

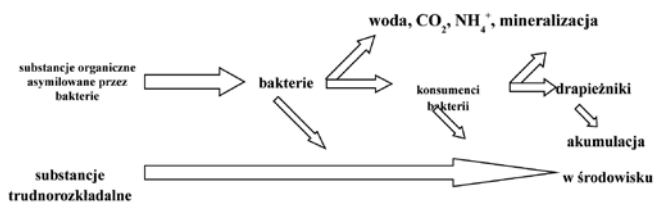
# Nitryfikacja w osadzie czynnym – mikrobiologiczne spojrzenie na procesy utleniania amoniaku

Aleksandra ZIEMBIŃSKA - Katedra Biotechnologii Środowiskowej, Wydział Inżynierii Środowiska i Energetyki, Politechnika Śląska; Gliwice

Prosimy cytować jako: CHEMIK 2011, 65, 3, 192-199

## Wstęp

Usuwanie pierwiastków biogenych ze ścieków, w szczególności związków azotu i fosforu, jest kluczowym elementem ich oczyszczania. Ścieki wprowadzane do środowiska wodnego, poddawane są procesom biochemicznego samooczyszczania, na które składa się rozcieńczenie, adsorbpcja, sedymentacja oraz właściwe oczyszczanie: reakcje biochemiczne i mineralizacja. Do mikroorganizmów odpowiedzialnych za te przemiany należą bakterie heterotroficzne i grzyby [10]. Rysunek 1 przedstawia drogę, na której materia organiczna włączana jest w detrytusowe łańcuchy pokarmowe.



Rys. 1. Procesy biochemiczne i mineralizacja ścieków wzdłuż detrytusowych łańcuchów troficznych [10]

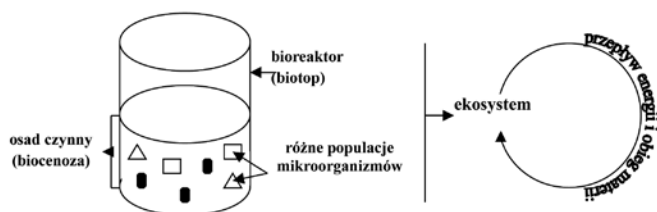
Oczyszczanie ścieków na drodze chemicznej jest stosunkowo drogie i szkodliwe dla środowiska. Wzrost ilości zanieczyszczeń i konieczność usuwania odpadów pochodzenia antropogenicznego wpłynęło w ostatnich latach na wprowadzanie metod biologicznego oczyszczania ścieków, opartych na naturalnie zachodzących procesach [21]. Biologiczne oczyszczanie ścieków jest jednak szybsze i bardziej efektywne niż to zachodzące naturalnie w środowisku. Dlatego też do celów technologicznych wykorzystuje się osad czynny.

## Osad czynny jako złożona biocenoza bakteryjna

Osad czynny to kłaczkowata mieszanina przedstawicieli różnych grup mikroorganizmów, takich jak [11]: bakterie (głównie heterotroficzne), grzyby, glony, *Protozoa*, *Metazoa*.

Bakterie heterotroficzne są najszerzej reprezentowaną grupą wśród mikroorganizmów osadu czynnego, ponieważ wymagają krótszego czasu reprodukcji, w porównaniu z bakteriami autotroficznymi, a w ściekach znajduje się wystarczająca ilość pokarmu dla tej grupy bakterii. Z tych powodów reprezentują one pierwszy poziom troficzny w łańcuchu pokarmowym.

Z ekologicznego punktu widzenia osad czynny jest biocenozą, czyli najwyższym poziomem organizacji życia. Biocenoza składa się ze wszystkich populacji organizmów, żyjących w jednym środowisku, zwanym biotopem. Populacja natomiast, to zbiór osobników jednego gatunku [24]. Biotopem osadu czynnego jest reaktor biologiczny. Tworzy on wraz z osadem czynnym sztuczny ekosystem, w którym następuje przepływ energii i obieg materii (rys. 2).



