

---

Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar  
Biológia Doktori Iskola  
Kísérletes Növénybiológia program

---

## **Bomló növényi anyagok dominálta sekély tavak összehasonlító mikrobiológiai elemzése**

- DOKTORI ÉRTEKEZÉS TÉZISEI -

Készítette:

**MENTES ANIKÓ**

Témavezető:  
**DR. FELFÖLDI TAMÁS**  
*habil. adjunktus*

Doktori iskola vezető:  
**PROF. ERDEI ANNA**  
*egyetemi tanár*

Programvezető:  
**DR. KOVÁCS M. GÁBOR**  
*habil. egyetemi docens*



ELTE TTK, BIOLÓGIAI INTÉZET  
MIKROBIOLÓGIAI TANSZÉK  
BUDAPEST  
2019

## Bevezetés és célkitűzések

A sekély tavak a kontinentális állóvizek egy különleges csoportját alkotják, a nagy tavakhoz és tengerekhez képest szinte minden esetben aktívabb és összetettebb működésűek<sup>1,2</sup>. Ezekben a tavakban, a sekélységük miatt - többek között a szél indukálta felkeveredés révén -, az üledék és a vízszlop között az anyagáramlás folyamatos<sup>3</sup>. A vízi növények (makrofiton) ezt a felkeveredést csökkenthetik, ezáltal is fontos szerepet töltenek be a sekély tavakban<sup>3</sup>. A makrofitonok további közvetett és közvetlen hatásukkal negatívan befolyásolják a fitoplanktont<sup>4</sup>, de általában pozitív hatással vannak a bakterioplanktonra<sup>5</sup>. A növényi detritusból humifikáció folyamata során huminanyagok (másnéven színes oldott szerves anyagok: CDOM) képződhetnek, amelyek a tavak barna színét adják. A CDOM perzisztens tulajdonsága ellenére egyes baktériumok számára fontos energia és szénforrás lehet<sup>6</sup>, továbbá a CDOM közvetlen és közvetett hatása és pufferszerepe révén a sekély vizek anyagkörforgalmának jelentős regulátora<sup>7</sup>. A fent leírtak alapján, a globálisan is jelentős sekély tavak biogeokémiai ciklusának megismeréséhez hozzátartozik az ott élő planktonikus mikroba közösségek összetételének és szerepének, továbbá a rájuk ható tényezőknek a feltárása.

Magyarország és Románia sekély tavai közül csak néhányat tanulmányoztak alaposan, és a szakirodalomban kevés róluk szóló mikrobiológiai információt, vagy csak alacsony felbontású módszerekkel elvégzett kutatásokat találunk. A disszertációban vizsgált tavak többsége különleges és védett környezetben lelhető fel, amely magában hordozza ezeknek a tavaknak a jelentős ökológiai szerepét és az egyedi bakteriális közösségek jelenlétének lehetőségét.

Mindezek alapján a doktori disszertáció célkitűzéseit az alábbi pontokban összegeztük:

1. Kapcsolatot kerestünk a CDOM tartalom és a bakteriális produkció, a bakteriális metabolikus potenciál között; megvizsgáltuk, hogy a növekvő CDOM tartalommal együtt jár-e az alga ill. a bakteriális közösségek taxonómiai összetételének változása is, továbbá, hogy a planktonikus alga és baktérium közösség diverzitására a CDOM tartalom hatással lehet-e. Vagyis, a növényi eredetű színes szerves anyagok

---

<sup>1</sup> Meerhoff és Jeppesen. *Encyclopedia of Inland Waters*. 2009, 645–55.

<sup>2</sup> Cooke és mtsai. *LakeLine* 2001;Spring:42–6.

<sup>3</sup> Scheffer. *Ecology of shallow lakes*. Springer, Dordrecht, 2004.

<sup>4</sup> Guo-feng és mtsai. *Journal of Pollution Effects & Control* (2000): 1-5.

<sup>5</sup> Kalff és Rooney. *Ecosystems* 2003;6:797–807.

