

A planktonikus bakteriális közösségek szezonális alakulása különböző karakterű szikes tavakban

Korponai Kristóf*, Szabó Attila*, Somogyi Boglárka**, Vörös Lajos**, Vajna Balázs*, Boros Emil**, Felföldi Tamás*

* ELTE Mikrobiológiai Tanszék, 1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/c. (E-mail: tamas.felfoldi@gmail.com)

** MTA Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet, 8237 Tihany, Klebelsberg Kuno út 3.

Kivonat

2013 márciusa és 2014 júliusa között, havonkénti mintavételeket végeztünk két különböző karakterű kiskunsági szikes tóban. A két típus fizikai és kémiai jellemzői hasonlóak, azonban színben és turbiditásban egymástól egyaránt jelentősen eltér a zavaros (fehér) Zab-szék és a színes (fekete) típusba tartozó Sós-ér. Mindkét tó asztatikus, így életközösségeikben a kiszáradásra kevésbé érzékeny szervezetek a meghatározóak (ágascspájú rákok, kerekeshérgyek, algák és baktériumok). Kutatásunkban közösségi DNS alapján vizsgáltuk a 16S rRNS gén variábilis V3-V4 régióját nagy áteresztőképességű piroszekvenálással, amivel nemzetség-szinten tudtuk azonosítani a bakteriális közösségek alkotóit. Mindkét tóban diverz bakteriális közösséget tártunk fel, jelentős mennyiségű tenyésztésbe nem vont taxonnal. Eredményeink szerint a két tó mikrobiótája egymástól nagymértékben különbözött a vizsgált időtartamban, a Sós-érra a *Fluviicola*, a *Limnohabitans* és az *Algoriphagus*, míg a Zab-székre a *Jannaschia*, és a *Synechococcus* nemzetségek voltak jellemzőek, ugyanakkor számos taxon mindkét tóban előfordult, pl. a *Belliella* és a *Hydrogenophaga*. Statisztikai elemzésekkel kimutattuk, hogy a bakteriális közösség összetételét alapvetően a tavak szezonális változásai (algavirágzások, kiszáradás és feltöltődés) határozták meg.

Kulcsszavak

szikes tavak, baktériumközösség, újgenerációs DNS-szekvenálás, mikrobiális ökológia

Seasonal dynamics of the planktonic bacterial community in two distinct types of soda pans

Abstract

Between March 2013 and July 2014 two soda pans in the Kiskunság area were sampled monthly. The studied pans belong to two distinct types: though several physico-chemical characteristics are similar, turbidity and water colour differ markedly. Zab-szék pan was chosen as a typical representative of the 'turbid' type, while Sós-ér pan represents the 'coloured' type. Both lakes are astatic, so they harbour a reduced food web compared to other lakes in the temperate zone. Organisms less affected by desiccation inhabit these water bodies: cladocerans, rotifers, algae and bacteria. In our study, the V3-V4 region of the 16S rRNA gene was used to identify the planktonic bacterial community members with high-throughput pyrosequencing on the genus-level. Highly diverse bacterial communities were revealed with many yet-uncultured taxa. According to our results, the two lakes highly differed from each other during the sampling period. Characteristic genera for Sós-ér soda pan were *Fluviicola*, *Limnohabitans* and *Algoriphagus*, while for Zab-szék genera *Jannaschia* and *Synechococcus* were typical, though shared taxa were also found, such as *Belliella* or *Hydrogenophaga*. Statistical analysis revealed that the bacterial community composition was significantly affected by the seasonal changes in the lakes (for instance algal blooms, desiccation and refillment).

Keywords

soda pans; bacterial community; next-generation DNA sequencing; microbial ecology

BEVEZETÉS

A szikes tavak a Kárpát-medence unikális állóvízei. Csak nagyon kevés hozzájuk hasonló vízteret találunk Földünkön (Boros és társai 2014). Ezekre a sekély, kis fotikus zónával rendelkező, nyaranta gyakran kiszáradó tavakra jellemző a stabilan lúgos pH (9-11), a nagy napi hőingás és a relatív nagy sziksótartalom is. Ezek a tulajdonságok erős szelekciós hatással bírnak az élőlényekre, emiatt a tavak életében felértékelődnek az egysejtű szervezetek (Sorokin és társai 2004). A hazai szikesekben élő planktonikus közösség összetételére jellegzetes szezonális változások jellemzőek, amelyeknek gyakorta része a téli zöldalgavirágzás (Somogyi és társai 2009, Pálffy és társai 2014), valamint a tavasszal-nyáron időnként, és esetileg nagymértékben elszaporodó zöldalgákkal együtt megjelenő bimbobaktérium-tömegprodukciónak is (Borsodi és társai 2013, Korponai és társai 2015).

A Kárpát-medence szikes tavait négy típusba sorolhatjuk: zavaros („fehér”), átmeneti (egyszerre zavaros és

színes), színes („fekete”), és átlátszó (Boros és társai 2010). Ezek közül a két véglet (a zavaros és a színes) megfeleltethető a szél által felkevert és kiüledett állapotnak, valamint a szikes tavak szukcessziójának is külön stádiumát jelentik, hiszen a színes vizek pont a makrofiton-vegetáció miatt nem tudnak felkeveredni, és az ezekből (pl. zsióka) származó bomló növényi maradványok eredményezik a víz barnás-feketés színét (Vörös és társai 2011). E két csoporton belül választottunk két tipikus víztestet, célunk a Kiskunságban található zavaros vizű Zab-szék és a színes típusba tartozó Sós-ér planktonikus bakteriális közösségeinek összehasonlítása volt több mint egy évet felölelő időskálán, nagyfelbontású molekuláris módszerrel.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A mintavételek 2013 márciusa és 2014 júliusa között az 1. táblázatban feltüntetett időpontokban történtek két, a Solti-síkságon található szikes tóból. A mintavételi pontok földrajzi koordinátáit (Zab-szék - É. sz. 46° 50,190',

K. h. 19° 10,283'; Sós-ér - É. sz. 46° 47,341', K. h. 19° 8,679') GPS 76Cx készülékkel (Garmin) rögzítettük. Az alapvető vízkémiai paramétereket a helyszínen mértük (WTW MultiLine P 8211 multiméterrel), az a-klorofill koncentrációjának (Wellburn 1994) meghatározása laboratóriumi körülmények között történt. A többi mért változó meghatározásának részletes leírását korábban megadtuk (Pálffy és társai 2014).