Rys. 2. Bioreaktor jako sztuczny ekosystem

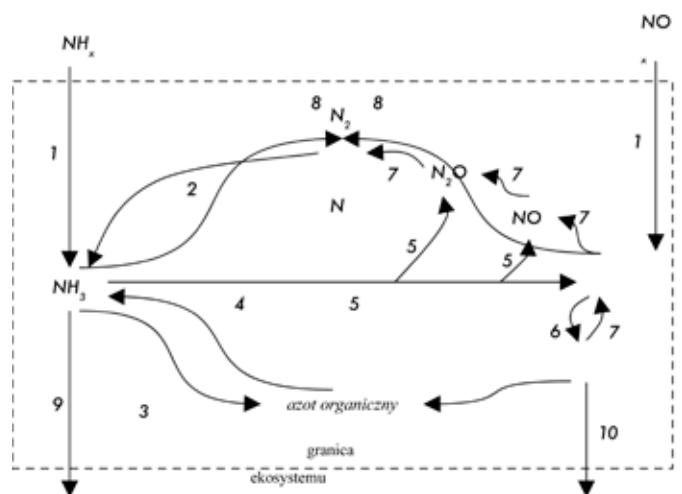
Zarówno bioreaktory laboratoryjne, jak i te w oczyszczalniach ścieków, są początkowo zaszczipiane osadem z innych, już pracujących instalacji. Nie jest to jednak zasadą, ponieważ po pewnym czasie osad czynny wytworzyłby się samoistnie. Mikroorganizmy osadu czynnego mogą być naniesione z zewnątrz: z powietrza, wody lub z dopływających ścieków. Pierwotna biocenoza bioreaktora jest z czasem modyfikowana przez typ dopływających ścieków oraz rodzaj wykorzystywanej instalacji ich oczyszczania [10].

Istnieją dwa mechanizmy, które mają wpływ na skład mikrobiologiczny osadu czynnego: selekcja i adaptacja. Pierwsze zjawisko polega na eliminacji określonych gatunków, podczas gdy rozwój innych jest faworyzowany. Takie czynniki, jak: zasoby pokarmowe, obecność akceptorów elektronów, temperatura, tempo wzrostu, zdolność do kłaczkowania i sedymentacji oraz obecność wolno płynących organizmów, mają wpływ na zmienność mikroorganizmów w osadzie czynnym. Adaptacja natomiast, to proces przystosowywania się do środowiska, niezależny od selekcji [11].

## Nitryfikacja i jej wykorzystanie w procesach oczyszczania ścieków

Działalność ludzka jest jedną z przyczyn wzrostu ilości odpadów zawierających wysokie stężenia azotu. Takie odpady są szkodliwe dla ekosystemów wodnych i dlatego powinny być efektywnie oczyszczane [15]. Organiczne związki azotowe, kierowane do oczyszczalni ścieków, ulegają amonifikacji do amoniaku. Związek ten ulega następnie nitryfikacji, która jest jednym z kluczowych procesów obiegu azotu w przyrodzie (rys. 3) [13, 14]. Amoniak musi być w odpowiedni sposób eliminowany ze ścieków, ponieważ jest toksyczny dla życia wodnego, powoduje eutrofizację wód, a co za tym idzie, wzrost zapotrzebowania na tlen w tym środowisku [9].

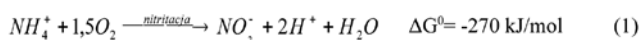
Nitryfikacja, to proces tlenowy, składający się z dwóch kroków: utleniania amoniaku do jonów azotanowych(III) oraz utleniania jonów azotanowych(III) do jonów azotanowych(V). Krok pierwszy zwany jest nitritacją (równanie 1), a drugi to nitratacja (równanie 2) [21].



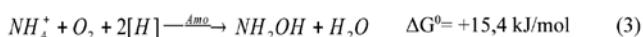
Rys. 3. Cykl obiegu azotu w przyrodzie; 1 – dopływ związków azotu z atmosfery, 2 – wiązanie azotu, 3 – asymilacja azotu, 4 – amonifikacja (mineralizacja), 5 – utlenianie amoniaku w warunkach tlenowych, 6 – utlenianie azotanów(III), 7 – denitryfikacja, 8 – utlenianie amoniaku w warunkach beztlenowych (proces Anammox), 9 – ulatnianie się amoniaku, 10 – wymywanie azotanów(V) [23]

Dwie fazy nitrifikacji są prowadzone przez dwie odrębne fizjologicznie i ewolucyjnie grupy chemolitotroficznych bakterii, wykorzystujących ten proces jako źródło energii. Nitryfikatory pierwszej fazy, zwane są nitritatorami (ang. *ammonia-oxidizing bacteria*, AOB), nitryfikatory drugiej fazy to nitratatory (ang. *nitrite oxidizing bacteria*, NOB). Istnieje również grupa bakterii heterotroficznych prowadzących ten proces, jednak jego rola u tych bakterii jest do tej pory nieznaną [14, 21].

