
Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar
Környezettudományi Doktori Iskola
Környezetbiológia Doktori Program

Szuróczki Sára

**A FERTŐ MIKROBAKÖZÖSSÉGEINEK ÖSSZETÉTELE A
NÁDAS BORÍTOTTSÁG FÜGGVÉNYÉBEN**

-doktori értekezés tézisei-

A Környezettudományi Doktori Iskola vezetője:

Prof. Dr. Turányi Tamás

A Környezetbiológia Doktori Program vezetője:

Dr. Tóth Erika

Témavezető:

Dr. Tóth Erika

habilitált egyetemi docens

(ELTE TTK, Biológiai Intézet, Mikrobiológiai Tanszék)



Budapest, 2021

I. Bevezetés

A Fertő Európa legnyugatibb fekvésű szikes tava. Vize sekély, enyhén alkalikus, sótartalma jelentős, főleg nátrium, magnézium, hidrogén-karbonát, szulfát és klorid ionokat tartalmaz nagy koncentrációban. A tó teljes területének körülbelül 55%-át nádas (*Phragmites australis*) fedi, amelyben ún. belső tavak alakultak ki. Ezeket a belső tavakat a nyílt vízzel mesterséges csatornák köthetik össze. A tó nyílt vizének és belső tavainak hasonló az ionösszetétele, pH-ja és vezetőképessége, viszont az átlátszóságuk, színük nagymértékben különbözik. A belső tavak és nádasok vize a bomló növényi maradványokból származó színes, oldott szerves anyagok (humanyagok) miatt barna színű. A növényborítottság növekedése nem csak a vízben oldott szerves anyagok mennyiségének növekedését jelenti, hanem a szerves anyag készlet összetételének és biológiai hozzáférhetőségének változását is a környezeti tényezőktől és a vízi makrofitonok típusától függően. Egy tó növényborítottságának növekedése a baktériumok mennyiségének és aktivitásának növekedését, a mikrobiális közösségek diverzitásának változását is eredményezheti. A litorális rendszerek esetében a szerves szénvegyületek döntő hányada a fitoplankton helyett a vízi makrofitontól származik, viszont a bakterioplankton anyagforgalmi jelentősége alig ismert. A bakterioplankton aktivitását szabályozó környezeti tényezők megismerése azonban elengedhetetlen a vízi ökoszisztémák működésének megértéséhez.

II. Célkitűzések

A magyarországi tavak közül a Fertő bizonyult az egyik legmegfelelőbbnek ahhoz, hogy megfigyeljük, hogy a nádas milyen hatást gyakorol egy tó mikrobaközösségre: területének több mint felét nádas fedi, ugyanakkor nyílt vízi résszel is rendelkezik, ezáltal e két élőhelytípus mikrobiális közösségei összevethetőek. A Fertő vizére és üledékére jellemző Bacteria közösség összetételéről elsősorban régebbi, tenyésztéses eredmények állnak rendelkezésünkre, az Archaea közösséggel kapcsolatban pedig eddig még nem történtek vizsgálatok, ezért a Fertőn végzett kutatásunk során az alábbi célokat tűztük ki:

1. Fertőre jellemző Bacteria és Archaea közösségek összetételének és diverzitásának vizsgálata a nádas borítottság függvényében egy nyílt vízi (B0) és két, nádassal borított mintavételi ponton (Kis-Herlakni belső tó és nádas) (a) molekuláris biológiai és (b) tenyésztéses módszerekkel.
2. A planktonikus és üledékét alkotó mikrobaközösségek összetételének összehasonlítása.

3. A Fertőre jellemző mikrobaközösség összetételének vizsgálata a késő őszi és a nyári időszak függvényében.
4. A Fertőre jellemző különböző anyagcseréjű baktériumcsoportok mennyiségének feltárása.
5. A Fertőre jellemző planktonikus mikrobaközösség szubsztráthasznosítási képességének vizsgálata a nádas jelenlétének figyelembe vételével.
6. A Fertő tápelem-körforgalmi ciklusában (szén, nitrogén és kén körforgalomban) résztvevő mikroorganizmusok szerepének becslése.
7. Mivel a Fertő tenyésztető baktériumközösségét korábban csak magas szervesanyag-tartalmú táptalajokon vizsgálták, ezért feltételeztük, hogy a tenyésztés során általunk alkalmazott alacsonyabb szervesanyag-tartalmú táptalajokon a tudomány számára nézve eddig ismeretlen fajokat is tenyésztésbe fogunk vonni. Ezért célul tűztük a tenyésztés során esetlegesen izolált, a tudomány számára nézve új baktériumtaxonok azonosítását és jellemzését.