<sup>6</sup> Moran és Hodson. *Limnol Oceanogr* 1990b;35:1744–56.

<sup>7</sup> Steinberg. *The Lakes Handbook*, 2005, 153–96.

menyisége hatással van-e a planktonikus mikrobaközösség összetételére, diverzitására, aktivitására?

2. A hasonló kémiai és fizikai paraméterekkel rendelkező tórészek (közepes CDOM tartalom) bakterioplankton és fitoplankton közösségének összetétele mutat-e horizontális ill. vertikális eltolódást; összefüggéseket kerestünk a makrofiton minősége és a baktérium- és algaközösség összetétele között. Vagyis, a makrofiton típusa hogyan befolyásolja a planktonikus mikrobaközösség összetételét?
3. Megcélzottuk a Rhizobiales rend két új fájának polifázikus leírását, mivel a rend tagjainak egyre nagyobb jelentőséget tulajdonítanak az édesvízi planktonikus bakteriális közösségekben. Ennek a csoportnak bizonyos baktériumai nagy számban kerültek elő a vizsgált minták egy részéből, ezért filogenetikai módszerek segítségével összehasonlítottuk a vizsgált tavak Rhizobiales tagjait és az új fajokat. Vagyis, felmérni kívántuk a planktonikus Rhizobiales baktériumok jelentőségét sekély tavainkban, különös tekintettel a bomló növényi anyagok uralta vízterekre.

## **Az alkalmazott módszerek**

A mikrobiális ökológiai kutatásoknak megfelelően munkám nagymértékben támaszkodik a klasszikus és a molekuláris mikrobiológiai, továbbá a limnológiai módszerek eszköztárára.

A doktori kutatás tárgyát hét, a Kárpát-medence különböző pontjaiban megtalálható, fizikai és kémiai paramétereik alapján változatos, barnaságukban (CDOM tartalmukban) eltérő állóvíz alkotta: Közép-Európa legjelentősebb tava (Balaton), Magyarország egyik védett édesvízi mocsara (Kolon-tó), a Kiskunsági Nemzeti Parkban megtalálható fontos természeti értéket képviselő többszörösen extrém szikes tavak (Zab-szék, Sós-ér), hazánk legnagyobb kiterjedésű szikes tava (Fertő) és a Hargita megyei ikerkráter magashegyi savas tőzeglápja és édesvízi tava (Mohos, Szent Anna-tó). Ezekből a tavakból összesen 19 vízminta főbb környezeti paramétereit, fitoplankton és bakterioplankton közösségeit vizsgáltunk meg 2014 őszén (makrofiton mintasor) és 2015 nyarán (CDOM mintasor) lezajlott mintavételek jóvoltából.

E vizsgálatokkal párhuzamosan a doktori kutatás keretében egy 2012-es Szent Anna-tavi mintavétel során izolált két Rhizobiales baktériumot vizsgáltunk meg és írtunk le polifázikus taxonómiai módszerek segítségével.

### *Környezeti változók meghatározása*

Az adatelemzések során felhasználtuk a disszertációban vizsgált tavak helyszínén [hőmérséklet, pH, vezetőképesség, oldott oxigén koncentráció (DO)] és laboratóriumi körülmények között [tápanyag tartalom, pl. összfoszfor (TP), oldott reaktív foszfát (SRP), össznitrogén (TN), teljes szerves szén (TOC), oldott szerves szén (DOC), klorofill *a* koncentráció (Chl)] mért fizikai és kémiai adatait ill. az ahhoz tartozó mikroszkópos (baktérium sejtszám, algabiomassza) megfigyelések eredményeit az átfogóbb diszkusszió lehetőségének érdekében.

### *Aktivitás vizsgálatok*

A bakteriális közösségek biokémiai aktivitásának feltérképezésére a Biolog EcoPlate™ gyorsdiagnosztikai eljárást alkalmaztuk. A bakteriális produkció mérése tríciummal jelölt leucin felvételen alapuló technikával valósult meg<sup>8,9</sup>.