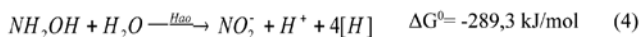
Autotroficzna nitrifikacja zachodzi według poniższego schematu:



Nitritacja jest również procesem dwuetapowym [3]. Najpierw amoniak jest przekształcany w hydroksylaminę (równanie 3) w reakcji katalizowanej przez monooksygenazę amonową (Amo). Enzym ten jest labilnym białkiem błonowym, zbudowanym z kilku podjednostek, trudnym w izolacji i oczyszczaniu:



Następnie hydroksylamina jest utleniana do jonów azotanowych(III) (równanie 4). Ta reakcja jest katalizowana przez enzym peryplazmatyczny – oksydoreduktazę hydroksylaminy (Hao). Donorem drugiego atomu tlenu w tej reakcji jest woda [12]:



Czynniki mające wpływ na nitrifikację, to: temperatura, pH, natlenianie, ilość substratów oraz obecność substancji toksycznych w ściekach. Jednak z praktycznego punktu widzenia, limitującą dla całości procesu jest pierwsza faza nitrifikacji – utlenianie amoniaku [11].

Nitrifikacja w oczyszczalni ścieków zachodzi w stale napowietrzanych i mieszanych bioreaktorach i wydaje się być bardzo dobrze poznany procesem biochemicznym. Jednak bioróżnorodność bakterii osadu czynnego, w tym ogromnej liczby nitryfikatorów wewnątrz bioreaktorów, jest nadal nieznaną ani dla technologów, ani biologów. Z punktu widzenia efektywności i optymalizacji procesów oczyszczania ścieków, badanie różnorodności bakterii nitryfikacyjnych w osadzie czynnym jest bardzo ważne [25]. Analizy prowadzone na grupie bakterii prowadzących ten ważny technologiczny proces dostarczają coraz nowszych informacji, użytecznych nie tylko w oczyszczaniu ścieków, ale również w szeroko pojętym przemyśle opartym na procesach biochemicznych.

### Nitritatory jako model badań ekologicznych i technologicznych

Nitritatory należą do bakterii chemolitotroficznych, wykorzystujących jony amonowe jako źródło energii i elektronów, a dwutlenek węgla jako źródło węgla w chemosyntezie [20]. Są to bakterie gramujemne, tlenowe, chociaż Bodelier i współpracownicy [4] wykazali, że niektóre gatunki mogą tolerować niskie stężenia tlenu w środowisku, a nawet funkcjonować w warunkach anoksydacyjnych. Mikroorganizmy te są obecne w dużych ilościach w glebie, słodkiej i słonej wodzie oraz w instalacjach oczyszczania ścieków. Nitryfikatory odgrywają główną rolę w obiegu azotu w przyrodzie. Jednak z ekonomicznego punktu widzenia, nitrifikacja może mieć zarówno pozytywne, jak i negatywne skutki. Nitritatory produkują gazy cieplarniane [27] i obniżają pH środowiska, powodując korozję betonu i skał [26]. Jednak obniżanie wartości pH może być również korzystne dla hodowli niektórych roślin [2]. Stwierdzono również, że nitrifikacja może zapoczątkowywać usuwanie niektórych szkodliwych związków, takich jak chlorowcopochodne węglowodorów alifatycznych, w reakcjach kometabolicznych w wodzie lub glebie [1].

Nitryfikatory trudno hodować w laboratorium. Rosną wolno [22], mają ograniczoną liczbę rozróżnialnych cech fenotypowych [6] i są wrażliwe na zmiany temperatury, pH, inhibitory oraz substancje toksyczne [13, 17]. Do tej pory udało się wyizolować tylko 25 czystych szczepów nitritatorów [9].

