalnych wykorzystywany jest do tego celu proces denitryfikacji. Wymaga on obecności łatwo przyswajalnych związków węgla, których zawartość w ściekach surowych jest często ograniczona, dlatego też stosuje się zewnętrzne źródło węgla, na przykład etanol lub metanol. Alternatywą mogą być produkty odpadowe takie jak oleje fuzlowe.

**Cel pracy:** Celem pracy była ocena wpływu olejów fuzlowych na stabilność struktury zbiorowisk mikroorganizmów uczestniczących w procesach biologicznego usuwania związków azotowych.

**Materiały i metody:** Materiał badawczy stanowiły próbki osadu czynnego pobierane z dwóch reaktorów typu SBR. Do reaktora B dozowano alternatywne źródło węgla - oleje fuzlowe. Reaktor A stanowił kontrolę z dodatkiem etanolu. Wyizolowane z osadu czynnego DNA amplifikowano specyficznym metodą PCR z wykorzystaniem starterów komplementarnych do genu 16S rRNA. Uzyskane produkty rozdzielono w żelu poliakrylamidowym z gradientem czynnika denaturującego (DGGE). Wzory prążkowe poddano analizie matematycznej. Dominujące prążki wycięto z żelu, poddano klonowaniu a następnie sekwencjonowaniu. Uzyskane sekwencje DNA analizowano z wykorzystaniem programu BLAST (NCBI).

**Wyniki:** Analiza statystyczna nie wykazała istotnych różnic w strukturze zbiorowisk występujących w analizowanych reaktorach. W obydwu układach dominowały bakterie typu *Acidobacteria* (prążek A2) oraz typu *Verrucomicrobia* (prążek A3). W inokulum, licznie występowały także bakterie z rodzaju *Trichococcus* (prążek A4), niemniej ich liczba uległa znaczącej redukcji w trakcie eksperymentu. Wraz z czasem zwiększała się liczebność bakterii należących do typu *Fimircutes* (prążek A1, A5). Jedynie w reaktorze eksperymentalnym zaobserwowano bliżej niescharakteryzowany takson przynależny do  $\alpha$  - proteobakterii (prążek A6).

**Wnioski:** Oleje fuzlowe, będące materiałem odpadowym powstającym w procesie destylacji etanolu, stanowią obiecujące źródło węgla. Zastosowanie tego typu substratu wpływa pozytywnie na efektywność procesu denitryfikacji nie wykazując istotnego wpływu na strukturę mikroorganizmów tworzących osad czynny.