### *Tenyésztéses módszerek*

Az új Rhizobiales fajokat izolálás után módosított R2A táptalajon tartottuk fenn, amely az eredeti leírásban<sup>10</sup> megadott szénforrás mennyiségeknek csak a felét tartalmazta, majd a további vizsgálatok [sejt és telepmorfológia meghatározása, különböző tolerancia tesztek, mozgásképeség, enzim aktivitás, metabolikus vizsgálat (API tesztek), zsírsavak és poláris lipid összetétel, genomi DNS G+C tartalom vizsgálata]<sup>11</sup> során az SA-276<sup>T</sup> törzs hatékonyabb növekedést mutatott YMA ill. *Rhizobium* agaron, míg a SA-279<sup>T</sup> törzset továbbra is módosított R2A táptalajon tanulmányoztuk.

### *DNS alapú módszerek*

A vízmintákból a teljes genomi DNS-t az UltraClean Water DNA Isolation Kit (MoBio) segítségével vontuk ki, majd a bakteriális közösségek összetételének meghatározásához a 16S rRNS gén V3-V4 régióját szaporítottuk fel univerzális bakteriális primereket használva<sup>12,13</sup>, amelyet a CDOM mintasor esetében MiSeq (Illumina) Dual Index amplikon szekvenálás, míg a makrofiton mintasor esetében GS Junior (Roche/454 Life Sciences) piroszekvenálás

<sup>8</sup> Kirchman és mtsai. *Appl Environ Microbiol* 1985;49:599-607.

<sup>9</sup> Gasol. <http://www.cmima.csic.es/pub/gasol/Manuals/ProdBact/Leucine.htm>; 1999.

<sup>10</sup> DSMZ. [www.dsmz.de](http://www.dsmz.de)

<sup>11</sup> Felföldi és mtsai. *Int J Syst Evol Microbiol* 2014;64:1920-1925.

<sup>12</sup> Klindworth és mtsai. *Nucleic Acids Res* 2013;41:e1.

<sup>13</sup> Apprill és mtsai. *Aquat Microb Ecol* 2015;75:129-137.

segítségével valósítottunk meg. A doktori kutatáshoz felhasznált újonnan leírt baktériumtörzsekből (SA-276<sup>T</sup> és SA-279<sup>T</sup>) történő DNS izolálás ún. alkalikus lízissel, SDS-t tartalmazó NaOH oldat segítségével történt<sup>14</sup>, majd a törzsek 16S rRNS gén szekvenciáját Sanger szekvenálás segítségével határoztuk meg<sup>15</sup>.

### *Adatfeldolgozás*

A bakteriális közösségek összetételének meghatározásakor kapott új generációs szekvenálás (NGS) alapú eredmények feldolgozása mothur, uChime programokkal és SINA adatbázis segítségével történt, Szabó és mtsainak (2017)<sup>16</sup> protokollját követve. A filogenetikai analízis EzTaxon adatbázis, SINA és MEGA 7.0 szoftverek segítségével történt. A további statisztikai elemzéseket PAST3, R és Python3 programokkal végeztük el.

## **Eredmények és következtetések**

A vizsgált minták egy részének a CDOM tartalma nagyobb volt mint 100 mg l<sup>-1</sup>, amely alapján erősen színes tavaknak számítanak<sup>17</sup>, míg a mintáknak másik része jóval e határ alatt volt. A Szent Anna-tavi, a Fertő és a Kolon-tavi nyíltvízi rész kevesebb, mint 100 mg l<sup>-1</sup> CDOM tartalommal volt jellemezhető, amely rámutatott arra, hogy akár az egyes tavak különböző részéről származó minták is eltérők lehetnek. A vízminták a módosított OECD besorolása alapján, amely a TN, a TP, a Chl, a TOC tartalmukat és a Secchi mélységüket veszi figyelembe<sup>18</sup>, a trofitási szintjükben is különbözőek voltak (oligotróftól hipertrófig). A két mintasor a Kolon-tavi minták révén összehasonlítható volt. Ezekre a mintákra nyáron nagyobb DO, TP és algabiomassza, viszont jóval alacsonyabb CDOM tartalom volt jellemző.