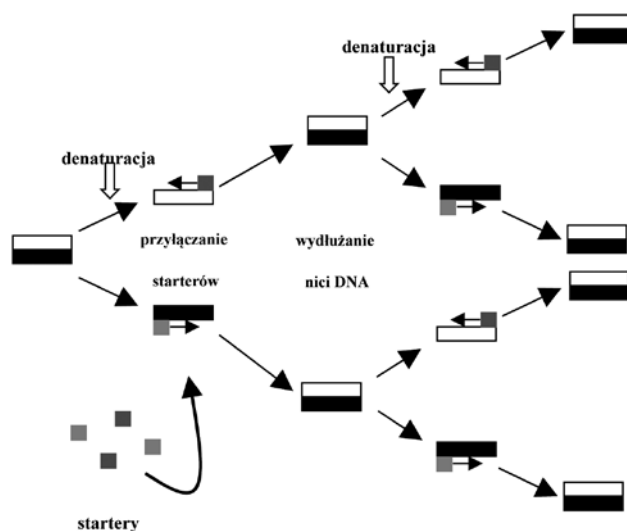
Przed erą narzędzi biologii molekularnej *Nitrosomonas* sp. był uważany za klasyczny przykład nitryfikatorów I fazy. Było wiadomo, że dominuje w procesie nitrifikacji w oczyszczalniach ścieków, dopóki nie okazało się, że ponad 95% bakterii osadu czynnego nie można wyhodować w laboratorium. Teraz wiadomo również, że efektywność procesu nitrifikacji łączy się bezpośrednio z bioróżnorodnością nitryfikatorów, dlatego użycie metod biologii molekularnej jest w takich badaniach niezbędne [25].

### DNA jako nośnik informacji genetycznej

Całość informacji, niezbędna do funkcjonowania i rozmnażania się komórek znajduje się w DNA – kwasie deoksyrybonukleinowym. Ta cząstka jest dwuniciowym, zwiniętym helikalnie polimerem, złożonym z monomerów zwanych nukleotydami. Rdzeń nukleotydowy składa się cukru – deoksyrybozy i reszt fosforanowych, połączonych wiązaniem estrowym. Każdy nukleotyd zawiera w swej strukturze jedną z czterech zasad azotowych – adeninę, guaninę, cytozynę lub tyminę. Nukleotydy są w łańcuchu DNA ułożone w charakterystycznej dla danego organizmu kolejności jako kod genetyczny. Podwójna nić DNA jest stworzona dzięki istnieniu wiązań wodorowych pomiędzy parami zasad azotowych poszczególnych nukleotydów. Wiązanie podwójne znajduje się pomiędzy adeniną i tyminą, potrójne pomiędzy guaniną i cytozyną. Nukleotydy łączą się zawsze w ten sposób zgodnie z zasadą komplementarności.

DNA może zostać zdenaturowany pod wpływem odpowiednio wysokiej temperatury lub stężenia substancji denaturującej. Ilość energii potrzebna do rozerwania dwuniciowej cząsteczki DNA, to temperatura topnienia DNA, zależna od ilości wiązań wodorowych w danym jej fragmencie. DNA ulega reasocjacji w podwójną helisę po ustąpieniu działania czynników denaturujących.

Zarówno zasada komplementarności, jak i różnice w temperaturze topnienia DNA, są wykorzystywane w analizach z użyciem technik biologii molekularnej. Najczęściej używaną metodą jest łańcuchowa reakcja polimerazy (ang. *polymerase chain reaction* – PCR). Jest to podstawowe narzędzie biologii molekularnej, na którym opiera się cała grupa innych metod. Mówiąc najprościej, PCR, to sztuczna replikacja DNA, przeprowadzona w probówce z użyciem polimerazy DNA jako enzymu katalizującego. Zwielokrotnianie ilości cząstek DNA w reakcji PCR w milionach kopii, nazywa się amplifikacją. Zachodzi ona zgodnie z zasadą komplementarności i dzięki zdolności DNA do denaturacji i reasocjacji. Polimeraza DNA ma zdolność amplifikacji poszczególnych fragmentów DNA zaznaczonych na nici matrycowej tzw. starterami – krótkimi fragmentami DNA, zlokalizowanymi po obydwu stronach replikowanego fragmentu DNA. Startery wyznaczają więc początek i koniec części amplifikowanej genu. Schemat reakcji PCR przedstawia rysunek 4.