A mintavételt követően a vízmintákat azonnal laboratóriumba szállítottuk, ahol azokat centrifugálással (Zab-szék) vagy 0,45 µm pórusátmérőjű cellulóz-acetát membránon (Millipore) szűréssel (Sós-ér) tömörítettük, végül -20°C-on tároltuk őket későbbi feldolgozásukig. A vízfázisú minták esetében 500 µL térfogatból, míg a szűrt minták esetében a szűrőpapírból történt a DNS kivonása UltraClean® Soil DNA Isolation Kit (MoBio) használatával. A molekuláris vizsgálatokhoz a bakteriális riboszóma kis alegységében található 16S rRNS-t kódoló gént (a 16S rDNS-t) használtuk fel a taxonok azonosításához. A piroszekvenáláshoz a 16S rDNS-t polimeráz láncreakció (PCR) segítségével, B341F és B785R primerekkel (Klindworth és társai 2013) szaporítottuk fel, a PCR termékeket High Pure PCR Cleanup Micro Kit-tel (Roche) tisztítottuk meg. A minőségi ellenőrzést és a DNS koncentrációjának mérését Model 2100 Bioanalyzer (Agilent) készülékkel végeztük. A DNS-szekvenálás GS Junior (Roche) platformon történt a gyártó utasításai szerint. Ezt követően a kapott szekvenciákat mothur v1.33 szoftver (Schloss és társai 2009) segítségével elemeztük (taxonok azonosítása, fajszám becslése, stb.). A PCR amplifikáció és a szekvenáló reakció során keletkezett műtermékeket (kimérák, homopolimerek) és az egyszer előforduló (singleton) szekvenciákat a bioinformatikai elemzés során kiszűrtük. Az így nyert magas minőségű szekvenciasort a SINA szoftver (Pruesse és társai 2012) segítségével illesztettük, a taxonómiai azonosítás az ARB-SILVA SSU v119 referencia adatbázis (letöltés ideje: 2015.08.04.; Quast és társai 2013) használatával történt. A diverzitás-indexeket normalizált adatokból határoztuk meg, a szekvenciákat 97%-os bázissorrendbeli egyezés fölött rendeltük operatív taxonómiai egységekhez (OTU), mivel ez az érték a bakteriális taxonómiában a „faj-határ” (Tindall és társai 2010). Statisztikai értékelésünkhöz a relatív abundancia-értékeket vettük alapul, a főkomponens-analízist PAST 2.17c programmal (Hammer és társai 2001) végeztük el.

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

A vizsgált időintervallumon belül mindkét tó fizikai-kémiai paraméterei jelentős mértékben változtak, a Sós-ér például 2013 szeptemberében kiszáradt. Az év során a vízmélység, és ezzel együtt a fizikai és kémiai környezet jelentősen változott: alacsony vízmélység esetén magasabb pH, vezetőképesség, lebegőanyag- és színkoncentráció (Pt-egység) értékeket mértünk. A részleteket az 1. és 2. táblázatban tüntettük föl. Mindkét tó a Na⁺/HCO₃⁻

típusba tartozik, tehát nem szikós, hanem szikes tó (Boros és társai 2014). Szalinitás tekintetében mindkét tó a Hammer-féle (1986) felosztás szerint alapvetően hiposzalin (3-20 g/l) kategóriába esett (3,0-17,0 g/l), kivételt a szubszalin (0,5-3 g/l) 2013 áprilisi és májusi minták képeztek mindkét tó esetében, valamint a Zab-szék esetében még a júniusi érték is (1,5-2,6 g/l). A baktériumok számára a különböző külső hatások közül az egyik legjelentősebb a sóstressz (Wu és társai 2006).

A Zab-székben az a-klorofill koncentráció 2 és 2500 µg/L között változott. A vizsgált időszak kezdetén alacsonyabb értékeket mértünk, majd ősszel az algák mennyisége növekedett és egy téli alga tömegprodukción figyeltünk meg. 2014 áprilisában azután a fitoplankton biomasszája újra csökkent (1. táblázat).

A vizsgált időszak kezdetén a Sós-érben kevés alga volt megfigyelhető (a-klorofill koncentráció: 1-4 µg/L), majd a kiszáradás előtt mennyiségük nőtt (2013. augusztus: 460 µg/L a-klorofill koncentráció). A feltöltődés után a téli időszakban (2013. november - 2014. január) az a-klorofill koncentráció 350 és 380 µg/L között változott, majd tavasszal az algák mennyisége újra lecsökkent (2. táblázat). Nyár elején azonban biomasszájuk újra növekedett, július végére elérve az 1200 µg/L-es a-klorofill koncentráció értéket.

A fitoplankton összetételét tekintve a Zab-székben pikoalga (< 2 µm) dominanciát figyeltünk meg. 2013 augusztusában pikocianobaktériumok szaporodtak el tömegesen, majd októberre a pikoeukarióta zöldalgák váltak dominánssá, melyek mennyiségüket tekintve februárban tetőztek (1,6×10⁸ sejt/mL ill. 3,2×10⁵ µg/L). A két csoport között kompetitív viszony áll fent, mely a különböző fény- és hőmérsékleti preferencián keresztül vezetett niche-szegregációhoz, körülbelül 15 °C alatt a pikoeukarióta algák, míg fölötte a pikocianobaktériumok nyerik a versengést (Somogyi és társai 2009).

A Sós-érben az előzőektől eltérően nem a pikoalgák uralták a fitoplanktonot, hanem a nagyobb méretű algák. A téli/tavaszi és az őszi időszakban elsősorban az Euglenafélék és az ostoros zöldalgák voltak jelen. Nyáron egy fonalas cianobaktérium (*Anabaena spiroides*) egyeduralmát figyeltük meg.

A Zab-székben 16 (2. ábra), a Sós-érből 13 (3. ábra) minta került feldolgozásra újgenerációs DNS-szekvenálási módszerrel. Mindkét tó esetében több ezer szekvencia-adatot nyertünk, átlagosan 5311-et, a legalacsonyabb érték 3042 volt. Általában a Zab-szék majdnem minden mintavétel idején diverzebbnek bizonyult, de mindkét tó esetében jelentős fluktuációkat tapasztaltunk (1. ábra), és bár általános trend a nyári diverzitáscsökkenés (Yannarell és társai 2003, Kent és társai 2004), az időskálánk rövidsége miatt eredményeink ezzel sem párhuzamba, sem szembe nem állíthatók. Mindkét tó esetében a három változó hasonló trendet követ.

1. táblázat. A Zab-szék főbb fizikai és kémiai paramétereit a vizsgált időszakban
Table 1. Main physico-chemical characteristics of Zab-szék in the studied period

mintavétel időpontja	víz-mélység (cm)	Secchi-mélység (cm)	hőmérséklet (°C)	pH	szalinitás (g/l)	TSS (mg/l)	Pt. szín (mg/l)	a-klorofill konc. (µg/l)	biomassza (µg/l)		
									CyAPP	EuAPP	Nanopl.
2013.04.17	45	0,5	24	9,1	1,9	1505	952	7	0	159	0
2013.05.30	31	7	17	9,3	2,4	796	516	12	0	207	0
2013.06.18	32	4,5	26	9,2	2,6	657	526	2	8	152	0
2013.07.24	20	6	31	9,5	4,4	376	518	4	16	159	0
2013.08.15	13	5	30	9,8	7,5	455	166	44	4216	1594	39
2013.09.24	13	1,5	16,	10,0	9,8	2264	392	153	3516	14934	0
2013.10.17	6	0,5	17	10,1	6,4	2072	210	260	542	14455	0
2013.11.19	3,5	2	11	10,2	7,5	1720	174	430	1053	126661	0
2013.12.09	6	2,5	4	10,2	5,1	1152	157	456	549	114084	40
2014.01.09	4	3	6	10,2	6,4	530	199	1044	206	183349	0
2014.02.26	12	1,5	10	9,6	3,8	4523	417	1499	1511	313554	0
2014.03.26	6,5	1,5	14	9,7	5,1	1936	266	2556	494	180479	3450
2014.04.23	2,5	1	25	9,7	7,2	1674	292	822	69	129407	0
2014.05.22	3	0,5	28	9,4	6,6	3270	367	60	824	20726	0
2014.06.18	2	2	28	9,9	1,7	155	300	199	3	404	0
2014.07.29	7	3,5	31	9,7	10,0	320	644	7	144	62	0

Jelmagyarázat: TSS: összes lebegőanyag, CyAPP: pikocianobaktérium, EuAPP: pikoeukarióta alga, Nanopl.: nanoplankton.