Mindkét mintasor esetében a fitoplankton eredmények megerősítették, hogy a nyílt víz sok tekintetben elkülönül a jelentős makrofíton állománnyal rendelkező tórésztől. Extrém környezeti tényezők meglétekor a fitoplankton közösséget egyetlen algafaj uralma jellemezte, mint az anoxikus Kolon-tavi rencés minta chrysoflagelláta, továbbá a Sós-ér minta *Anabaena spiroides* egyeduralma esetében. A fitoplankton tagjai főleg az adott vízre jellemző élőhelytípus

---

<sup>14</sup> Birnboim és Doly. *Nucleic Acids Res* 1979;7:1513-23.

<sup>15</sup> Máthé és mtsai. *Extremophiles* 2014;18:501-514.

<sup>16</sup> Szabó és mtsai. *Extremophiles* 2017;21:639-649.

<sup>17</sup> Hessen és Tranvik. *Ecological Studies* 1998;333-42.

<sup>18</sup> Grochowska és mtsai. *J Element*. 2016.

csoportjába tartoztak<sup>19</sup>, azonban a Reynolds-féle besorolásukat fenntartásokkal kell kezelni<sup>20</sup>, hiszen az adott csoport előfordulását több tényező és a szervezetek egymásra hatása is befolyásolhatja<sup>21</sup>.

A bakteriális produkció rátája és a TN, a TP, az SRP, a TOC, a DOC, a CDOM és a Chl értékek között pozitív, szignifikáns összefüggéseket tártunk fel. Ezzel kiegészítettük azokat a korábbi megfigyeléseket, miszerint a bakteriális produkciót befolyásolhatja az algabiomassza<sup>22,23</sup>, a tápanyagok (foszfor, nitrogén formák) és a sókoncentráció is<sup>24,25</sup>. Mindamelllett, a bakteriális szénforrás hasznosítás vizsgálatának segítségével (Biolog EcoPlate™) kapott szubsztrát hasznosításra utaló átlagos színkifejeződés mértéke és a hasznosított szénforrások száma továbbá a tavak CDOM tartalma között nem találtunk szoros összefüggéseket. A vizsgált tavak bakteriális közösségei nagyjából egyenlő mértékben hasznosították az ötféle szénforrás típust, kivéve a Fertő nyíltvízi mintában lévő baktériumok, ahol a polimerek hasznosítása volt kiemelkedő. A nyári időszak alatt a hosszabb nappali világítás a huminanyag degradációja révén szerves savakban gazdag DOC-ot eredményez<sup>26</sup>. Valószínűleg emiatt voltak gyakoriak a mintákban a kis szerves molekulákat hasznosító heterotróf baktériumok is. A szénforrás hasznosítási profil azonban egy *in vitro* technika, amely a környezetben előforduló baktériumok potenciális anyagcsere tulajdonságait tárja fel. A természetes környezetben bizonyos szénforrások hiányozhatnak, ill. olyanok is előfordulhatnak, amelyek az EcoPlate™-ben nincsenek. Emiatt a környezetben ténylegesen végbemenő anyagcsere folyamatok és a baktériumok potenciális tulajdonságai csak részben fednek át<sup>27</sup>.

A bakteriális közösségek összetétele a CDOM mintasor esetében mintánként eltérő volt, mind phylum, mind genus szintjén, azonban a makrofíton mintasornál az azonos makrofíton állományú minták bakterioplanktonja hasonló kompozíciójú volt. A mintákban gyakoriak voltak a Proteobacteria, az Actinobacteria és a Bacteroidetes phylum tagjai. A CDOM mintasor bakterioplanktonjának alakulásában csak két Proteobacteria osztály vett részt (alpha és gamma), azonban a makrofíton mintasor esetében négy osztály volt megtalálható (alpha, beta, gamma, delta), előfordulásukban eltérést mutatva a mintavételi helyek szerint.