III. Alkalmazott módszerek

A mintavétel 2015. november 10-én és 2016. július 18-án történt a Fertő három különböző élőhelyének vízteréből és üledékéből: az osztrák-magyar határon található nyílt vízi B0 pontról (B0; É. sz. 47,73459°; K. h. 16,71941°), a Kis-Herlakni belső tóból (KH; É. sz. 47,68460°; K. h. 16,70272°) és a Külső-övcatorna mentén elhelyezkedő nádas vizéből (R; É. sz. 47,654321°; K. h. 16,72517°) (1. ábra). A vízmintákat vízoszlop mintavevővel gyűjtöttük, amellyel a teljes vízoszlopot mintáztuk. Az üledékek mintázása üledék mintavevő henger segítségével történt.



1. ábra. A Fertő nyílt vízi B0 pontja (a), Kis-Herlakni belső tava (b) és nádas (c).

Mindegyik mintavételi helyszínen megmértünk a víz mélységét, hőmérsékletét, Secchi-átlátszóságát, pH-ját és vezetőképességét. A víz lebegőanyag-tartalmát gravimetriásan mértük (Eaton és mtsai, 1995). A CDOM (coloured dissolved organic matter, színes oldott szerves anyag; platina szín [mg Pt L^{-1}]) meghatározása Cuthbert és Del Giorgio (1992) alapján történt. A Fertő vizét és üledékét alkotó Bacteria és Archaea közösség féltárásához új generációs amplitikon szekvenálást és tenyésztéses technikát alkalmaztunk. Az új generációs amplitikon

szekvenáláshoz a vízmintákból 250-250 mL-t 0,22 μm pórusátmérőjű szűrőn átszűrtük. A közösségi DNS-t a membránfilterekből és az üledékmintákból Ultraclean[®] PowerSoil DNA Isolation Kit (MoBio, Carlsbad, CA, USA) segítségével vontuk ki. A Bacteria és Archaea taxonok azonosításához polimeráz lánreakcióval a 16S rRNS-t kódoló génjének V3-V4 szakaszát szaporítottuk fel. A Bacteria taxonok kimutatásához B341F (Herlemann és mtsai, 2011) és módosított B805NR (Apprill és mtsai, 2015), az Archaea taxonok kimutatásához pedig A519F (Teske és Sorensen, 2007) és Arch855R (Yoshida és mtsai, 2005) primereket alkalmaztunk. A szekvenálást követő bioinformatikai elemzések Benedek és mtsai (2019) szerint történtek. A Tindall és mtsai (2010) által javasolt 97%-os szekvenciahasonlósági küszöbérték alapján határoztuk meg az operatív taxonómiai egységeket (Operational Taxonomic Unit, OTU). A mintákból kimutatott OTU-k egyenletes eloszlásának meghatározásához a Shannon-Weaver és inverz Simpson (1/D) indexeket, a minták fajgazdagságának becsléséhez pedig a Chao-1 és ACE fajszámbecslő értékeket alkalmaztuk, amelyeket a mothur v1.41.1 segítségével számítottunk ki. A víz és üledékminták mikrobaközösségeinek összevetését Bray-Curtis hasonlóság alkalmazásával one-way ANOSIM (analysis of similarities – hasonlóságok elemzése) teszttel határoztuk meg Past 3 szoftverben (Hammer és mtsai, 2001). Az OTU-k egyes minták közötti eltérését NMDS (non-metric multidimensional scaling – nem metrikus sokdimenziós skálázás) oordinációval szemléltettük. A hat vízminta tenyészhető baktériumközösségének meghatározásához módosított R2A (Reasoner és Geldreich, 1985) táptalajt, valamint Kéki és mtsai (2013) alapján szerves anyagokat alacsony koncentrációban tartalmazó módosított M4 médiumot alkalmaztunk. A baktériumtörzsekből DNS-t izoláltunk, majd a polimeráz lánreakció során a 16S rRNS-t kódoló gént Kalwasińska és mtsai (2015) alapján a 27F és 1492R primerek segítségével felszaporítottuk. A törzseket ARDRA (Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis - amplifikált riboszómális DNS restrikciós analízise) módszerrel hasítási mintázataik alapján csoportosítottuk. Kiválasztottuk a csoportreprezentáns, valamint a csoportokon kívül eső baktériumtörzseket, amelyeknek elvégeztük 16S rRNS gén alapú faji azonosítását.