Rys. 4. Schemat reakcji PCR

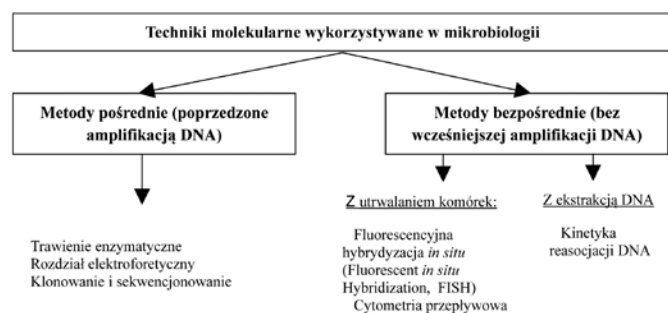
## Metody biologii molekularnej użyteczne w mikrobiologii

Od czasów Kocha badania mikrobiologiczne prowadzono na czy-  
stych szczepach bakteryjnych. Procesy biochemiczne były więc łatwe  
do obserwacji w probówkach. Aktualnie wiadomo, że 99% bakterii  
zamieszkujących środowiska naturalne nie można otrzymać w postaci  
czystych kultur, gdyż nie są one w stanie przystosować się do sztucz-  
nych warunków w laboratorium, niezależnie od tego, jak bardzo przy-  
pominałyby one ich naturalne środowisko bytowania [18].

W 1985 r. grupa naukowców pod przewodnictwem N.R. Pace  
zaczęła rozpatrywać alternatywną drogę poznawania biologii bakterii,  
bez konieczności ich hodowli w warunkach laboratoryjnych, zwracając  
swoją uwagę na metody molekularne. Dzięki zastosowaniu tych tech-  
nik możliwa jest identyfikacja bakterii i prowadzonych przez nie pro-  
cesów biochemicznych w mieszaninach mikroorganizmów, co ułatwia  
prowadzenie analiz, cennych dla współczesnej biotechnologii.

Metody biologii molekularnej są szybkie, charakteryzują się wysoką  
czułością, a ich wyniki są powtarzalne. Można je umownie podzielić  
na dwie główne grupy [7] (rys. 5):

- metody pośrednie (oparte na amplifikacji PCR)
- metody bezpośrednie (bez wcześniejszej amplifikacji).



Rys. 5. Podział technik molekularnych użytecznych w badaniach mikrobiologicznych

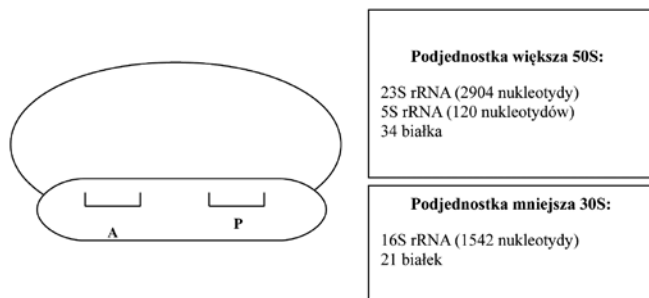
## Jak monitorować procesy biochemiczne za pomocą metod biologii molekularnej?

Aby monitorować przebieg procesów biochemicznych prowadzo-  
nych przez mikroorganizmy na poziomie molekularnym, konieczne jest  
znalezienie odpowiedniego narzędzia. Wiedza dotycząca enzymów  
i kodujących je genów jest ważna, aby zrozumieć, jak mikroorganizmy  
radzą sobie z reakcjami biochemicznymi i jaka jest efektywność tych  
procesów. Okazało się, że nie jest konieczne poznanie genów kodu-  
jących enzymy biorące udział w każdym rodzaju procesów bioche-  
micznych. W badaniach niektórych przemian biochemicznych można  
zastosować uniwersalne markery molekularne. Częścią uniwersalnego  
markera molekularnego powinna być [16]:

- obecna w dużych ilościach w komórkach badanego organizmu
- stosunkowo duża
- stabilna funkcjonalnie
- należeć do genów podstawowego metabolizmu (tzw. *housekeeping genes*, geny odpowiedzialne za podstawowe funkcje metaboliczne)
- posiadać w swej strukturze zarówno fragmenty stałe, jak i zmienne, dzięki czemu można bakterie jednocześnie identyfikować i badać zależności filogenetyczne w grupach mikroorganizmów.