---

<sup>19</sup> Reynolds és mtsai. *J Plankton Res* 2002;24:417–428.

<sup>20</sup> Padisák és mtsai. *Hydrobiologia* 2008;621:1–19.

<sup>21</sup> Maileht és mtsai. *Hydrobiologia* 2012;704:115–26.

<sup>22</sup> Erikson és mtsai. *Hydrobiologia* 1998;382:27–39.

<sup>23</sup> Eronen-Rasimus és mtsai. *ISME J* 2017;11:2345–55.

<sup>24</sup> Soares és mtsai. *Microb Ecol* 2017;76:144–55.

<sup>25</sup> Maresca és mtsai. *Appl Environ Microbiol* 2018;84.

<sup>26</sup> Bertilsson és Stefan. *Limnol Oceanogr* 1998;43:885–95.

<sup>27</sup> Comta és del Giorgio. *Environ Microbiol* 2009;11:1704–16.

Néhány mintára jellemző volt a tipikus tengeri, ámde édesvizekben is előforduló Actinobacteria taxonok jelenléte, mint a hgcI klád<sup>28</sup> és a CL500-29<sup>29</sup>. Megfigyelhető volt az adott kémhatású környezetre jellemző taxonok jelenléte. A savas tőzegmohalápban az acidofil Acetobacteraceae és az Acidimicrobiia taxonok, ill. a szikésekben az alkalofil baktériumok voltak leginkább jellemzőek (pl. Nitriliruptoraceae, *Roseinatronobacter*). A Kolon-tóból különféle metanotróf/metilotróf szervezeteket mutattunk ki nagy arányban (pl. *Methyloparacoccus*, *Crenothrix*, *Methylobacter*, *Methylocaldum*). A mintákban több olyan baktériumtaxon volt jelen, amelyek anyagcsere folyamataikhoz bomló növényi anyagokat vagy CDOM-ot tudnak felhasználni (pl. *Mucilagnibacter*<sup>30</sup>; Phycisphaeraceae<sup>31</sup>). A Kolon-tóban előforduló *Polynucleobacter* genus tagjai képesek a CDOM fotodegradációs termékeit hasznosítani huminanyagban gazdag élőhelyeken<sup>32</sup>, továbbá a Flavobacteriumok bizonyos makromolekulák lebontására képesek<sup>33</sup>.

A CDOM mintasor főkomponens elemzése alapján a közösségek elválása nem magyarázható a minták CDOM tartalmával, míg a kémhatásbeli és tápanyagtartalombeli különbségekkel igen, amely alapján feltételezhető, hogy a bakterioplankton és fitoplankton összetételét a vizsgált tavak regionális jellemzői, fizikai és kémiai paraméterei együttesen befolyásolhatták, ezekhez képest a CDOM hatása elhanyagolható, viszont a CDOM mennyiségének hatása a bakteriális produkcióra még a víztest fizikokémiai paraméterek markáns eltérései ellenére is meghatározó jelentőségű volt.

A makrofiton mintasor klaszter és főkomponens analízise alapján a bakteriális közösségek eltérései arra utaltak, hogy a hasonló környezeti paraméterek ellenére a makrofiton határozza meg az ott élő bakteriális közösségek összetételét, vagyis a tó bakterioplanktonjában megfigyelhető horizontális eltéréseket a makrofiton állományok különbözőségével magyarázhatjuk. A vizsgált makrofitonok tápanyagtartalma is jelentősen eltért: az uralkodó vízínövények közül a rence rendelkezik a legkisebb C/N és C/P aránnyal. Ez alapján feltételezhető, hogy a rence a másik két uralkodó vízínövényhez (tündérrózsa és nád) képest a baktériumoknak kedvező, gyorsabb bomlási sebességgel rendelkezik<sup>34</sup>. A makrofiton jelenléte és hiánya is fontos tényező, hiszen a makrofiton jelentős közvetlen és közvetett hatással van a

---

<sup>28</sup> Tang és mtsai. *Can J Microbiol* 2015;61:22–31.