Határhígításos (MPN: most probable number - legvalószínűbb sejtszám) módszer alkalmazásával, mikrotiter lemez segítségével (Rowe és mtsai, 1977) becsültük az aerob módon növekvő heterotróf baktériumok és fermentatív savtermelő baktériumok legvalószínűbb milliliterenkénti sejtszámát [MPN mL⁻¹].

A vízminták mikrobaközösségeinek szénforráshasznosítási profilját Biolog[®] EcoPlate segítségével teszteltük (Gryta és mtsai, 2014), amely 31 különböző szénforrást tartalmaz három párhuzamos reakcióban. Továbbá összesen 202 db ARDRA csoportreprezentáns törzs esetében

vizsgáltuk azok cellulóz és nádkivonat hasznosítását. Az utóbbi hasznosításának vizsgálatához Gordon és Mihm (1957) táptalaját alkalmaztuk, amely nádkivonatot (2 w/v%) tartalmazott egyedüli szénforrásként.

A tudomány számára nézve két új baktérium nemzetség képviselőit vizsgáltuk genotípusos (16S rRNS gén és teljes genom szekvenálás) és fenotípusos tulajdonságai alapján (klasszikus és gyors diagnosztikai eljárások, kemotaxonómiai elemzések).

IV. Eredmények és értékelésük

A Fertő vízében mért fizikai és kémiai változók közül a B0 ponton - ahol szél üledékfelkeverő hatása érvényesülni tud - magasabb TSS (Total Suspended Solids - összes lebegőanyag-tartalom) koncentrációt mértünk a KH és R mintákhoz képest. A Secchi-átlátszóság szignifikánsan ($p = 0,005$) alacsonyabb volt a nyílt vízben, mint a nádassal borított területeken, amely élőhelyek fenéki átlátszóak voltak, mivel itt a szél hatása a vegetáció miatt kevésbé tudott érvényesülni. A CDOM koncentrációja a B0 pontban volt a legalacsonyabb, míg a belső tó és a nádas vízében szignifikánsan magasabb ($p = 0,004$) értékeket tapasztaltunk, ami a szerves növényi anyagok bomlásából a víztestbe kerülő huminanyagoknak volt köszönhető. Ezen növényi anyagok a víztestet barnásra színezik (Schauer és mtsai, 2015).

A víz és üledékminták esetében az aerob heterotróf baktériumok MPN értékei szignifikánsan magasabbak voltak a náddal borított területeken (KH, R), mint a nyílt vízben ($p = 0,014$ és $p < 0,001$). A fermentatív savtermelő baktériumok MPN értékeinek összevetése során viszont nem találtunk jelentős különbséget a nyílt vízi és a náddal borított területek között.

Az amplitikon szekvenálás eredményei alapján a Bacteria közösség esetében nem tapasztaltuk szignifikáns eltérést a nádas borítottság függvényében az ACE és Chao-1 fajszámbebecslő értékek alapján. Viszont az Archaea közösség esetében szignifikánsan magasabb ($p < 0,001$) fajgazdagságot becsültünk a nádassal borított területeken, mint a B0 ponton. Ez a vízminták és az üledékminták esetében is egyaránt megfigyelhető volt. A Shannon-Weaver és az inverz Simpson (1/D) indexek értékei a vízminták Bacteria közösségei esetében hasonlóak voltak. Az üledékminták esetében az inverz Simpson index szignifikánsan magasabb értéket ($p < 0,001$) mutatott a nádas üledékében a novemberi mintavétel során a többi mintához képest. Az Archaea közösség esetében szignifikánsan magasabb diverzitás értékeket ($p \leq 0,001$) tapasztaltunk a nádassal borított mintavételi pontokon a nyílt vízi területhez képest, amely a vízminták, és az üledékminták esetében is egyaránt megfigyelhető volt. Az eredmények alapján feltételezhetjük, hogy a növényi anyagok növelik az Archaea közösség diverzitását.

A fajszámbecslő és a diverzitás indexek értékei szignifikánsan magasabbak voltak ($p < 0,01$) a Bacteria közösség esetében a Fertő üledékmintáiban, mint a vízmintáiban, ellentétben az Archaea közösséggel, ahol a vízmintákban tapasztaltunk magasabb értékeket ($p < 0,05$). Swan és mtsai (2010) feltételezései alapján az üledékben található szénforrások magas koncentrációja kedvezőtlenül hathat az Archaea szervezetek megjelenésére. Továbbá relatív gyakoriságuk az eddigi megfigyelések szerint alacsony volt mérsékelt sótartalmú, szikes tavakban (sótartalom: $1-2 \text{ g L}^{-1}$) (Szabó és mtsai, 2020).

Az amplitikon szekvenálás során 55 Bacteria és 8 Archaea phylumot azonosítottunk. Az ANOSIM teszt alapján az egyes vízminták és az ugyanarról a területről származó üledékminták Bacteria és Archaea közösségei szignifikánsan különböztek egymástól ($p < 0,01$; $R = 0,98$ és $R = 0,83$). A vízminták Bacteria közösségét főként Proteobacteria, Bacteroidetes és Actinobacteria phylumok alkották, az üledékminták esetében pedig a Proteobacteria mellett a Chloroflexi phylum volt jelentős. Az Archaea közösségből a Nanoarchaeota phylum bizonyult dominánsnak mindegyik vízmintában, az üledékmintákban pedig az Euryarchaeota és a Crenarchaeota phylumok képviselői jelentek meg legnagyobb arányban.

Az NMDS ordináció alapján a Kis-Herlakni belső tó és a nádas mintavételi pontok Bacteria és Archaea közösségeinek összetétele jelentősen különbözött a nyílt víztől. A nyílt vízben az Actinobacteria és Cyanobacteria phylumok relatív abundanciája volt magas, míg a Kis-Herlakni belső tó vizében és a nádas mintavételi területen főleg a Bacteroidetes törzs képviselői jelentek meg jelentősebb számban. Azon taxonok, amelyek alacsonyabb oldott szerves anyag koncentrációt (pl. LD12, acTH1, acIV) és/vagy magasabb TSS koncentrációt preferáltak (pl. *Cyanobium*) inkább a nyílt vízben jelentek meg számottevően, míg azon taxonok, amelyek képesek lehetnek szénforrásként hasznosítani a színes oldott szerves anyagokat (pl. *Flavobacterium*, *Hydrogenophaga*) inkább a nádassal borított területeken fordultak elő. Az Archaea közösség esetében a Crenarchaeota phylum tagjai a B0 pont vizében és üledékében jelentek meg a legnagyobb arányban. Tehát megállapítható, hogy a planktonikus és üledéket alkotó mikrobaközösségek összetételére hatással van a makrofíton jelenléte, mivel az egyes taxonok relatív abundanciája eltért egymástól a nyílt vízi és a nádassal borított területeken.

Összesen 559 baktériumtörzset izoláltunk és azonosítottunk a Fertő vizéből. Az azonosított törzsek jelentős részének 16S rRNS génszekvenciája az EzBioCloud adatbázisban (Yoon és mtsai, 2017) található referencia törzsek szekvenciáival 98-100%-os hasonlósági fokot mutatott. Tenyésztéssel összesen 5 phylum képviselőit azonosítottuk a Fertő vizéből: a Proteobacteria képviselőit mindegyik mintavételi ponton nagy arányban vontuk tenyésztésbe.

Az Actinobacteria, Bacteroidetes és Firmicutes phylumok képviselőit is azonosítottuk. A Verrucomicrobia phylumot csak a Kis-Herlakni belső tó és a nádas vizéből mutattuk ki.

Az őszi és a nyári minták Bacteria közösségei között szignifikáns különbség csak nemzetség szinten volt megfigyelhető. Viszont az Archaea közösség összetételére az évszakos változás nagyobb hatással volt. Az Euryarchaeota phylum képviselőit novemberben nagyobb arányban mutattuk ki a B0 pont vizéből, mint júliusban. A Nanoarchaeota phylum képviselői pedig csak novemberben a nádas területén jelentek meg jelentősebb számban. Ez arra utal, hogy a baktériumok és archaea-k közösségi összetételét más környezeti tényezők befolyásolják, ezáltal egy környezeten belül különböző ökológiai niche-eket tudnak elfoglalni (Berdjeb és mtsai, 2013).

Mindegyik mintavételi helyszín planktonikus mikrobaközössége leginkább a polimereket hasznosította (Tween 40, Tween 80, glikogén). Feltételezzük, hogy a nádas bomlása során felszabaduló nagy molekulatömegű vegyületek magasabb koncentrációja miatt a Fertő mikrobaközösségei aktív polimerbontó képességgel rendelkeznek. A D-cellobióz hasznosítása a júliusi nádas területéről vett vízmintában kiemelkedően magas volt. Az izolált baktériumtörzsek feltehetőleg szerepet játszanak a nádból származó szerves anyagok lebontásában, mivel a törzsek nagy része (72%-a) képes volt hasznosítani egyedüli szénforrásként a nádkivonatot.

A Fertőből kimutatott taxonok alapján a tóban végbemehet a teljes szén, nitrogén és kén körforgalom, viszont az egyes ciklusokban feltehetőleg szerepet játszó taxonok között eltéréseket tapasztaltunk a nyílt vízi és nádassal fedett mintavételi pontok között.

A Fertő vizéből izolált törzsek közül 40 törzs 16S rRNS génszekvenciája 98% alatti hasonlósági fokot mutatott az EzBioCloud adatbázisban (Yoon és mtsai, 2017) található referencia törzsek szekvenciáival. Ezen törzsek közül két új baktérium nemzetséget jellemeztünk. Az egyik új baktérium nemzetség képviselői (DMA-K-7a^T, DMA-K-1, DMG-N-1 törzsek) 16S rRNS génszekvenciájuk alapján legközelebbi rokonságban a *Rhabdobacter roseus* R49^T (95,66 %) baktériumfajjal álltak (*Cytophagaceae* család). A törzseknek az *Arundinibacter roseus* gen. nov., sp. nov. nevet javasoltuk (Szuróczki és mtsai, 2019). A másik új baktérium nemzetség képviselője (MG-N-17^T törzs) 16S rRNS génszekvenciája alapján legközelebbi rokonságban a *Verrucomicrobium spinosum* DSM 4136^T (94,38 %) baktériumfajjal állt (*Verrucomicrobiaceae* család). A törzsnek a *Phragmitibacter flavus* gen. nov., sp. nov. nevet javasoltuk (Szuróczki és mtsai, 2020).

V. A kutatás új eredményei

- Bacteria és Archaea közösségek összetételére hatással volt a nádas jelenléte, mivel jelentős különbségeket tapasztaltunk a nyílt vízi és a két nádassal borított mintavételi terület prokarióta taxonjainak összetételében. Ennek háttérében a nádasból származó bomló szervesanyagok magasabb koncentrációja állhat, mivel a CDOM (színes oldott szerves anyagok) koncentrációja szignifikánsan magasabb volt a nádassal borított területeken, mint a nyílt vízben.
- A Fertő nádassal fedett területein az Archaea közösség fajgazdagsága, illetve diverzitása szignifikánsan magasabb volt a nyílt vízi területhez képest.
- A Fertőben található aerob heterotróf baktériumok mennyiségét is befolyásolta a nádas jelenléte, mivel azok szignifikánsan magasabb sejtszámát becsültük a nádassal borított területeken.
- Az egyes vízminták és ugyanarról a területről származó üledékminták mikrobaközösségei szignifikánsan különböztek egymástól. Az ACE és Chao-1 fajszámbecslő, továbbá a Shannon-Weaver és inverz Simpson (1/D) indexek értékei szignifikánsan magasabbak voltak a Bacteria közösség esetében a Fertő üledékmintáiban, mint a vízmintáiban, ellentétben az Archaea közösséggel, ahol ennek fordítottját tapasztaltuk.
- A Bacteria és Archaea közösségek összetétele novemberben és júliusban különbözött egymástól. Míg a Bacteria közösségek esetében jelentős különbség csak nemzetség szinten volt megfigyelhető, addig az Archaea közösségre az évszakos változás nagyobb hatással volt, mivel az egyes phylumok relatív abundanciája is megváltozott.
- A Fertő planktonikus mikrobaközösségeire jellemző szénforráshasznosítási profil alapján az itt élő szervezetek főleg polimereket és szénhidrátokat hasznosítanak. A szénforráshasznosítási profil alapján a B0 víz minta mikrobaközössége elkülönül a nád borította területek mikrobaközösségeitől. A D-cellobióz hasznosítása a júliusi nádas területéről vett vízmintában kiemelkedően magas volt, ami valószínűleg az ott nagyobb koncentrációban található növényi eredetű anyagok jelenlétének köszönhető. A nyílt víz és a nádas mikrobaközössége bír a legerősebb szénforráshasznosítási aktivitással, amelynek mértéke függ az adott évszaktól.
- A Fertő vizéből izolált baktériumok szerepet játszanak a nádból származó szerves anyagok biodegradációjában: a törzsek majdnem háromnegyede képes volt hasznosítani egyedüli szénforrásként a nádkivonatot.

- A Fertőből kimutathatóak voltak a szén, nitrogén és kén ciklusban részt vevő mikroorganizmusok, ezáltal feltételezzük, hogy ezen ciklusok a B0, Kis-Herlakni és nádas mintavételi helyszíneken teljesen végbemennek.
- A Fertő vizéből a tudomány számára új baktériumtaxonok képviselőit vontuk tenyésztésbe. Ezek közül két új baktérium nemzetség képviselőit írtunk le, melyeknek az *Arundinibacter roseus* és *Phragmitibacter flavus* neveket választottuk.

Felhasznált irodalom

- Apprill A., McNally S., Parsons R., Weber L. (2015). Minor revision to V4 region SSU rRNA 806R gene primer greatly increases detection of SAR11 bacterioplankton. *Aquat Microbial Ecol* 75:129-137.
- Benedek K., Bálint J., Máthé I., Mara G., Felföldi T. Szabó A., Fazekas Cs., Albert Cs., Buckhowski R. W., Balog A. (2019). Linking intraspecific variation in plant chemical defence with arthropod and soil bacterial community structure and N allocation. *Plant and Soil* 444:1-15.
- Berdjeb L., Pollet T., Chardon C., Jacquet S. (2013). Spatio-temporal changes in the structure of archaeal communities in two deep freshwater lakes. *FEMS Microbiology Ecology* 86:215-230.
- Cuthbert I. D., Del Giorgio P. (1992). Toward a standard method of measuring color in freshwater. *Limnol Oceanogr* 37:1319–26.
- Eaton A. D., Clesceri L. S., Greenberg A. E. (1995). Standard methods for the examination of water and wastewater. 2-57.
- Gordon R. E., Mihm J. M. (1957). A comparative study of some strains received as nocardiae. *J Bacteriol* 73:15.
- Gryta A., Fraç M., Oszust K. (2014). The application of the Biolog EcoPlate approach in ecotoxicological evaluation of dairy sewage sludge. *Appl Biochem Biotech* 174:1434-1443.
- Hammer Ø., Harper D. A. T., Ryan P. D. (2001). PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia Electronica* 4:9.
- Herlemann D. P., Labrenz M., Jürgens K., Bertilsson S., Waniek J. J., Andersson A. F. (2011). Transitions in bacterial communities along the 2000 km salinity gradient of the Baltic Sea. *ISME J* 5:1571–1579.
- Kalwasińska A., Felföldi T., Walczak M., Kosobucki P. (2015). Physiology and molecular phylogeny of bacteria isolated from alkaline distillery lime. *Pol J Microbiol* 64:369-377.
- Kéki Zs., Grébner K., Bohus V., Márialigeti K., Tóth E. (2013). Application of special oligotrophic media for cultivation of bacterial communities originated from ultrapure water. *Acta Microbiol Immunol* 60:345-357.
- Reasoner D. J., Geldreich E. E. (1985). A new medium for the enumeration and subculture of bacteria from potable water. *Appl Environ Microbiol* 49:1–7.
- Rowe R., Todd R., Waide J. (1977). Microtechnique for most-probable-number analysis. *Appl Env Microbiol* 33:675-680.
- Schauer S., Jakwerth S., Bliem R., Baudart J., Lebaron P., Huhulescu S., Kundi M., Herzig A., Farnleitner A. H., Sommer R., Kirschner A. (2015). Dynamics of *Vibrio cholerae* abundance in Austrian saline lakes, assessed with quantitative solid-phase cytometry. *Environ Microbiol* 17:4366-4378.
- Swan B. K., