

Észak-kazahsztáni sós tavak ismeretlen prokarióta közösségei

Márton Zsuzsanna*, Szabó Attila*, Boros Emil**, Vörös Lajos** és Felföldi Tamás*

* ELTE Eötvös Loránd Tudományegyetem, Mikrobiológiai Tanszék, 1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/c.

(E-mail: mzsuzsi06@gmail.com)

** Magyar Tudományos Akadémia, Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet, 8237 Tihany, Klebelsberg Kuno út 3.

Kivonat

Kutatásunk során célunk volt az észak-kazahsztáni sztyeppék területén található időszakos és ingadozó vizű sekély sós tavak ismeretlen mikrobaközösségeinek feltárása és ezek összehasonlítása a magyarországi szikesek prokarióta közösségeivel. A szikes tavak jellegzetes vizes élőhelyei a Kárpát-medencének, ezekre a tavakra jellemző a lúgos pH, a nátrium, a hidrogén-karbonát és karbonát ion dominancia. Ezzel szemben a vizsgált kazah tavak trofikus állapota és szalinitása széles skálán mozgott, jelentős részük hiperszalín és hipertróf jellegűt mutatott. Az itt élő prokarióták taxonómiai azonosítása a 16S rRNS molekuláris markergén alapján történt újgenerációs DNS-szekvenálás alkalmazásával Roche GS Junior platformon, az Archaea és Bacteria domének arányát pedig real-time PCR-rel határoztuk meg. A hat különböző karakterű tóból származó minták részletes vizsgálata alapján megállapítottuk, hogy a tavak mikrobaközösségei nagyban eltértek egymástól, a sósabb tavakra az Archaea domén nagyobb részaránya volt jellemző. Mind a hat tó esetében a Bacteria doménen belül a legabundánsabb csoportok a Proteobacteria és a Bacteroidetes törzsek voltak. Nagy számban fordultak elő a *Halomonas*, *Saccharospirillum*, *Spiribacter*, *Marivita* és *Psychroflexus* nemzetségek képviselői. A Parcubacteria egy jelenleg kevésbé ismert taxonómiai csoport, amely nagyobb arányban volt jelen a vizsgált tavakban, hozzájárulva mintavételi helyeink egyediségéhez. Jelenlegi eredményeink alapján az észak-kazahsztáni sekély sós tavak mikrobaközösségei markánsan különböznek a hazai szikes tavakétól, inkább az óceánok és más sós tavak mikrobiótájához hasonlítanak. Ezek az eredmények egybevágóak a tavak vízének kémiai elemzésével, ami alapján a vizsgált vizek domináns ionjai a nátrium, klorid és szulfát.

Kulcsszavak

16S rRNS gén, sós tó, Észak-Kazahsztán, Parcubacteria, baktériumközösség összetétel

Unknown prokaryotic communities of saline lakes in North Kazakhstan

Abstract

The aim of this research was to explore the unknown microbial communities of the astatic and semistatic shallow saline lakes of the North Kazakhstan steppe region and to compare them with the prokaryotic communities inhabiting Hungarian soda lakes. Soda lakes are characteristic aquatic habitats of the Carpathian Basin with alkaline pH and the dominance of sodium, bicarbonate and carbonate ions. The trophic state and salinity of the studied lakes in Kazakhstan varied in a wide range, many of them were hypersaline and hypertrophic. The identification of prokaryotes was based on the 16S rRNA taxonomic molecular marker gene, which was analysed on a Roche GS Junior platform, while the ratio of domains Archaea and Bacteria was determined by real-time PCR. Microbial communities of the lakes differed markedly based on the detailed analysis of six samples, lakes having higher salinity had higher proportion of Archaea. For all six lakes, the most abundant groups were phyla Proteobacteria and Bacteroidetes within the domain Bacteria. Representatives of genera *Halomonas*, *Saccharospirillum*, *Spiribacter*, *Marivita* and *Psychroflexus* occurred in large numbers. Parcubacteria is a currently not well-known taxonomic group, which was abundant in the investigated lakes, making our sites even more special. According to our results, microbial communities of the shallow saline lakes of North Kazakhstan are significantly different from those of Hungarian soda pans and are more similar to those inhabiting oceans and other saline lakes with NaCl dominance. These results are consistent with the chemical composition of the lakes, since the dominant ions of the studied sites are sodium, chloride and sulphate.

Keywords

16S rRNA gene, saline lake, Northern Kazakhstan, Parcubacteria, bacterial community composition

BEVEZETÉS

A tavakat kémiai összetétel szerint két típusba sorolhatjuk: szikes és sós tavak. A szikes tavak jellegzetes vizes élőhelyei a Kárpát-medencének, ezekre a tavakra jellemző a lúgos pH, a nátrium, a hidrogén-karbonát és karbonát ion dominancia, a nagy napi hőingás. Irodalmi adatok alapján hasonló tavak szórványosan máshol is előfordulnak Földünkön, azonban ezek jellege több tényező tekintetében eltérő (Boros és társai 2014). Észak-Kazahsztán sztyeppvidékének tájképe és vegetációja nagyon hasonlít az alföldi szikes pusztákéhoz (Boros és társai 2013), ezért feltételeztük, hogy az itt található sós tavak esetében találkozunk majd a szikesekre jellemző baktériumközösségekkel.

Az eurázsiai sztyeppén elhelyezkedő sós tavak csekély mélységükből adódóan jelentősen ki vannak téve a szélsőségesen kontinentális klímának és az emberi hatásoknak, ebből kifolyólag különösen veszélyeztetett élőhelyeknek számítanak. Kis víztérfogatukból adódóan a kiszáradás és a folyamatot kísérő sókoncentráció növekedés meghatározó ezen vizek esetében. A nagyobb méretű, állandó szikes tavak ökológiája jól ismert ebben a térségben, azonban a sekély, időszakos és ingadozó vizű tavak vizsgálata csak az utóbbi években kezdődött meg (Boros és társai 2015).

ANYAG ÉS MÓDSZER

A mintavételezésre 2015. április-májusban került sor Észak-Kazahsztánban. Az alapvető vízkémiai paraméterek meghatározását a Tugyi és társai (2016) által közölt

módszerek szerint végeztük. Molekuláris biológiai vizsgálatok céljára a tavak vizének felső rétegéből 100-200 ml-t 0,22 µm-es fecskendőszűrőn (Merck Millipore) szűrtünk át. A DNS kivonást a szűrőpapírból Power Soil DNA Isolation Kit-tel (MoBio Laboratories) végeztük a gyártó utasításainak megfelelően, azzal a különbséggel, hogy a sejtek feltárása sejtmalommal (Retsch) történt 30 Hz-en 2 percen keresztül.

A taxonómiai azonosításhoz a 16S rRNS molekuláris markergént szaporítottuk fel polimeráz láncreakció segítségével három párhuzamos reakcióban. A reakcióelegy összetétele a következő volt 20 µl térfogatban: 4 µl 5× Phusion HF Buffer (Thermo Fisher Scientific), 0,2 mM dNTP (Fermentas), 0,4 µg/µL BSA (Fermentas), 0,02 U/µL Phusion High Fidelity DNS polimeráz enzim (Thermo Fischer), 0,5 µM S-D-Bact-0341-b-S-17 és 0,5 µM S-D-Bact-0785-a-A21 primer (Bacteria-specifikus reakció), illetve 0,5 µM S-D-Arch-0519-a-S-15 és 0,5 µM S-D-Arch-1041-a-A-18 primer (Archaea-specifikus reakció) (Klindworth és társai 2013) és 1 µl DNS. A primereket előzetesen egyedi mintaazonosítóval és a szekvenáló platformnak megfelelő adapterekkel láttuk el. A reakció hőprofilja a következő volt: kezdeti denaturáció 98 °C 5 perc; 28 ciklus: denaturáció 95 °C 40 másodperc, annealáció 55 °C 2 perc és extenzió 72 °C 1 perc; végső extenzió 72 °C 10 perc. A párhuzamos PCR termékeket egyesítettük, majd High Pure PCR Cleanup Micro Kit (Roche) segítségével tisztítottuk. Koncentráci-

ójuk meghatározása és tisztaságuk ellenőrzése Agilent High Sensitivity DNA Kit-tel történt 2100 Bioanalyzer készüléken (Agilent Technologies). Az egyedi DNS molekulák bázissorrendjének meghatározását GS Junior (Roche) készüléken végeztük a gyártó utasításainak megfelelően. A nyers DNS szekvencia adatok feldolgozását a mothur v1.35 szoftverrel (Schloss és társai 2009), a szekvenciák illesztését a SINA programmal (Pruesse és társai 2012), a taxonok azonosítását pedig az ARB-SILVA referencia adatbázis (Quast és társai 2013) alapján végeztük. Ezt követően OTU-kat („operational taxonomic unit”, azaz operatív taxonómiai egység) hoztunk létre a bakteriális fajszám becslésnél javasolt 97%-os hasonlósági értéknél (Tindall és társai 2010), ezek szolgálták a további statisztikai elemzések alapját.

A tavak Bacteria és Archaea taxonjainak arányát real-time PCR-rel határoztuk meg, Taqman próbák használatával. A reakcióelegy összetétele a következő volt 16 µl térfogatban: 2x Taqman Gene Expression Mastermix (Applied Biosystems), 20x Assay: BACT1369F, PROK1492R, TM1389F (Suzuki és társai 2000), illetve Arch349F, Arch806R és Arch516F (Takai és Horikoshi 2000) és 1 µl DNS. A reakció hőprofilja a következő volt: 50 °C 2 perc, 95 °C 10 perc; 40 ciklus: 95 °C 15 másodperc, 56 °C (Bacteria), illetve 59 °C (Archaea) 1 perc. A reakciókat StepOnePlus Real-Time PCR (Thermo Fisher Scientific) készüléken végeztük.

1. táblázat. A vizsgált észak-kazahsztáni sós tavak limnológiai jellemzői
Table 1. Limnological characteristics of the studied saline lakes of Northern Kazakhstan

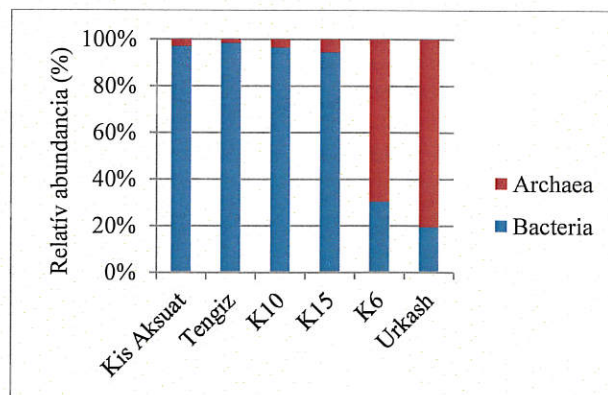
Tó neve	Vízmélység (cm)	pH	Sótartalom (g/L)	Teljes foszfortartalom (µg/L)	Klorofill-a (µg/L)	Nitrát tartalom (µg/L)
Kis Aksuat	50	8,36	3,0	249	53,4	123
Tengiz	70	8,89	11,2	351	377,6	39
K10	70	8,57	24,4	95	8,53	72
K15	20	9,46	74,7	49	5,97	57
K6	10	8,14	176	309	9,70	300
Urkash	10	7,45	261	26	6,50	15

EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

A mintavételkor mért és később laboratóriumban meghatározott fizikai-kémiai jellemzőket az 1. táblázat tartalmazza. Összesen tizenhat tó vizét vizsgáltuk, a tavak trofikus állapota és szalinitása széles skálán mozgott, jelentős részük hipertróf és hiperszalin jelleget mutatott. Ezek közül hat tó bakteriális közösségének összetételét tártuk fel részletesen.

A tavak többségében a Bacteria domén volt meghatározó (1. ábra). Azonban a K6 jelzésű tó és az Urkash tó esetében az Archaea domén tagjai legalább kétszeres mennyiségben voltak jelen, mindez jól összevethető a fizikai-kémiai paraméterekkel, mivel a vizsgált tavak között a sótartalom ezekben volt a legmagasabb. A Kulunda sztyeppén (Altaj-hegyvidék, Oroszország) négy hiperszalin tavon végzett vizsgálatok alapján Vavourakis és munkatársai megállapították, hogy a sókoncentrációnak meghatározó szerepe van a prokarióta közösség szerkezetére. 250 g/L sókoncentráció esetében a bakteriális fajgazdagság jelentősen csökken és a *Halobacteria* genus képviselői válnak dominánssá.

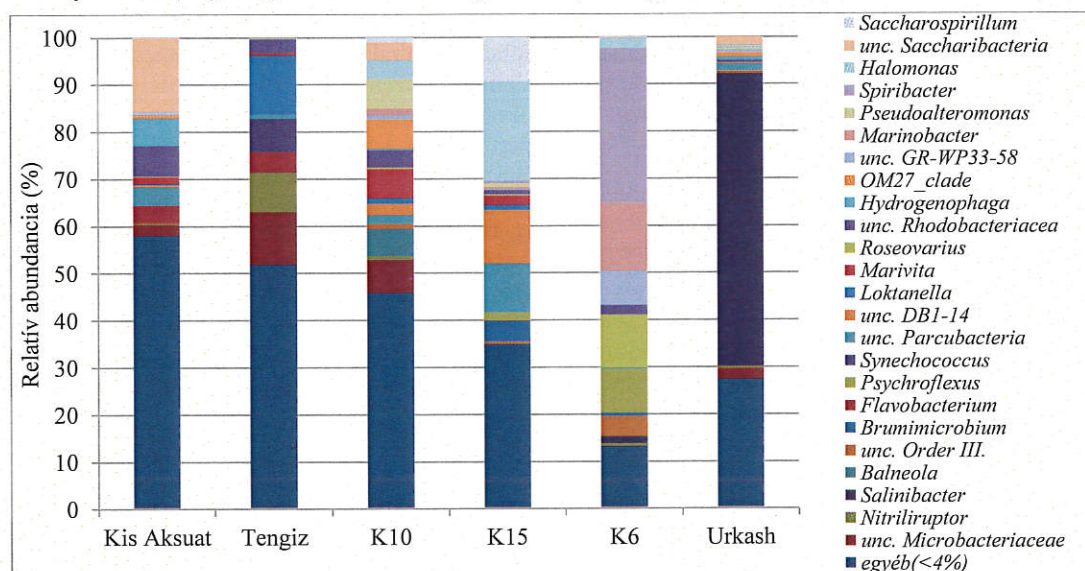
Efeletti sókoncentrációnál pedig már az Archaea domén tagjai voltak jelen nagyobb számban (Vavourakis és társai 2016). Mindez alátámasztja az általunk kapott eredményeket.



1. ábra: A Bacteria és Archaea domének relatív mennyisége
Figure 1.: Relative abundance of domains Bacteria and Archaea

Az újgenerációs DNS-szekvenálás eredménye alapján mind a hat tó esetében a Proteobacteria és Bacteroidetes törzsek voltak jelen legnagyobb mennyiségben a Bacteria doménen belül. Nagy számban fordultak elő a *Halomonas*, *Saccharospirillum*, *Spiribacter*, *Marivita* és *Psychroflexus* nemzetségek képviselői (2. ábra). A *Halomonas* nemzetség a Proteobacteria törzs tagja, Gram-negatív, pálcika alakú, halofil baktérium (*Vreeland és társai 1980*). Az extrém sós környezet ellen ektoin akkumulációval védekeznek. Az ektoin egy olyan oldott anyag, amely ozmolitként viselkedve képes az enzimeket stabilizálni, ezáltal a sejteket védeni az ozmotikus stressz ellen (*Schwibbert és társai 2010*). A *Saccharospirillum* nemzetség tagjaira jellemző a Gram-negatív sejtfa, a kokkoid alak és a poláris csillózat. Képviselőik obligát aerob, mikroaerofil vagy fakultatív anaerob heterotróf életmódot folytatnak (*Ahyoung és társai 2011*). A

Spiribacter genus tagjaira jellemző a Gram-negatív sejtfa és a görbült pálcika sejtalak. Kizárólag aerob, heterotróf baktériumok tartoznak ide. Olyannyira szorosan kötődnek a sós környezetekhez, hogy konyhasó (NaCl) hiányában nem képesek a növekedésre (*María és társai 2014*). A *Psychroflexus* nemzetség tagjaira jellemző a Gram-negatív sejtfa, a többféle alak (pálcika, gömb) és a narancssárga pigmentáció. Obligát aerobok és kemoheterotróf anyagcserével rendelkeznek, a kevésbé vagy mérsékelten halofil baktériumok közé tartoznak. Laboratóriumi környezetben optimális növekedésükhöz tengervíz igényelnek (*Bowman és társai 1998*). A *Marivita* nemzetség a Rhodobacteraceae család tagja. Képviselőire jellemző a Gram-negatív sejtfa és a pálcika alak. Kizárólag aerob környezetben képesek növekedésre. Tengeri, óceáni környezetben fordulnak elő (*Hwang és társai 2009*).



2. ábra. A vizsgált tavak domináns Bacteria nemzetségei 16S rRNS gén alapján (unc. = ismeretlen)

Figure 2. Dominant genera of Bacteria in the studied lakes based on the 16S rRNA gene (unc. = unclassified, unknown taxa)

2. táblázat. A vizsgált tavak bakteriális fajgazdagsága fajszám becslő és diverzitási indexek alapján (Zárójelben láthatóak az egyes tavak szekvencia számai. 1330 a legkisebb szekvencia szám, amely érték alapján a többi minta adatát újra mintavételeztük, *Pi-ros*=legdiverzebb, *Kék*=legkevésbé diverz)

Table 2.: Richness estimators and diversity indices of the studied lakes (In the parentheses, the numbers represents the sequence numbers of each lake. The smallest sequence number was 1330, which was used for subsampling other sample sets)

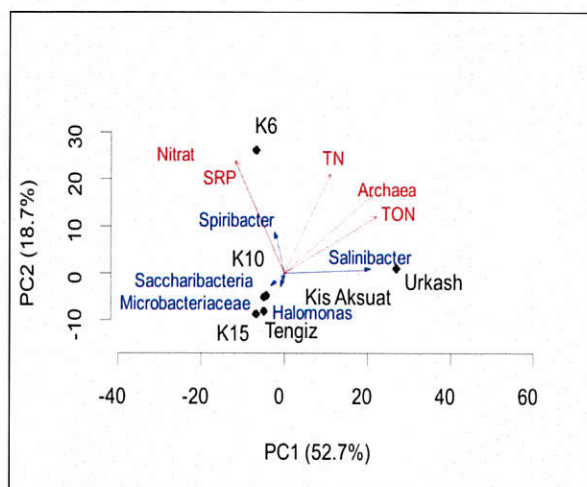
Minta	Szekvencia szám	Lefedettség (%)	OTU-k száma	Fajszám becslő		Diverzitási indexek	
				ACE	Chao 1	Inverz Simpson (1/D)	Shannon-Wiener
Kis Aksuat	1330 (14 319)	89	266	732	509	27,3	4,4
Tengiz	1330 (4 554)	93	193	357	290	20,7	3,9
K10	1330 (5 046)	92	232	466	355	38,5	4,4
K15	1330 (12 207)	97	120	203	175	12,5	3,3
K6	1330 (6 498)	97	79	180	120	10,9	2,9
Urkash	1330 (1 330)	98	149	156	151	3,7	2,7

Eddigiekben egy Archaea képviselőkből gazdag (K6) és egy hiperszalin, de baktériumok által dominált (K15) tavat vizsgáltunk meg az Archaea domén összetétele

szempontjából. Mind a két tó esetében a Halobacteria törzs dominált. Nagy számban fordultak elő a *Haloarcula*, *Haloquadratum* és *Natronomonas* nemzetségek

képviselői. A két tó Archaea domén összetétel szempontjából alapvetően hasonló volt, viszont a K6 jelzésű tó esetében a Nanohaloarchaeota taxon nagyobb mennyiségben volt jelen. A Nanohaloarchaeota törzs különleges obligát szimbionta vagy parazita életmódot folytat a gazdaszervezetével. Ebből kifolyólag genomja erősen redukálódott, mivel energetikai igényeinek nagy részét a gazda szervezettől kapja. Főleg meleg forrásokban és mezofil vizes élőhelyeken figyelték meg (*Munson-McGee és társai 2015*), ami igaz a K6 jelzésű tó hőmérsékletére is, amely 26 °C volt a mintavételkor.

A vizsgált tavak bakteriális fajgazdagság és diverzitás szempontjából is jelentősen különböztek (2. táblázat). A fajszám becslő (ACE, Chao1) és diverzitási indexek (Inverz Simpson index, Shannon-Wiener index) alapján a legfajgazdagabb a Kis Aksuat hipertróf tó volt, míg a legkevésbé diverz az Urkash és a K6 jelzésű tavak, amelyek fizikokémiai tulajdonságaik alapján a legsósabbak. Ez az eredmény párhuzamba állítható a Bacteria és Archaea domének mennyiségének arányaival (1. ábra).



3. ábra. A vizsgált minták baktériumközösségének főkomponens analízise OTU összetételük alapján

(Megjegyzés: Kék szímmel jelölve az eltéréshez legnagyobb mértékben hozzájáruló OTU-k legközelebbi taxonómiai csoportja, piros szímmel a szignifikánsan illeszthető ($p > 0.01$) környezeti paraméterek)

Figure 3. Principal component analysis of sample bacterial communities based on their OTU composition

(Note: Genus-level taxonomic affiliation of OTUs responsible for the variation among samples appear in red as biplot on the ordination.

Significantly-fitted ($p < 0.01$) environmental parameters appear in blue)

Az azonosított OTU-k és a mért környezeti paraméterek alapján elvégzett főkomponens analízis során a hat tóból kettő jelentősen elkülönült (3. ábra). Az Urkash tó egy *Salinibacter* OTU, az Archaea domén tagjainak mennyisége, teljes szerves nitrogén (TON) és teljes nitrogén (TN) tartalom alapján, míg a K6 jelzésű tó a *Spiribacter* és más tengerekre, óceánokra jellemző taxonok OTU-i, a nitrát tartalom és az oldott, reaktív foszfor (SRP) koncentráció alapján különült el. Mint már az előbbieken is kiemeltük, ez a két tó sótartalom szempontjából hiperszalin jellegű volt és az ősbaktériumok mennyisége legalább kétszer annyi volt, mint a baktériumoké.

A *Parcubacteria* (OD1) taxonómiai csoportot a közelmúltban írták le, mint tenyésztett baktériumokat nem

tartalmazó „candidate superphylum-ot” a Bacteria doménen belül (*Hug és társai 2016*). A csoport tagjait molekuláris biológiai módszerekkel számos anaerob, anoxikus élőhelyről kimutatták. Alapvetően e törzsre jellemző a kis genom méret, genomjukból hiányoznak az elektron transzportozó és citromsav-ciklushoz szükséges gének. Vélhetőleg obligát fermentatív anyagcserét folytat, amely során egyszerű cukrokat fermentál szerves savakká, de egyes tagjai képesek összetett szénforrásokat is lebontani, mint a kitin vagy cellulóz (*Nelson és társai 2015*). A vizsgált hat tóban ez a kevésbé ismert csoport viszonylag nagy arányban volt jelen, ezáltal ezek a mintavételi helyek még különlegesebbnek tekinthetők.

A 3. táblázatban látható a Kazah tavak bakteriális közösségének összehasonlítása az erdélyi sóstavak, a magyarországi szikes tavak, a kulunda szteppi tavak és az óceánok, tengerek prokarióta közösségeivel. Ezek a vizes élőhelyek mind extrém környezetnek minősülnek sótartalmuk szempontjából. Erdélyben a nagy sókoncentrációjú (NaCl) helyek viszonylag gyakoriak, ezért számos sóbányát is telepítettek a térségbe. A legtöbb sótó az utóbbi évszázadokban beomló bányák helyén alakult ki (*Keresztes és társai 2012*). Ezen tavak közé tartozik például a Medve-tó, illetve a Zöld-tó. Baktériológiai vizsgálatuk már több évtizedes múltra tekint vissza, korábban főként a különböző élőbevonatok, üledék és rizoszféra minták voltak a kutatások fókuszában (*Borsodi és társai 1998*), a planktonikus baktériumközösség részletes feltárása csak az utóbbi években indult meg. A szikes tavak jellegzetes élőhelyei a Kárpát-medencének. A Föld többi részén található sós vizekhez képest alacsonyabb sótartalom, de erősen lúgos pH jellemzi őket. Elsősorban nátrium, hidrogén-karbonát és karbonát ionokban gazdag vizek. Legnagyobb szikes jellegű tavaink a Fertő és a Velencei-tó (*Boros és társai 2014*). A tavak planktonikus prokarióta közösségének összetétele világviszonylatban is egyedülálló (Korponai és társai 2016, Szabó és társai 2015). A tipikusan sós vizekhez köthető taxonok hiányoznak, és az ősbaktériumok is jóval kisebb, sokszor a baktériumokhoz elhanyagolható számban vannak jelen a közösségben (Szabó és társai 2015). A Kulunda-sztyeppén található sekély sós tavakra jellemző az erősen lúgos pH, a nátrium, a karbonát és hidrogén-karbonát ionok dominanciája. A tavak vízellátása elég instabil, az évszakok változásával a kiszáradás és a hóolvasás következtében szalinitásuk is széles skálán mozog. Ezen tavak közé tartozik a Picturesque-tó és a Tanatar5-tó (*Vavourakis és társai 2016*). Az óceánok, tengerek vize nátrium és klorid ionokban gazdag. Prokarióta közösségeik nagy része laboratóriumi körülmények között nem, vagy csak nehezen tenyészthető, és a DNS szekvenálás módszertani újításai, eddigiekben nem ismert taxonok felfedezését tette lehetővé (*Yilmaz és társai 2016*). A nátrium és klorid ion dominanciájú tavakban jellemzően a *Halomonas*, *Psychroflexus*, *Marinobacter* és *Salinibacter* nemzetségek a legabundánsabb közösségalkotók. Ezen élőhelyek összehasonlító vizsgálata során a Bacteria és az Archaea nemzetségek alapján a Kazah tavak prokarióta közössége inkább az óceánok, tengerek és más konyhasós tavak mikrobiális közösségéhez hasonlítható, mint a jellegzetes

hazai szikes tavakéhoz. Mindezt a vízkémiai elemzések is alátámasztják, mivel a tavak domináns ionjai a nátrium, a

klorid és a szulfát (*Boros Emil és Jurecska Laura publikálatlan eredményei*).

3. táblázat: A kazahsztáni sós tavak prokarióta közösségének összehasonlítása jellegzetes sós vizes élőhelyek mikrobiális közösségeivel
Table 3.: Comparison of the sampled salt lakes prokaryotic community with microbial communities of typical saline habitats
(1: Baricz és társai 2014, Borsodi és társai 2013, Máthé és társai 2014; 2: Korponai és társai 2016, Szabó és társai 2015; 3: Vavourakis és társai 2016; 4: Kirchman és társai 2008)

	Kazah tavak	Erdélyi sós tavak ¹	Magyarországi szikes tavak ²	Kulunda sztyeppi tavak ³	Óceánok/Tengerek ⁴
Bacteria	Halomonas	Halomonas	Fluviicola	Halomonas	Halomonas
	Spiribacter	Gracilimonas	Flavibacterium	Gracilimonas	Prochlorococcus
	Saccharospirillum	Owenweeksia	Hydrogenophaga	Balneola	Marinicella
	Marivirga	Micrococcinae	Rhodobaca	Rhodobaca	Beggiatoa
	Psychroflexus	Psychroflexus	Aquiflexum	Psychroflexus	Glaciecola
	Marinobacter	Marinobacter	Belliella	Halorhodospira	Marinobacter
Archaea	Brumimicrobium	Frankineae	Nitriruptor	Rhizobiales	Brumimicrobium
	Halorubrum	Halorubrum	Halogeometricum	Halorubrum	Haloplanus
	Haloarcula	Halosarcina	Haloarcula	Haloarcula	Haloarcula
	Halovenus	Methanothermus	Archaeoglobus	Methanobolus	Staphylothermus
Domináns ionösszetétel	Natronomonas	Natronomonas	Natronomonas	Natronomonas	Natronomonas
	nátrium, klorid, szulfát	nátrium, klorid	nátrium, karbonát, hidrogén-karbonát	nátrium, karbonát, hidrogén-karbonát	nátrium, klorid

KÖVETKEZTETÉSEK

A molekuláris taxonómiai vizsgálatok alapján rendkívül diverz bakteriális közösség jelenléte figyelhető meg a vizsgált élőhelyen. Jelenlegi eredményeink alapján az észak-kazahsztáni sekély sós tavak mikrobaközösségei eltérőek, és jelentősen különböznek a hazai szikes tavakétól, inkább az óceánok és más sós tavak prokarióta közösségeihez hasonlóak.

IRODALOM

Ahyoung, C., Hyung-Myung, O., Jang-Cheon, C. (2011). *Saccharospirillum aestuarii* sp. nov., isolated from tidal flat sediment, and an emended description of the genus *Saccharospirillum*. – *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 61, 487-492.

Baricz, A., Cristian, C., Adrian, S. A., Vasile, M., Keresztes, Zs. Gy., Manuela, P., Mircea, A., Horia, L. B. (2014). Spatial and temporal distribution archaeal diversity in meromictic, hypersaline Ocnei Lake (Transylvanian Basin, Romania). – *Extremophiles*. 18, 399-413

Boros, E., Ludnai, T., Aradi, A. (2013). The Kazakh (Madjar)-Hungarian Twinning Nature Conservation Programme: Preliminary comparative study on the flora, fauna and ecosystems of the Eurasian steppe. – *International conference on "Conservation of steppe and semidesert ecosystems in Eurasia"*. Almaty, Kazakhstan 13-14. March 2013.

Boros, E., Horváth, Zs., Wolfram, G., Vörös, L. (2014). Salinity and ionic composition of the shallow astatic soda pans in the Carpathian Basin. – *Annales de Limnologie - International Journal of Limnology* 50, 59-69.

Boros, E., Vörös, L., Diana, B., Ainura, A., Karakoz, N. (2015). Salinity and trophic status of the shallow standing water bodies in the Central Asian Steppe (North Kazakhstan). – *Almaty, Kazakhstan, Conference book: (ISBN 978-601-241-548-1)*, 164-172.

Borsodi, A., Farkas, I., Kurdi, P. (1998). Numerical analysis of planktonic and reed biofilm bacterial communities of Lake Fertő (Neusiedlersee, Hungary/Austria). – *Water Research*. 32, 1831-1840.

Borsodi, A., Felföldi, T., Máthé, I., Bognár, V., Knáb, M., Krett, G., Jurecska, L., Márialigeti, K. (2013). Phylogenetic diversity of bacterial and archaeal communities inhabiting the saline Lake Red located in Sovata, Romania. – *Extremophiles*. 17, 87-89.

Bowman, J. P., Mccammon, S. A., Lewis, T., Skerratt, J. H., Brown, J. L., Nichols, D. S., Mcmeekin, T. (1998). *Psychroflexus torquis* gen. nov., sp. nov., a psychrophilic species from Antarctic sea ice, and reclassification of *Flavobacterium gondwanense* (Dobson és társai 1993) as *Psychroflexus gondwanense* gen. nov., comb. nov. – *Microbiology*. 144, 1601-1609.

Hug, L.A., Baker, B.J., Anantharaman, K., Brown, C.T., Probst, A.J., Castelle, C.J., Butterfield, C.N., Hermsdorf, A.W., Amano, Y., Ise, K., Suzuki, Y., Dudek, N., Relman, D.A., Finstad, K.M., Amundson, R., Thomas, B.C., Banfield, J.F. (2016). A new view of the tree of life. – *Nature Microbiology*. 1, 16048

Hwang, C. Y., Bae, G. D., Yih, W., Cho, B. C. (2009). *Marivita cryptomonadis* gen. nov., sp. nov. and *Marivita litorea* sp. nov., of the family Rhodobacteraceae, isolated from marine habitats. – *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 59, 1568-1575.

Keresztes, Zs. Gy., Felföldi, T., Somogyi, B., Székegy, Gy., Dragos, N., Márialigeti, K., Bartha, Cs., Vörös, L. (2012). First record of picophytoplankton diversity in Central European hypersaline lakes. – *Extremophiles*. 16, 759.

Kirchman, D. L., Mitchell, R. (2008). *Microbial Ecology of the Oceans*. John Wiley & Sons Inc., Hoboken, New Jersey. 607.

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 Research* 41.

Korponai, K., Szabó, A., Somogyi, B., Vörös, L., Vajna, B., Boros, E., Felföldi, T. (2016). A planktonikus bakteriális közösségek szezonális alakulása különböző karakterű szikes tavakban. *Hidrológiai Közlemény*. (külön-szám), 44-52.

María, J. L., Ana, B. F., Rohit, G., Cristina, S. P., Francisco, R. V., Antonia, V. (2014). From Metagenomics to Pure Culture: Isolation and Characterization of the Moderately Halophilic Bacterium *Spiribacter salinus* gen. nov., sp. nov. – *Applied and Environmental Microbiology* 80, pp. 3850-3857.

Máthé, I., Borsodi, A., M. Tóth, E., Felföldi, T., Jurecska, L., Krett, G., Kelemen, Zs., Elekes, E., Barkács, K., Márialigeti, K. (2014) Vertical physico-chemical gradients with distinct microbial communities in the hypersaline and heliothermal Lake Ursu (Sovata, Romania). – *Extremophiles* 18, 501-514.

Munson-McGee, J.H., Field, E.K., Bateson, M., Rooney, C., Stepanakus, R., Young, M.J. (2015). Nanoarchaeota, Their Sulfolobales Host, and Nanoarchaeota Virus Distribution across Yellowstone National Park Hot Springs. – *Applied and Environmental Microbiology* 81, 7860-7868.

Nelson, W.C., Stegen, J.C. (2015). The reduced genomes of Parcubacteria (OD1) contain signatures of symbiotic lifestyle. – *Frontiers in Microbiology* 6, 713.

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, J., Glöckner, F.O. (2013). The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. – *Nucleic Acids Research* 41, D590-D596.

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. – *Applied Environmental Microbiology* 75, 7537-7541.

Schwibbert, K., Marin-Sanguino, M., Bagyan, I., Heidrich, G., Seitz, H., Rampp, M., Schuster, S. C., Klenk, HP, Pfeiffer, F., Oesterheld, D., Kunte, H.J. (2011). A blueprint of ectoine metabolism from the

genome of the industrial producer *Halomonas elongata*. – *Environmental Microbiology* 13, 1973-1994.

Segata, N., Boernigen, D., Tickle, T.L., Morgan, X.C., Garrett, W.S., Huttenhower, C. (2013). Computational meta'omics for microbial community studies. – *Molecular Systems Biology* 9, 666.

Suzuki, T.M., Taylor, L.T., Delong, E.F. (2000). Quantitative Analysis of Small-Subunit rRNA Genes in Mixed Microbial Populations via 5'-Nuclease Assays. – *Applied Environmental Microbiology* 66, 4605-4614.

Szabó, A., Korponai, K., Somogyi, B., Vörös, L., Jurecska, L., Márialigeti, K., Felföldi, T. (2015). Egy asztatikus szikes-tó planktonikus mikrobaközösségének taxonómiai és funkcionális genomikai analízise. – *Hidrológiai Közlöny* 95 (5-6), 73-76.

Takai K, Horikoshi K. (2000). Rapid detection and quantification of members of the archaeal community by quantitative PCR using fluorogenic probes. – *Applied Environmental Microbiology* 66, 5066-5072.

Tindall, B.J., Rosselló-Móra, R., Busse, H.-J., Ludwig, W., Kämpfer, P. (2010). Notes on the characterization of prokaryote strains for taxonomic purposes. – *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 60, 249-266.

Tugyi, N., Vörös, L., Boros, E., Felföldi, T., Márialigeti, K., Máthé, I., Somogyi, B. (2016). Szélsőséges környezeti paraméterek formálta mikrobiális közösség egy helioterm tóban (Medve-tó, Szováta). – *Hidrológiai Közlöny (különszám)*, 96-102.

Vavourakis, C. D., Ghai, R., Rodriguez-Valera, F., Sorokin, D. Y., Tringe, S. G., Hugenholtz, P., Muyzer, G. (2016). Metagenomics Insights into the Uncultured Diversity and Physiology of Microbes in Four Hypersaline Soda Lake Brines. – *Frontiers in Microbiology* 7, 211.

Vreeland, R. H., Litchfield, C. D., Martin, E. L., Elliot, E. (1980). *Halomonas elongata*, a New Genus and Species of Extremely Salt-Tolerant Bacteria. – *International Journal of Systematic Bacteriology* 30, 485-495.

Yilmaz, P., Yarza, P., Rapp, J. Z., Glöckner, F. O. (2016). Expanding the World Marine Bacterial and Archaeal Clades – *Frontiers in Microbiology* 6, 1524.

A SZERZŐK



MÁRTON ZSUZSANNA Biológus, az Eötvös Loránd Tudományegyetemen folytat mesterszakos tanulmányokat. Diplomamunkáját az ELTE Mikrobiológiai Tanszéken írta, Felföldi Tamás és Szabó Attila témavezetésével, melynek témája: A Kazahsztáni sós tavak ismeretlen prokarióta közösségei.

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

BOROS EMIL Tudományos munkatárs, MTA Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet. Az eurázsiai szikes, sós vizekkel és sekély tavakkal kapcsolatos limnológiai kutatások képzik fő tevékenységét. Ezen belül kiemelt témája az anyagforgalmi és trofikus kapcsolatok, a mezozooplankton, a makrogerinctelen és vízimadár 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. A Magyar Hidrológiai Társaság tagja 2008 óta.

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. A Magyar Hidrológiai Társaság tagja 1996 óta. 2011-2015 között az MHT Limnológiai Szakosztály vezetőségi tagja volt. Vitális Sándor Szakirodalmi Nívódíjban részesült 2011-ben.

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 egészíti ki. A Magyar Hidrológiai Társaság tagja 2009 óta.