Od lat 80. ub.w., gen kodujący 16S rRNA został uznany za uniwer-  
salny marker molekularny bakterii. Częścią 16S rRNA buduje mniejszą  
podjednostkę rybosomu prokariotycznego – *organellum* odpowiedzial-  
nego za proces translacji (rys. 6). Niektóre fragmenty tej cząstki są gru-  
powo specyficzne, dzięki czemu możliwa jest analiza określonej grupy  
bakterii (np. nitryfikatorów).

Uniwersalny marker molekularny jest użyteczny w monitoringu  
wszystkich bakterii – ich bioróżnorodności i zmienności w czasie,  
można go również użyć do badania zmienności poszczególnych grup  
mikroorganizmów, np. nitryfikatorów. Jednak dla badania procesów,  
które *de facto* zachodzą w osadzie czynnym, konieczne jest użycie



Rys. 6. Budowa rybosomu prokariotycznego 70S; zaznaczono skład i miejsce przyczepu peptydów (P) i aminoacylo-tRNA (A) podczas translacji w mniejszej podjednostce rybosomu [5]

genów kodujących enzymy bakteryjne, odpowiedzialne za określo-  
ne procesy. W przypadku nitryfikatorów I fazy, takim enzymem jest  
wspomniana już wcześniej monooksygenaza amonowa (Amo) – labil-  
ne białko błonowe [8]. Z punktu widzenia badań nad nitritatorami  
najważniejszą częścią tego enzymu, odpowiedzialnego za utlenianie  
amonianu, jest wykorzystywana w badaniach jego podjednostka  $\alpha$ .  
Fragment ten ma znaną sekwencję nukleotydów. Ważne jest również,  
że ta część genu *Amo* jest stabilna strukturalnie i występuje u każdego  
nitryfikatora I fazy.

## Podsumowanie

Badania współczesnej biotechnologii pokazują jasno, że wiele  
dziedzin nauki jest ze sobą powiązanych. Biologia i chemia są ze sobą  
połączone wyjątkowo ściśle, tworząc chemię żywych organizmów  
zwaną biochemią. Rozwój nauki pozwala naukowcom tworzyć nowe  
narzędzia w badaniach biochemicznych. Biologia molekularna należy  
do grupy takich narzędzi. Metabolizm mikroorganizmów można ła-  
two scharakteryzować językiem biochemicznym. Ważne jest jednak,  
aby reakcje biochemiczne rozpatrywać dwustronnie – zarówno che-  
micznie, jak i biologicznie, jeśli chce się uzyskać jasny i pełny obraz  
takich procesów.

## Podziękowania

Artykuł ten jest częścią pracy doktorskiej, zatytułowanej: „Anali-  
za filogenetyczna nitryfikatorów w różnych typach instalacji oczysz-  
czania ścieków”, której promotorem był Pan Profesor Korneliusz  
Miksch (Politechnika Śląska). Autorka dziękuje Promotorowi za po-  
święcony czas i pomoc w napisaniu tej pracy oraz cenne uwagi me-  
rytoryczne.

## Literatura

1. Arp D.J., Yeager C.M., Hyman M.R.: *Molecular and cellular fundamentals of aerobic cometabolism of trichloroethylene*. Biodegradation 2001, **12**, 81-103.
2. Beiderbeck V.O., Campbell C.A., Ukrainetz H., Curtin D., Bouman O.T.: *Soil microbial and biochemical properties after ten years of fertilization with anhydrous ammonia*. Canadian Journal of Soil Science 1996, **76**, 7-14.
3. Bock E., Koops H.P., Ahlers B., Harms H.: *Oxidation of inorganic nitrogen compounds as energy source*, in: Balows A., Trueper H.G., Dworkin M., Harder W., Schleiffer K.H. (ed.). *The Proaryotes*, Springer Verlag, Berlin 1992, 414-430.
4. Bodelier P.L.E., Libochant J.A., Blom C.W.P. M., Laanbroek H.J.: *Dynamics of nitrification and denitrification in root-oxygenated sediments and adaptation of ammonia-oxidizing bacteria to low-oxygen or anoxic habitats*. Applied and Environmental Microbiology 1996, **62**(11), 4100-4107.
5. Brown T. A.: *Genomy*. PWN, Warszawa 2001.
6. Chu H., Fujii T., Morimoto S., Lin X., Yagi K., Hu J., Hang J.: *Community structure of ammonia-oxidising bacteria under long-term application of mineral fertilizer and organic manure in a sandy loam soil*. Applied and Environmental Microbiology 2007, **73**(2), 485-491.
7. Dorigo U., Voliatier L., Hubert J.F.: *Molecular approach to the assessment of biodiversity in aquatic microbial communities*. Water Research 2005, **39**, 2207-2218.