<sup>29</sup> Liu és mtsai. *Front Microbiol* 2015;6:64.

<sup>30</sup> Pankratov és mtsai. *Int J Syst Evol Microbiol* 2007;57:2349–54.

<sup>31</sup> Ntougias és mtsai. *Microbes Environ* 2016;31:401–9.

<sup>32</sup> Jezberová és mtsai. *Env Microbiol* 2010;12: 658–669.

<sup>33</sup> Krieg és mtsai. *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, Springer Science & Business Media, 2011.

<sup>34</sup> Enríquez és mtsai. *Oecologia* 1993;94:457–71.

lokális vízi ökoszisztémára<sup>35,36,37,38,39</sup>. Az anoxikus rencés minta fitoplankton és bakterioplankton összetételében is elkülönült a többi Kolon-tavi mintától, ahol a mintavételi pontokon belül észlelt DO és fényintenzitás változás okozta vertikális különbség a legjobban megmutatkozott.

A CDOM mintasor esetében a vizsgált tavak nyíltvízi részére nagyobb fajgazdagság volt jellemző, és a makrofiton mintasor esetében a nyíltvízi rész diverzitása bizonyult nagyobbak. Ezek magyarázhatók a makrofiton hiányával, mivel a sekély tavak nyíltvízi részén a szél indukálta turbulens áramlás és felkeveredés intenzívebb<sup>40</sup>. Az így felkeveredő üledék részecskék gyakran nagy térbeli és kémiai heterogenitást idéznek elő<sup>41</sup>. Az ilyen részecskék általában magasabb fajszaám ill. diverzitás jellemző a makrofiton uralta részekhez képest<sup>36</sup>. A huminos tavakban a különböző szénforrások (pl. CDOM) jelenléte növelheti<sup>42</sup>, míg a túl magas foszfor csökkentheti a bakteriális sokféleséget<sup>43</sup>, amelyet jól tükröznek a Sós-ér alacsony diverzitás értékei. A nagy ill. kis CDOM tartalommal rendelkező minták bakterioplankton és fitoplankton diverzitására valószínűleg a CDOM tartalom egyaránt negatívan hatott.

A mintákban számos nemzetség kevesebb, mint 5%-os relatív abundancia értékkel járult hozzá a közösség összetételéhez, amely nagy bakteriális sokféleségre utal. A CDOM mintasor esetében a bakterioplankton közösségben 30 taxon több mint 5%-os részesedéssel vett részt, amelyből 18 taxon nem rendelkezik tenyésztett képviselővel, míg a makrofiton mintasorban 18 taxon járult hozzá legalább 5%-os részesedéssel a bakterioplankton összetételéhez, amelynek a fele tenyésztetlen volt. Ebből következik, hogy a vizsgált mintákban számos fontos, ámde még tenyésztetlen baktériumtaxon fordult elő, amelyek anyagcseréjéről még pontos ismereteink nincsenek.

A mintasor vizsgálatokkal párhuzamosan végzett polifázikus taxonómiai munkák segítségével két új Rhizobiales (Alphaproteobacteria) fajt írtunk le: *Siculibacillus lacustris* gen. nov., sp. nov. és *Rhizobium aquaticum* sp. nov. A Rhizobiales rend több mint 15 családot tartalmaz, számos jól ismert nemzetsége patogén az emberek és állatok számára (pl. *Bartonella*, *Brucella*), vagy képesek szimbiózisba lépni növényekkel (pl. *Rhizobium*), ill. lehetnek talajlakók (pl. *Nitrobacter*) és szennyvíztisztító bioreaktorokban is előfordulhatnak (pl. *Chelatococcus*). Azonban nemrégiben világossá vált, hogy a Rhizobiales egyes taxonjai fontos

<sup>35</sup> Huss és Wehr. *Microb Ecol* 2004;47:305–15.

<sup>36</sup> Wu és mtsai. *Environ Microbiol* 2007;9:2765–74.

<sup>37</sup> Hempel és mtsai. *Aquat Microb Ecol* 2009;58:79–94.

<sup>38</sup> Zeng és mtsai. *Appl Environ Microbiol* 2012;78:177–84.

<sup>39</sup> Zhao és mtsai. *Can J Microbiol* 2013;59(4):237-244.

<sup>40</sup> Jeppesen és mtsai. The structuring role of submerged macrophytes in lakes. *USA, Germany: Springer Science & Business Media*, 2012.

<sup>41</sup> Simon és mtsai. *Aquat Microbiol Ecol* 2002;28:175–211.

<sup>42</sup> Sigeo. *Fresh water microbiology. John Wiley & Sons*, 2004.

<sup>43</sup> Margalef. *Temporal succession and spatial heterogeneity in phytoplankton. University of California press*, 1958.



szerepet tölthetnek be az édesvízi környezetek vagy tengerek bakterioplanktonjában is<sup>44,45</sup>. Az NGS eredmények rámutattak arra, hogy a vizsgált vízminták némelyikében a Rhizobiales rendbe tartozó baktériumok jelentősen hozzájárultak a planktonikus közösség összetételéhez. A Rhizobiales OTU-k azonban szinte minden vízmintában előfordultak, amelyeket összehasonlítva az újonnan leírt fajokkal, azt az eredményt mutatták, hogy a Rhizobiaceae családba tartozó *Rhizobium aquaticum* a makrofiton mintasorból származó OTU-kkal, míg az Ancalomicrobiaceae családba tartozó *Siculibacillus lacustris* a Szent Anna-tóból kimutatott OTU-kal mutatott legközelebbi, ámde távoli rokonságot. A filogenetikai elemzés alapján mindkét mintasorból összesen 12 érvényes névvel rendelkező Rhizobiales családból mutattunk ki képviselőket, de sok taxon esetében a típusfajok még nem tartoztak érvényes névvel rendelkező családba. A mintasorokból származó szekvenciák legnagyobb hányada a Methylocystaceae és a Beijerinckiaceae család tagjaival volt rokon, ellenben a legtöbb fajta OTU a Beijerinckiaceae és a Hyphomicrobiaceae családból került ki. Eredményeink alapján a vizsgált tavak bakterioplanktonjában több olyan Rhizobiales baktérium volt jelen, amely eddig még le nem írt, valószínűsíthetően új családba sorolható be. Ezek alapján elmondható, hogy a sekély tavak planktonikus közösségében a Rhizobiales taxonok egy eddig kevésbé ismert, de jelentős diverzitású komponenst jelentenek.

## Az értekezés tézisei

Hazánk sekély tavainak bakterioplankton közösségének összetételéről és az azokat meghatározó környezeti változókról még kevés ismeretünk van. A szakirodalom alapján a sekély tavak CDOM tartalma és makrofitonjai fontos tényezők lehetnek ezen közösségek szempontjából. A disszertációban bemutatott eredmények alapján levont következtetéseinket az alábbi néhány tézispontban foglaltuk össze:

1. a sekély tavak bakteriális produkciója és a tápanyag, a DOC és a CDOM tartalma között lineáris összefüggés van;
2. nem található szoros összefüggés sekély tavakban a bakterioplankton közösségek metabolikus potenciálja és a tavak CDOM tartalma között;

---

<sup>44</sup> Liu és mtsai. *Int J Syst Evol Microbiol* 2015;65:4449–54.

<sup>45</sup> Sheu és mtsai. *Int J Syst Evol Microbiol* 2015;65:472–8.

3. a bakterioplankton és a fitoplankton közösségek összetételére a tavak egyes fizikai és kémiai paramétereinek nagyobb hatása van, mint a CDOM mennyiségének;
4. jelentős makrofiton állomány mellett a sekély tavak bakterioplankton összetételét a makrofiton típusa alapvetően meghatározza;
5. a sekély tavak planktonikus közösségeiben a Rhizobiales taxonok egy eddig kevésbé ismert, de jelentős diverzitású komponenst jelentenek;
6. polifázikus taxonómiai munkák segítségével két új Rhizobiales fajt és egy nemzetséget írtunk le: *Siculibacillus lacustris* gen. nov., sp. nov. és *Rhizobium aquaticum* sp. nov. néven.

## Publikációs lista

### Az értekezés témakörében készült közlemények jegyzéke

- Felföldi T, Márton Zs, Szabó A, **Mentes A**, Bóka K, Márialigeti K, Máthé I, Koncz M, Schumann P, Tóth E. *Siculibacillus lacustris* gen. nov., sp. nov., a new rosette-forming bacterium isolated from a freshwater crater lake (Lake St. Ana, Romania). *Int J Syst Evol Microbiol* 2019 (online elérhető, kötet és oldalszám nélkül). doi: 10.1099/ijsem.0.003385 (IF 2017: 1,932)
- Máthé I, Tóth E, **Mentes A**, Szabó A, Márialigeti K, Schumann P, Felföldi T. A new *Rhizobium* species isolated from the water of a crater lake, description of *Rhizobium aquaticum* sp. nov. *Antonie van Leeuwenhoek Int J Gen Mol Microbiol* 2018;111: 2175–2183. doi: 10.1007/s10482-018-1110-0 (IF 2017: 1,588)
- Mentes A**, Szabó A, Somogyi B, Vajna B, Tugyi N, Csitári B, Vörös L, Felföldi T. Differences in planktonic microbial communities associated with three types of macrophyte stands in a shallow lake. *FEMS Microbiol Ecol* 2018;94:fix164. doi: 10.1093/femsec/fix164 (IF 2017: 3,495)
- Mentes A**, Szabó A, Jurecska L, Tugyi N, Somogyi B, Csitári B, Vörös L, Boros E, Felföldi T. Az Izsáki Kolon-tó mikrobiológiai felmérése. *Hidrol Közl* 2016;96:59-63.
- Mentes A**, Tóth E, Kéki Zs, Kosztik J, Márialigeti K, Máthé I, Felföldi T. Vizes környezetekből izolált potenciálisan új baktériumfajok taxonómiai jellemzése. *Hidrol Közl* 2015;95:56-58.

## Egyéb főbb tudományos közlemények

- Magyar Cs\*, **Mentes A\***, Fichó E, Cserző M, Simon I. Physical background of the disordered nature of “Mutual Synergetic Folding” proteins. *Int J Mol Sci* 2018;19:3340. doi:10.3390/ijms19113340 (\*megosztott első szerző; IF: 3,687)
- Felföldi T, Fikó DR, **Mentes A**, Kovács E, Máthé I, Schumann P, Tóth E. *Quisquiliibacterium transsilvanicum* gen. nov., sp. nov., a novel betaproteobacterium isolated from a waste-treating bioreactor. *Int J Syst Evol Microbiol* 2017;67:4742-4746. doi: 10.1099/ijsem.0.002368 (IF: 1,932)
- Felföldi T, Schumann P, **Mentes A**, Kéki Zs, Máthé I, Tóth E. *Caenimicrobium hargitense* gen. nov., sp. nov., a new member of the family Alcaligenaceae (Betaproteobacteria) isolated from activated sludge. *Int J Syst Evol Microbiol* 2017;67:627-632. doi: 10.1099/ijsem.0.001674 (IF: 1,932)
- Felföldi T, **Mentes A**, Schumann P, Kéki Zs, Máthé I, Márialigeti K, Tóth E. *Rufibacter quisquiliarum* sp. nov., a new member of the phylum Bacteroidetes isolated from a bioreactor treating landfill leachate. *Int J Syst Evol Microbiol* 2016;66:5150-5154. doi: 10.1099/ijsem.0.001488 (IF: 2,134)
- Pálffy K, Felföldi T, **Mentes A**, Horváth H, Márialigeti K, Boros E, Vörös L, Somogyi B. Unique picoeukaryotic algal community under multiple environmental stress conditions in a shallow, alkaline pan. *Extremophiles* 2014;18:111-119. doi: 10.1007/s00792-013-0602-0 (IF: 2,306)