2. táblázat. A Sós-ér főbb fizikai és kémiai paramétereit a vizsgált időszakban
Table 2. Main physico-chemical characteristics of Sós-ér in the studied period

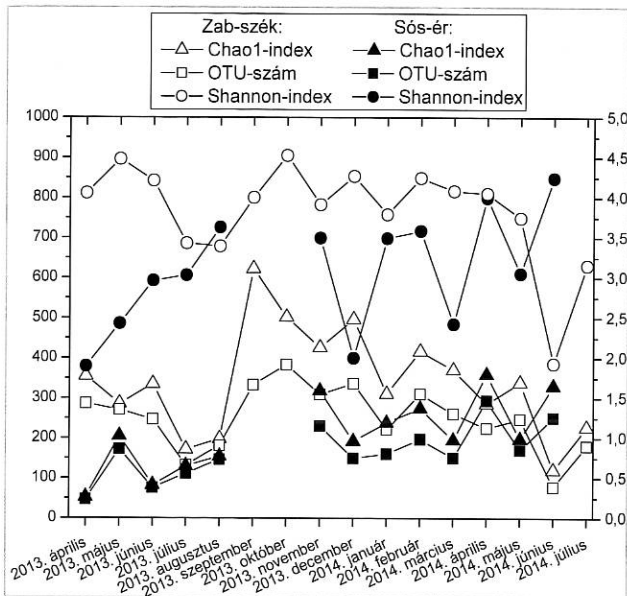
mintavétel időpontja	víz-mélység (cm)	Secchi-mélység (cm)	hőmérséklet (°C)	pH	szalinitás (g/l)	TSS (mg/l)	Pt. szín (mg/l)	a-klorofill konc. (µg/l)	biomassza (µg/l)		
									CyAPP	EuAPP	Nanopl.
2013.04.17	50	25	17	8,3	1,5	3	1070	2	0	0	14
2013.05.30	45	15	17	8,5	2,4	28	1657	4	0	0	152
2013.06.18	35	17	30	8,7	3,0	6	2255	1	0	0	4
2013.07.24	18	9	25	9,1	6,3	12	4862	2	0	0	35
2013.08.15	10	1	27	9,6	18,9	291	12598	463	15	64	35650
2013.09.24	ksz.										
2013.10.17	ksz.										
2013.11.19	4	2,2	8	10,0	9,1	219	10014	349	0	3077	5960
2013.12.09	9	3,5	4	9,9	6,2	105	12195	340	0	2681	2988
2014.01.09	8,5	2,5	5	9,9	7,6	240	8789	379	0	2376	11670
2014.02.26	18	4,5	7	9,1	3,6	105	4527	148	0	494	8160
2014.03.26	13	5	11	9,2	5,4	29	7446	65	0	8	11840
2014.04.23	8	2	21	9,3	8,6	155	9645	49	0	114	75
2014.05.22	12,5	6	25	9,3	6,2	11	6238	2	0	3	0
2014.06.18	7	4,5	24	9,6	12,0	140	9175	92	9	186	2710
2014.07.29	5,5	1,5	26	10,1	12,9	770	6943	1220	0	0	20000

Jelmagyarázat: TSS: összes lebegőanyag, CyAPP: pikocianobaktérium, EuAPP: pikoeukarióta alga, Nanopl.: nanoplankton., ksz.: kiszáradt.

Több, édesvízi baktériumközösségeket molekuláris módszerekkel vizsgáló közleményben (pl. Glöckner és társai 2000, Urbach és társai 2001, Allgaier és társai 2006) olvashatjuk, hogy az Actinobacteria a leggyakoribb törzs (phylum). E törzs tagjai domináltak a Sós-ér esetében 3 mintában a 13-ból, a Zab-székben pedig 10-ben a 17-ből, tehát inkább a Zab-székre voltak jellemzőbbek. Relatív abundanciájuk 1,8% és 82,8% között alakult (átlagosan 27,6%). Megnövekedett részarányuk mindkét víztestben elsősorban a nyári hónapokra tehető, az irodalmi adatok is hasonló dinamikáról adnak számot (pl. Glöckner és társai 2000, Urbach és társai 2001, Allgaier és társai 2006), ám okait nem fejtegetik. Elképzelhető, hogy ezeknek a baktériumoknak az aránya csak azért nő meg a közösségekben, mert a felsőbb táplálkozási szintek kieszik a többi baktériumot körülük, ezek a baktériu-

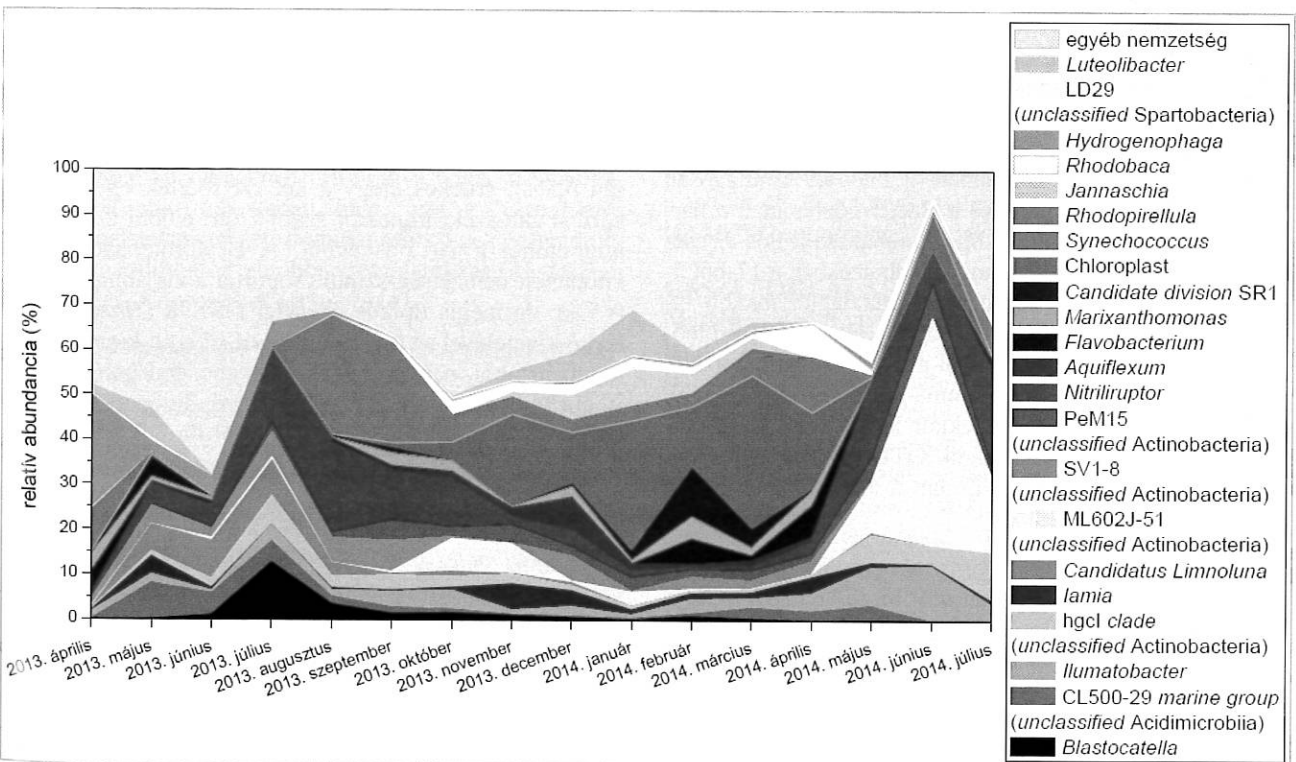
mok pedig kis méretűeknek köszönhetően sikeresen kerülnek el a protista predációs nyomást (Pernthaler és társai 1998, Hahn és társai 2003, Jezbera és társai 2005). Az Actinobacteria-ban belül a legfontosabb csoportok az *Iamia*, a '*Candidatus Limnoluna*', a *Nitriliruptor*, valamint a tenyésztésbe nem vont ML602J-51, és SV1-8 nemzetség-szintű taxonok voltak mindkét tó esetében, míg az *Ilumatobacter*, valamint a tenyésztésbe nem vont hgcI clade és PeM15 nemzetség-szintű taxonok a Zab-székben voltak számottevőbbek. Ezek közül a hgcI klád képviselőit tipikusan édesvízi szervezetként tartják számon (Zwart és társai 2002), az SV1-8 jelű baktériumot is ilyen élőhelyről mutatták ki (Warnecke és társai 2004), a '*Candidatus Limnoluna*' első képviselőjét is egy tóból tenyésztették ki (Hahn 2009), sőt, a *Nitriliruptor* nemzetség eddig ismert egyetlen fajtát pedig egy közép-ázsiai

szikes tóból izolálták (Sorokin és társai 2009). Ugyanakkor a másik két legnagyobb közösségalkotó phylummal szemben e csoport diverzitása alacsonyabb, a közösségen belüli nagy arányokat (különösen a Sós-ér esetében) viszonylag kevés OTU okozza.

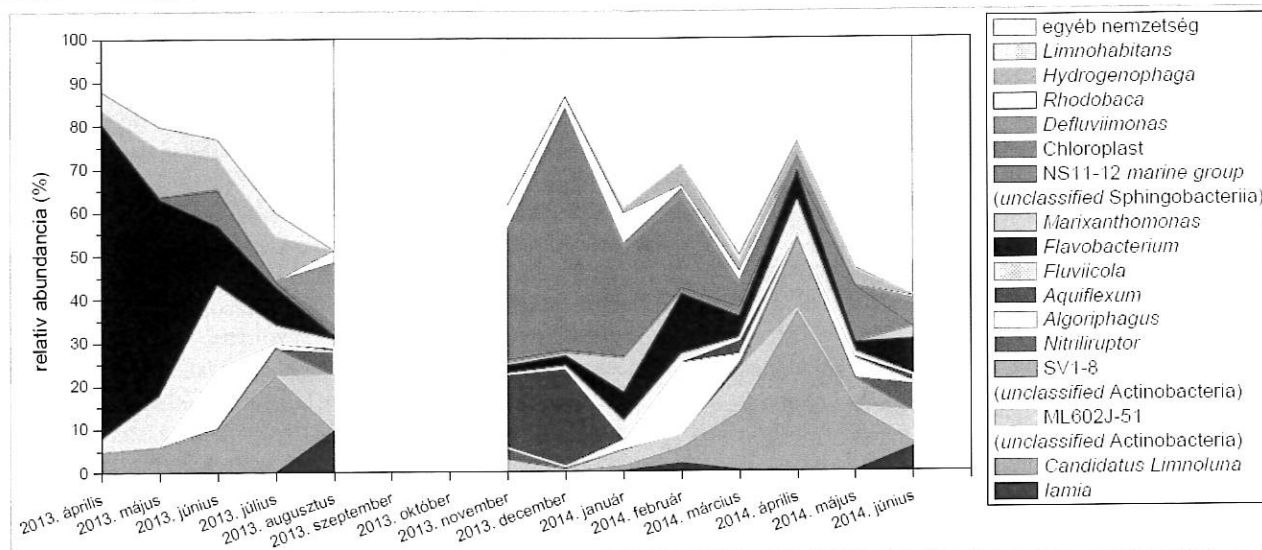


1. ábra. A két mintasorozat becstült fajszám és diverzitás értékei
 Figure 1. Estimated species number and diversity values of the two sample sets
 (Magyarázat: A bal oldali 'y' tengelyen a Chao1-index és az OTU-szám, a jobbon a Shannon-index szerepel).

A Bacteroidetes törzs képviselte a közösség második legnagyobb frakcióját az Actinobacteria után, a törzs tagjai domináltak a Sós-ér esetében 8 mintában a 13-ból, a Zab-székben pedig 2-ben a 17-ből, tehát inkább a Sós-érre voltak jellemzőbbek. Relatív abundanciájuk 2,0% és 77,0% között alakult (átlagosan 24,8%). Ebbe a törzsbe rendkívül sok vizes élőhelyeken előforduló faj tartozik, melyek jelentős része képes nagyméretű szerves molekulák lebontására is. Az ide tartozó fajok számára jellemzően kedvezően hat a víztestben tapasztalható nagyfokú produktivitás, bár egy bizonyos szint fölött a szervesanyag-tartalom már gátló hatású (Horner-Devine és társai 2003). A törzs a téli hónapokban bizonyult a közösségen belül jelentősebbnek, amikor a szervesanyag-tartalommal szorosan korreláló platina-szín értéke relatíve alacsony volt. Ekkor (2013. április, Sós-ér) érte el a phylum a közösségen belüli legmagasabb értéket, 77%-ot, melyből 72,6% a *Flavobacterium* nemzetség 12 OTU-jától származott, míg a maradék 27,3%-on majdnem 20×-ennyi OTU osztozott. A Sós-érben augusztusra 12×-esére nő a Pt. szín értéke, és drasztikusan lecsökken a *Flavobacterium* genus aránya, miközben a Bacteroidetes törzset csak kisebb mértékben, köszönhetően annak, hogy több, e törzsbe tartozó nemzetség is megjelenik (a *Fluviicola*, az *Algoriphagus* és az *Aquiflexum*). Ugyanakkor a *Flavobacterium* nemzetség fokozatos eltűnését a sós-éri életközösségből annak is tulajdoníthatjuk, hogy a phylum tagjait a protisták preferálják táplálkozásuk során (Jezbera és társai 2005).



2. ábra. A Zab-szék bakteriális közösségének szerkezete a vizsgált időszakban
 Figure 2. Bacterial community structure of Zab-szék in the studied period



3. ábra. A Sós-ér bakteriális közösségének szerkezete a vizsgált időszakban
 Figure 3. Bacterial community structure of Sós-ér in the studied period

A jellemzően minden élőhelyről nagyszámban kimutatható Proteobacteria törzsön a magasabb taxonok szintjén érzékelhető némi elterjedéssel. Az Alphaproteobacteria osztály tipikusan gyakori tengeri, óceáni környezetben, míg a Betaproteobacteria döntően édesvízi szervezetek tartoznak (Glöckner és társai 1999, Zwart és társai 2002). Ezen általános megállapítások a sós tavakon belül nem érvényesek: a szalinitás növekedésével az Alpha- és a Gammaproteobacteria osztályok relatív abundanciája növekszik, míg a Betaproteobacteria csökken (Glöckner és társai 1999; Wu és társai 2006). Ez figyelhető meg az általunk vizsgált tavakban és időintervallumon belül is. A Proteobacteria phylum egyébként jelentős részét képezte a bakteriális közösségeknek a vizsgált időpontokban (3,2%-45,9%, átlagosan 21,6%), az Actinobacteria és a Bacteroidetes után a harmadik leggyakoribb törzs volt, dominánssá a Sós-ér esetében a 13-ból 2 mintában, míg a Zab-székben a 17-ből 5-ben váltak. Míg a Betaproteobacteria tagjai inkább tavasszal voltak gyakoribbak, addig az Alphaproteobaktériumok inkább az algákkal mutattak pozitív korrelációt, szemben a Beta- és a Gamma-proteobaktériumokkal, melyeknek az aránya ugyanekkor lecsökkent. Ugyanakkor majdnem minden harmadik OTU (31,5%) a Proteobacteria törzshöz tartozott. Emiatt a továbbiakban osztályonként külön tárgyaljuk.

Mindkét tóban az Alphaproteobacteria volt a leggyakoribb és legdiverzebb osztály. Több mint kétszer annyi OTU tartozott ide, mint a Betaproteobacteria. Az osztály több foto(hetero)tróf taxont is tartalmaz, sőt, több, a fényt eltérő módon hasznosító csoportot, például bíbor nemkén baktériumokat és aerob anoxigenikus fototrófokat is. Előbbire a *Rhodobaca* nemzetség mindkét, míg utóbbira a *Jannaschia* néhány faja példa (Rosenberg és társai 2014). Az osztályba tartozó három leggyakoribb taxon közül a *Jannaschia* a téli Zab-székre, a *Defluviimonas* a kiszáradás előtti Sós-érré jellemzőbb inkább, míg a *Rhodobacát* már korábban kimutattuk egy kis szikes tóból egy bíborbaktérium-tömegtermelés második legjelentősebb képviselőjeként (Korponai és társai 2015).

Kiemelendő, hogy e nemzetségnek a vizsgált időszak alatt 2014 áprilisában, a Zab-székben volt a legmagasabb a relatív abundanciája. Ekkor, április 23-án vettünk mintát a közeli tó bíborrétegéből is (a két tó egymástól 8 km távolságra helyezkedik el).

A Betaproteobacteria osztály esetében az irodalmi adatoknak (Pernthaler és társai 1998, Glöckner és társai 2000) megfelelő évszakos dinamikát figyeltünk meg mindkét tóban: ősz végére a taxon képviselői tulajdonképpen eltűntek, és majd csak a tavaszi olvadást követően szaporodtak el újra - bár ez utóbbi a Zab-székben 2014-ben már nem történt meg. Ezt a dinamikát az OTU-k számának és arányának változása is tükrözi. Az osztály relatív abundanciája 0,2% és 30,8% között alakult (átlagosan 6,5%), érdekes, hogy a két szélsőérték egyaránt az áprilisi zab-széki mintából származott: előbbi a 2014-es, míg utóbbi a 2013-as évből. A Betaproteobacteriának kitüntetett nemzetség-szintű csoportja a kis abundanciájú (<5%), de mégis tipikus édesvízi GKS98 (Hahn 2006). Kettő kivételével az összes mintából sikerült kimutatnunk mindkét tóból, nagyon kevés szekvenciával (<1% - nem is ábrázoltuk sehol), bár számottevő diverzitásban (13 OTU), ezt a szalinitást viszonylag jól tűrő (Wu és társai 2006), de a nagy pH-t el nem viselő taxont (Lindström és társai 2005). A *Hydrogenophaga* volt a leggyakoribb ide tartozó nemzetség, míg a *Limnohabitans* és a *Polynucleobacter* csak szóróványosan fordult elő. A vízi ökoszisztémákra általánosan jellemző *Rhodospirillum rubrum* nemzetséget (Zwart és társai 2002) nem sikerült kimutatnunk egyik tóból sem.

A Gammaproteobacteria osztály jellemzően kis arányt képvisel (édes)vizekben (Pernthaler és társai 1998), esetünkben 0,1% és 17% közötti relatív abundanciákat mértünk. Az ide tartozó baktériumok rendkívül sokfélék lehetnek, a humán patogénektől a fotoszintetizálóig változatos anyagcseretípusokkal rendelkezhetnek. Mi jelen kutatásunkban például e két típus egyikéből sem találtunk szignifikáns mennyiségben reprezentánsokat. Ez előbbi esetben nem meglepő (sőt, mi több, megnyugtató), viszont utóbbi esetben már az, hiszen a fentebb már emlí-

tett, a közelben fekvő szikes tavacsát korábban ugyanezzel a módszerrel egy bíborbaktérium-tömegprodukción idején vizsgálva, a leggyakoribb csoportot (a szekvenciák közel harmadával) egy bíbor kénbaktérium nemzetség (az *Ectothiorhodospira*) alkotta (Korponai és társai 2015). Most 29-ből csupán 6 sós-éri mintában találtunk néhány ide tartozó szekvenciát.

A Deltaproteobacteria osztály azonosított tagjainak a relatív gyakorisága 0-4,4% között alakult, a magasabb értékeket alacsony vízállások esetén kaptuk, ez egybevág azzal a ténnyel, hogy az ide tartozó baktériumok között sok az üledékekhez kötődő szulfát-redukáló szervezet (Rosenberg és társai 2014). (Az ún. szulfát-légzés - SO_4^{2-} , mint elektronakceptor - anaerob folyamat.) Ugyanakkor az is hozzáteendő, hogy ezt a csoportot közel annyi OTU képviselte, mint a Betaproteobacteriát.

Az édesvízi bakteriális közösségeket jóformán minden esetben kiegészíti a Verrucomicrobia csoport (Zwart és társai 2002), ugyanakkor több kutatás is rávilágított arra, hogy e csoport nem viseli jól a magas pH-t (Lindström és társai 2005). Wu és munkatársai (2006) hasonló pH-jú tibeti tavakból már nem tudták kimutatni ezeket. Arányuk kicsi, de nem csekély (0-13,5%, átlag 4,8%, a Sós-érre kevésbé jellemzőek), ismeretlenségüket a nehéz tenyésztetőségük adja, több fajuk obligát anaerob (Schlesner és társai 2006).

Több alkalommal voltak a közösségen belül dominánsak fototróf taxonok. Cianobaktériumok elsősorban a nyári Zab-székre, míg a zöldalga-eredetű kloroplasztisz-szekvenciák a téli időszakra voltak kiemelten jellemzők, ez az eloszlás összhangban állt a mikroszkópos vizsgálatok eredményeivel. Az anoxigenikus (oxigént nem termelő) foto(hetero)trófok közül a *Jannaschia* és *Rhodobaca* nemzetségek közösségen belüli aránya télen, a zöldalga-virágzások alatt növekedett meg, míg a '*Candidatus Limnoluna*' tavasszal lett dominánsabb. Ezek az eredmények párba állíthatók korábbi vizsgálatokkal (Medová és társai 2011, Korponai és társai 2015).

Bár a dominánsabb csoportok tekintetében jelentős eltérés mutatkozik a két tó bakteriális közösségében, jellemzően ugyanazok a nemzetségek megtalálhatók mindkét víztestben, de közösségen belüli arányuk eltérő. Ugyanakkor a tavanként többszáz taxon között vannak olyanok, amelyek tavankénti elkülönülést mutatnak. Az abundánsabb taxonok közül a Sós-érből szinte teljesen hiányzik a *Jannaschia* és a *Synechococcus* nemzetség, míg a Zab-székben a *Fluviicola*, a *Limnohabitans* és az *Algoriphagus*. Főbb különbségeket magasabb rendszertani szinteken is találhatunk. Szinte teljes abszencia figyelhető meg a Sós-érben az Acidobacteria, a Spirochaetae és a Fibrobacteres phylum tekintetében, míg a Zab-székben jóformán keresve sem találtunk képviselőt a Chlamydiae törzsből és a Proteobacteria Epsilonproteobacteria osztályából. Szembetűnő különbség a két tó között, hogy míg a Sós-érben (3. ábra) viszonylag kevés taxon alkotja a közösség számottevő részét, addig a Zab-székben (2. ábra) sokkal kiegyenlítettebbek az arányok, ritkán kerülnek domináns helyzetbe taxonok, és (talán pont ezért) itt a bakteriális diverzitás is nagyobb.

Elképzelhető, hogy az extrém környezethez való alkalmazkodás csereviszonyban van az effektív kompetícióra való képességgel, és így az extrémebb élőhelyen diverzebb közösségek jöhetnek létre (Wu és társai 2006, Lanzén és társai 2013).

Az, hogy adott tó bakteriális közössége nem állandó, hanem évről évre változhat, régóta ismert (Yannarell és társai 2003, Kent és társai 2004). Yannarell és munkatársai (2003) két éven át mintáztak tavakat kéthetes mintavételi frekvenciával. Eredményeik, - miszerint nyáron sokkal változóbb a bakteriális közösség, míg tavasszal és ősszel meglehetősen stabil annak összetétele - összecsengenek a mieinkkel. Az okok keresésekor érdemes felidézni a három fő jellemzőt, amelyben a mikrobák különböznek a legtöbb többsejtű élőlénytől: abszolút skálán mért nagy populációméret, rövid generációs idő és nagy diszperziós képesség (Dolan 2005).

Ezek lehetnek az okai annak is, hogy egymás közelében található élőhelyek baktériumközösségének összetétele akár nagymértékben is különbözhet (pl. Van der Gucht és társai 2001), valamint adott élőhelyen belül időbeli skálán vizsgálva függően gyakran éles eltéréseket láthatunk egymást követő időpontok között (még kétheti mintavételi frekvencia esetén is - pl. Van der Gucht és társai 2001, Yannarell és társai 2003). Az okok közé természetesen az idő során változó fizikai, kémiai és biológiai (kompetitív, top-down és bottom-up hatások egyaránt) hatások egyaránt értendők.

A mintáink főbb környezeti paramétereit és szekvenálás során kapott (nem OTU-kra, hanem szekvenciákra vonatkozó) relatív abundancia-értékeit főkomponens-analízissel vizsgáltuk. Az első (34,0%) és a második (26,2%) főkomponens mentén a két tó mintái alapvetően elkülönültek egymástól, és ezen belül a kiszáradó, a feltöltődő, és a tömeges algaprodukción állapotok mentén külön csoportokat alkottak.

ÖSSZEFOGLALÁS

Mérsékelt égövi tavakon végzett eddigi kutatások megállapították (pl. Yannarell és Triplett 2005) hogy a bakteriális közösségek összetételére nem lehet következtetni az élőhely földrajzi helyéből, és a taxonómiai gazdagság sem kapcsolható szorosan a tavak méretéhez (Dolan, 2005). Ez ellentmond a szigetbiogeográfia-elméletnek (MacArthur és Wilson 1967), mely szerint 1.) a közeli szigetek élővilága sokkal jobban hasonlít egymásra, mint távolabbiakra, valamint 2.) a rendszer mérete összefügg a diverzitással - nagyobb szigeteken nagyobb a fajgazdagság. Dolan (2005) szerint elsősorban a mikrobák nagy diszperziós képességének tudható be, hogy náluk ez az elmélet nem áll meg. Sőt, az extrémebb élőhelyek is gyakran nagyobb (mikro)biológiai diverzitást hordoznak magukban, mint szélsőségesebb környezeti hatásoknak kevésbé kitett társaik (Wu és társai 2006, Lanzén és társai 2013). Eddigi kutatások a baktériumközösségek összetételében megfigyelhető különbségeket elsősorban a vizek hőmérsékletével, pH-jával, Secchi-mélységével, valamint sótartalmával állítottak párhuzamba (Lindström és társai 2005, Yannarell és Triplett 2005, Wu és társai 2006).

Régóta tudott, hogy „a biológiai kölcsönhatások, és/vagy a fizikai-kémiai állapotok adott tavon belül jelentősebben határozzák meg a bakteriális közösség összetételét, mint a tó földrajzi elhelyezkedése” (Dolan, 2005). Ezt a kapott eredményeink is alátámasztják, bár a vártnál sokkal nagyobb eltérés mutatkozott a két tó bakteriális közösségében, sőt az átfedő időszakokon belül az egyes víztesteken belül is. Ez utóbbi nem egyetemes mintázat, évről évre változó (pl. Yannarell és társai 2003, Kent és társai 2004) és visszatérő-ismétlődő (pl. Pernthaler és társai 1998, Van der Gucht és társai 2001) közösségszerkezetekről egyaránt lehet olvasni.

A két tóban előforduló taxonok között (eddig ismeretek alapján) édesvízinek és tengerinek mondottakat egyaránt találhatunk. A fajlistánkat ha (pl. erdélyi) sós tavakhoz hasonlítjuk - amelyek alapvetően a tengeri-óceáni baktériumközösségekre hasonlítanak (Nagy és társai 2015) -, akkor alig tapasztalhatunk átfedéseket. A vizsgált tavak alapján azt mondhatjuk, hogy a Kárpát-medence szikes tavainak baktériumközössége valahol középen helyezkedik el az „édesvíz-tenger” tengelyen, mindkét végétől meglehetősen, és karakteresen távol. Ennek oka valószínűleg a szikes tavaink relatíve alacsony sótartalma, a Hammer-féle csoportosítás (1986) szerint jellemzően a hiposzalin kategóriába estek. Ezt látszik alátámasztani a Proteobacteria törzs két osztályának dinamikája. A sótartalom egy viszonylag szűk intervallumon belül (8,6-9,8 g/l) eléri a Betaproteobactériumok sótűrésének felső értékét, melyek e fölött szinte teljesen eltűnnek a vízből. Ez mindkét tóban megtörtént 2013 nyarán, de ez a jelenség a következő évben csak a Sós-érben ismétlődött meg, mivel a Zab-székben a téli hűgálás hatására sem szaporodtak el újra.

Összegzésként elmondható, hogy mindkét tó baktériumközössége néhány kitüntetett időszakot leszámítva rendkívül diverz volt, dominánssá csak nagyon kevés OTU vált, elsősorban a Sós-érben.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A kutatást az OTKA PD 105407 és PD 112449 pályázat támogatta. A kutatás során használt műszerek beszerzését a KMOP-4.2.1/B-10-2011-0002 és TÁMOP-4.2.2/B-10/1-2010-0030 pályázatok támogatták. Somogyi Boglárka és Felföldi Tamás munkáját a Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János kutatói ösztöndíja segítette. A szerzők köszönetüket fejezik ki Németh Balázsnak a mintavételbeli segítségért.

IRODALOM

Allgaier, M., Grossart, H. P. (2006). Diversity and seasonal dynamics of Actinobacteria populations in four lakes in northeastern Germany. *Appl. Environ. Microbiol.*, **72**, 3489-3497.

Boros, E., Ecsedi, Z., Aradi, E., Bakacsi, G., Bártol, I., Biró, Cs., Csihar, L., Horváth, Zs., Kotymán, L., Kovács, S., Kiss, I., Krnács, Gy., Mazsu, I., Mesterházy, A., Mile, O., Molnár, A., Molnár, L., Nagy, T., Németh, B., Pellinger, A., Pigniczki, Cs., Práger, A., Simay, G., Széll, A., Tajti, L., Vidra, T., Vince, T., Vörös, L., Zalai, T., Köhler, B., Haider, R., Héjjas, F., Hercig, A., Reinprecht,

V., Schalli, R., Ágoston, A., Bitó, O., Galambos, L., Tucakov, M., Pap, Sz., Perics, R., Sciban, M., Szabados, K., Szekeres, O., Szőnyi, L. (2010). Összefoglaló jelentés „A Kárpát-medencei szikes tavak védelme” című [LIFE07NAT/H/000324] program 2009-2010. évi eredményeiről.

Boros, E., Horváth, Zs., Wolfram, G., Vörös, L. (2014). Salinity and ionic composition of the shallow astatic soda pans in the Carpathian Basin. *Ann. Limnol. – Internat. J. Limnol.*, **50**, 59-69.

Borsodi, A.K., Knáb, M., Czeibert, K., Márialigeti, K., Vörös, L., Somogyi, B. (2013). Planktonic bacterial community composition of an extremely shallow soda pond during a phytoplankton bloom revealed by cultivation and molecular cloning. *Extremophiles*, **17**, 575-584.

Dolan, J. R. (2005). Biogeography of aquatic microbes. *Aquat. Microb. Ecol.*, **41**, 39-48.

Glöckner, F. O., Fuchs, B. M., Amann, R. (1999). Bacterioplankton compositions of lakes and oceans: a first comparison based on fluorescence in situ hybridization. *Appl. Environ. Microbiol.*, **65**, 3721-3726.

Glöckner, F. O., Zaichikov, E., Belkova, N., Denissova, L., Pernthaler, J., Pernthaler, A., Amann, R. (2000). Comparative 16S rRNA analysis of lake bacterioplankton reveals globally distributed phylogenetic clusters including an abundant group of actinobacteria. *Appl. Environ. Microbiol.*, **66**, 5053-5065.

Hahn, M.W., Lünsdorf, H., Wu, Q., Schauer, M., Höfle, M. G., Boenigk, J., Stadler, P. (2003) Isolation of novel ultramicrobacteria classified as actinobacteria from five freshwater habitats in Europe and Asia. *Appl. Environ. Microbiol.*, **69**, 1442-1451.

Hahn, M. W. (2006). The microbial diversity of inland waters. *Curr. Opin. Biotechnol.*, **17**, 256-261.

Hahn, M. W. (2009). Description of seven candidate species affiliated with the phylum Actinobacteria, representing planktonic freshwater bacteria. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **59**, 112-117.

Hammer, U. T. (1986). Saline Lake Ecosystems of the World. – Dr W. Junk Publishers, Dordrecht.

Hammer, Ø., Harper, D. A. T., Ryan, P. D. (2001). PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontol. Electron.*, **4**, 9.

Jezbera, J., Horňák, K., Šimek, K. (2005) Food selection by bacterivorous protists: insight from the analysis of the food vacuole content by means of fluorescence in situ hybridization. *FEMS Microbiol. Ecol.*, **52**, 351-363.

Kent, A. D., Jones, S. E., Yannarell, A. C., Graham, J. M., Lauster, G. H., Kratz, T. K., Triplett, E. W. (2004). Annual patterns in bacterioplankton community variability in a humic lake. *Microb. Ecol.*, **48**, 550-560.

Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M., Glöckner, F.O. (2013). Evaluation

- of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic Acids Res.*, **41**, e1.
- Korponai, K., Somogyi, B., Szabó, A., Boros, E., Vörös, L., Felföldi, T. (2015). Bíborbaktérium-közösség összetételének megismerése újgenerációs DNS-szekvenálási és tenyésztési technikák kombinálásával. *Hidrol. Közl.*, **95**, 29-31.
- Lanzén, A., Simachew, A., Gessesse, A., Chmolewska, D., Jonassen, I., Øvreås, L. (2013). Surprising prokaryotic and eukaryotic diversity, community structure and biogeography of Ethiopian soda lakes. *PLoS One*, **8**, e72577.
- Lindström, E. S., Kamst-Van Agterveld, M. P., Zwart, G. (2005). Distribution of typical freshwater bacterial groups is associated with pH, temperature, and lake water retention time. *Appl. Environ. Microbiol.*, **71**, 8201-8206.
- MacArthur, R., Wilson, E. (1967). The theory of island biogeography. Princeton University Press, New Jersey, 19-67.
- Medová, H., Boldareva, E. N., Hrouzek, P., Borzenko, S. V., Namsaraev, Z. B., Gorlenko, V. M., Namsaraev, B. B., Koblížek, M. (2011). High abundances of aerobic anoxygenic phototrophs in saline steppe lakes. *FEMS Microbiol. Ecol.*, **76**, 393-400.
- Nagy, B. J., Szabó, A., Somogyi, B., Vörös, L., Máriaiget, K., Máthé, I., Felföldi, T. (2015). Heliotermikus sós tavak planktonikus mikrobaközösségei. *Hidrol. Közl.*, **95**, 59-63.
- Pálffy, K., Felföldi, T., Mentés, A., Horváth, H., Máriaiget, K., Boros, E., Vörös, L., Somogyi, B. (2014). Unique picoeukaryotic algal community under multiple environmental stress conditions in a shallow, alkaline pan. *Extremophiles*, **18**, 111-119.
- Pernthaler, J., Glöckner, F. O., Unterholzner, S., Alfreider, A., Psenner, R., Amann, R. (1998). Seasonal community and population dynamics of pelagic bacteria and archaea in a high mountain lake. *Appl. Environ. Microbiol.*, **64**, 4299-4306.
- Pruesse, E., Peplies, J., Glöckner, F. O. (2012). SINA: accurate high-throughput multiple sequence alignment of ribosomal RNA genes. *Bioinformatics*, **28**, 1823-1829.
- Quast, C., Pruesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Yarza, P., Peplies, G., Glöckner, F. O. (2013). The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Res.*, **41**, D590-D596.
- Rosenberg, E., DeLong, E. F., Lory, S., Stackebrandt, E., Thompson, F. (2014). The Prokaryotes (4th ed.), Vol. 7: Alphaproteobacteria and Betaproteobacteria. Springer-Verlag.
- Schlesner, H., Jenkins, C., Staley, J. T. (2006). The phylum Verrucomicrobia: a phylogenetically heterogeneous bacterial group. In *The Prokaryotes* (pp. 881-896). Springer New York.
- Schloss, P. D., Westcott, S. L., Ryabin, T., Hall, J. R., Hartmann, M., Hollister, E. B., Lesniewski, R. A., Oakley, B. B., Parks, D. H., Robinson, C. J., Sahl, J. W., Stres, B., Thallinger, G. G., Van Horn, D. J., Weber, C. F. (2009). Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities. *Appl. Environ. Microbiol.*, **75**, 7537-7541.
- Somogyi, B., Felföldi, T., Vanyovszki, J., Ágyi, Á., Máriaiget, K., Vörös, L. (2009). Winter bloom of picoeukaryotes in Hungarian shallow turbid soda pans and the role of light and temperature. *Aquat. Ecol.*, **43**, 735-744.
- Sorokin, D. Y., Gorlenko, V. M., Namsaraev, B. B., Namsaraev, Z. B., Lysenko, A. M., Eshinimaev, B. T., Khmelenina, V. N., Trotsenko, Y. A., Kuenen, J. G. (2004). Prokaryotic communities of the north-eastern Mongolian soda lakes. *Hydrobiologia*, **522**, 235-248.
- Sorokin, D. Y., van Pelt, S., Tourova, T. P., Evtushenko, L. I. (2009). *Nitriliruptor alkaliphilus* gen. nov., sp. nov., a deep-lineage haloalkaliphilic actinobacterium from soda lakes capable of growth on aliphatic nitriles, and proposal of *Nitriliruptoraceae* fam. nov. and *Nitriliruptorales* ord. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **59**, 248-253.
- Tindall, B. J., Rosselló-Móra, R., Busse, H.-J., Ludwig, W., Kämpfer, P. (2010). Notes on the characterization of prokaryote strains for taxonomic purposes. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, **60**, 249-266.
- Urbach, E., Vergin, K. L., Young, L., Morse, A., Larson, G. L., Giovannoni, S. J. (2001). Unusual bacterioplankton community structure in ultra-oligotrophic Crater Lake. *Limnol. Oceanogr.*, **46**, 557-572.
- Van Der Gucht, K., Sabbe, K., De Meester, L., Vloemans, N., Zwart, G., Gillis, M., Vyverman, W. (2001). Contrasting bacterioplankton community composition and seasonal dynamics in two neighbouring hypertrophic freshwater lakes. *Environ. Microbiol.*, **3**, 680-690.
- Vörös, L., Boros, E., V.-Balogh, K., Németh, B. (2011). A fekete víz eredete. – Az MHT Szikes Vízi Munkacsoportjának éves találkozója. Pusztaszer, 2011. június 17-18.
- Warnecke, F., Amann, R., Pernthaler, J. (2004). Actinobacterial 16S rRNA genes from freshwater habitats cluster in four distinct lineages. *Environ. Microbiol.*, **6**, 242-253.
- Wellburn, A. R. (1994). The spectral determination of chlorophylls a and b, as well as total carotenoids, using various solvents with spectrophotometers of different resolution. *J. Plant. Physiol.*, **144**, 307-313.
- Wu, Q. L., Zwart, G., Schauer, M., Kamst-van Agterveld, M. P., Hahn, M. W. (2006). Bacterioplankton community composition along a salinity gradient of sixteen high-mountain lakes located on the Tibetan

Plateau, China. *Appl. Environ. Microbiol.*, **72**, 5478-5485.

Yannarell, A. C., Kent, A. D., Lauster, G. H., Kratz, T. K., Triplett, E. W. (2003). Temporal patterns in bacterial communities in three temperate lakes of different trophic status. *Microb. Ecol.*, **46**, 391-405.

Yannarell, A. C., Triplett, E. W. (2005). Geographic

and environmental sources of variation in lake bacterial community composition. *Appl. Environ. Microbiol.*, **71**, 227-239.

Zwart, G., Crump, B. C., Kamst-van Agterveld, M. P., Hagen, F., Han, S. K. (2002). Typical freshwater bacteria: an analysis of available 16S rRNA gene sequences from plankton of lakes and rivers. *Aquat. Microb. Ecol.*, **28**, 141-155.

A SZERZŐK



KORPONAI KRISTÓF Biológus, az Eötvös Loránd Tudományegyetemen folytat doktori tanulmányokat. Érdeklődési területe (elsősorban szikes) állóvizeket ölel fel, környezeti mikrobiológiai vonatkozásban.

SZABÓ ATTILA Biológus, az Eötvös Loránd Tudományegyetem Mikrobiológiai Tanszékén a Genomikai Laboratórium munkatársa. Kutatási területe a különféle környezetekben előforduló mikrobaközösségek feltárása, kapcsolatrendszerük vizsgálata. Elsősorban genomikai, metagenomikai módszerekkel és az ezekkel kapott adatok bioinformatikai és statisztikai elemzésével foglalkozik.

SOMOGYI BOGLÁRKA Tudományos munkatárs, MTA Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet. PhD fokozatát 2011-ben szerezte meg az Eötvös Loránd Tudományegyetemen, hidrobiológia szakterületen. Kutatási területe a fotoautotróf és heterotróf mikroorganizmusok dinamikájának és kapcsolatrendszerének vizsgálata természetes vizekben. Kiemelten foglalkozik pikoalga törzsek izolálásával, tenyésztésével, ökofiziológiai vizsgálatával illetve molekuláris filogenetikai azonosításával.

VÖRÖS LAJOS Limnológus, algológus, MTA Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet. Kutatja a felszíni vizek eutrofizációját, a vízgyűjtőterület és a befogadó kapcsolatát.

Limnológiai, algológiai kutatásai kiterjednek a Balatonon kívül természetes és mesterséges sekély és mély tavakra valamint extrém élőhelyekre, mint a Kárpát-medence szikes tavai és az Erdélyi Sóvidék hipersós vizei.

VAJNA BALÁZS Biológus, PhD fokozatát az Eötvös Loránd Tudományegyetem Mikrobiológiai Tanszékén szerezte meg, az ELTE adjunktusa. Baktérium-gomba kapcsolatrendszerrel foglalkozik a laskagomba természetese során. Ezen kívül statisztikai elemzésekkel segíti a Mikrobiológiai Tanszék többi munkacsoportját.

BOROS EMIL Tudományos munkatárs, MTA Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet. Az Eurázsiai szikes, sós vizekkel és sekély tavakkal kapcsolatos limnológiai kutatások képezik fő tevékenységét. Ezen belül kiemelt témája az anyagforgalmi és trofikus kapcsolatok, a mezozooplankton, a makrogerinctelen és vízmadár közösségek kutatása, melyben közel 20 éves szakmai tapasztalata van. Emellett elsősorban tavak, vizes- és füves élőhelyek természetvédelmével, kezelésével és helyreállításával is foglalkozik, melyben több mint 25 éves gyakorlati tapasztalattal rendelkezik.

FELFÖLDI TAMÁS Biológus, PhD fokozatát az Eötvös Loránd Tudományegyetem Mikrobiológiai Tanszékén szerezte meg, az ELTE adjunktusa, a Genomikai Laboratórium vezetője. Jelenlegi kutatási területe természetes vizes élőhelyek mikrobiális ökológiáját és gerinctelenek molekuláris taxonómiáját öleli fel, amiket új fajok leírása egészít ki.