8. Ebie Y., Noda N., Miura H., Matsumura M., Tsuneda S., Hirata A., Inamori Y.: Comparative analysis of genetic diversity and expression of AmoA in wastewater treatment processes. *Applied Microbiology Biotechnology* 2004, **64**, 740-744.
9. Egli K., Langer C., Siegrist H.-R., Zehnder A.J.B., Wagner M., van der Meer J.R.: Community analysis of ammonia and nitrite oxidizers during start-up of nitrification reactors. *Applied and Environmental Microbiology* 2003, **69(6)**, 3213-3222.
10. Fijałkowska E., Fyda J., Pajdak-Stós A., Wiąckowski K.: Osad czynny – biologia i analiza mikroskopowa, Oficyna Wydawnicza „Impuls”, Kraków 2005.
11. Henze M., Harremoës P., la Cour J.J., Arvin E.: *Wastewater treatment*, 1997, 2<sup>nd</sup> Edition, Springer-Verlag, Berlin, Germany.
12. Juliette L.Y., Hyman M.R., Arp D.J.: Roles of bovine serum albumin and copper in the assay and stability of ammonia monooxygenase activity in vitro. *Journal of Bacteriology* 1995, **177**, 4908-4913.
13. Kelly J.J., Siripong S., McCormack J.S., Janus L.R., Urakawa H., Fantroussi S.E., Noble P.A., Sappels L., Rittmann B., Stahl D.A.: DNA microarray detection of nitrifying bacterial 16S rRNA in wastewater treatment plant samples. *Water Research* 2005, **39**, 3229-3238.
14. Klimiuk E., Łebkowska M.: *Biotechnologia w ochronie środowiska*. PWN, Warszawa 2004.
15. Kowalchuk G.A., Stephen J.R.: Ammonia-oxidizing bacteria: a model for molecular microbial ecology. *Annual Reviews of Microbiology* 2001, **55**, 485-529.
16. Ludwig W., Schleifer K.H.: Bacterial phylogeny based on 16S and 23S rRNA sequence analysis. *FEMS Microbiology Reviews*. 1994, **15**, 155-173.
17. Luxmy B.S., Nakajama F., Jamamoto K.: Analysis of bacterial community in membrane-separation bioreactors by fluorescent *in situ* hybridization (FISH) and denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) techniques. *Water Science and Technology* 2000, **41(10-11)**, 256-268.
18. Muyzer G.: Genetic fingerprinting of microbial communities – present status and future perspectives. *Microbial Biosystems: New Frontiers*, Proceedings of 8<sup>th</sup> International Symposium on Microbial Ecology. Bell C. R., Brylinsky M., Jonson-Green P. (ed.), 1999, Atlantic Canada Society for Microbial Ecology, Halifax, Kanada.
19. Purkhold U., Pommerening – Röser A., Juretschko S., Schmid M.C., Kops H.P., Wagner M.: Phylogeny of all recognized species of ammonia oxidizers based on comparative 16S rRNA and AmoA sequence analysis: implications for molecular diversity surveys. *Applied and Environmental Microbiology* 2000, **66(12)**, 5368-5382.
20. Schlegel H.G.: *Mikrobiologia ogólna*, PWN, Warszawa 2000.
21. Szewczyk K.W.: *Biologiczne metody usuwania związku azotu ze ścieków*, Oficyna Wydawnicza Politechniki Warszawskiej, Warszawa 2005.
22. Tanaka J., Syutsubo K., Watanabe K., Izumida H., Harayama S.: Activity and population structure of nitrifying bacteria in an activated-sludge reactor containing polymer beads”, *Environmental Microbiology* 2003, **5(4)**, 278-286.
23. Tietema A., De Boer W., Riemer L., Verstraten J.M.: Nitrate production in nitrogen-saturated acid forest soils: vertical distribution and characteristics. *Soil Biology and Biochemistry* 1992, **24**, 235-240.
24. Trojan P.: *Ekologia ogólna*, PWN, Warszawa 1975.
25. Wagner M., Loy A., Nogueira R., Purkhold U., Lee N., Daims H.: Microbial community composition and function in wastewater treatment plants. *Antonie van Leeuwenhoek* 2002, **81**, 665-680.
26. Wasserbauer R., Zadak Z., Novotny J.: Nitrifying bacteria on the asbestocement roofs of stable buildings. *International biodeterioration & biodegradation* 1998, **24**, 153-65.
27. Zart D., Schmidt I., Bock E.: Significance of gaseous NO for ammonia oxidation by *Nitrosomonas eutropha*. *Antonie van Leeuwenhoek* 2000, **77**, 49-55.

Dr Aleksandra ZIEMBIŃSKA, mikrobiolog, absolwentka Uniwersytetu Śląskiego. Pracuje w Katedrze Biotechnologii Środowiskowej Politechniki Śląskiej. Zajmuje się biologią molekularną bakterii.

## Jak ekologicznie prowadzić dom

Walkę o środowisko warto rozpocząć już w swoim domu. Spróbujemy wprowadzić zmiany w naszych dotychczasowych domowych nawykach. Oto kilka wskazówek, które pomogą zaoszczędzić się o środowisko, zdrowie naszych najbliższych, a nawet – o stan rodzinnych finansów.

Zdrowy i ekologiczny tryb życia w domu trudno wyobrazić sobie bez segregacji śmieci. Koniecznie więc wyrzucamy szkło, papier, plastik i odpady pochodzenia naturalnego do osobnych pojemników. Dzięki temu materiały te poddane będą recyklingowi, a tym samym – zostaną ponownie wykorzystane. 100 t zebranej makulatury pozwoli przykładowo na uzyskanie aż 90 t papieru! A wyprodukowanie tylko 1 t papieru wymaga ścięcia aż 17 drzew.

*– Trafiające do nas śmieci coraz częściej są już posortowane. Czasem jednak to nie wystarczy. Odpady należy ponownie przejrzeć, gdyż trzeba wykluczyć jakiegokolwiek zanieczyszczenia materiału. Zdarza się, że osoby segregujące odpady nie wiedzą, że butelki PET i opakowania po chemii gospodarczej. Są pełnowartościowym surowcem wtórnym. Pamiętać jednak należy, by z takich butelek zrywać foliowe etykiety i odkręcać korki. Skoro przecież angażujemy naszą energię w segregację, to warto to robić właściwie.*

Ekologiczny sposób prowadzenia domu to także kontrola zużywanego wody. Niestety, wciąż marnujemy jej zbyt dużo, a przecież staje się towarem deficytowym. Zadbajmy więc o zlikwidowanie wszelkich nieszczelności, takich jak ciekące baterie i zawory. Zakręcajmy kran podczas mycia zębów; w ten sposób w ciągu jednej minuty zaoszczędzimy ok. 4 l wody! Jeśli do używania kubeczka przekonamy jeszcze 3 członków rodziny, to w ciągu 12 miesięcy do kanalizacji trafi blisko 40 m<sup>3</sup> mniej ścieków. Zrezygnowanie z kąpieli w wannie na rzecz szybkiego prysznica, to kolejne może doprowadzić do kolejnych oszczędności, rzędu 150 m<sup>3</sup> w skali roku. To tylko niektóre przykłady rozsądnego gospodarowania wodą, które pozytywnie wpłyną na środowisko, ale też na nasze domowe finanse.

Dobrym nawykiem niech się stanie też wykorzystywanie w domu jak największej liczby produktów przyjaznych środowisku naturalnemu. Ekologiczny sposób życia nie sprowadza się do wybierania artykułów spożywczych, produkowanych w ekologicznych warunkach. Powinniśmy zmienić sposób myślenia i działać na wielu płaszczyznach. Jedną z możliwości jest zmiana chemicznych detergentów do czyszczenia domu. Każdy dom można prowadzić w zgodzie ze środowiskiem. Wystarczy wiedza, dobre chęci i konsekwencja w zmienianiu naszych nieekologicznych nawyków.

(abc)

([www.lakma.com](http://www.lakma.com), 18.02.2011)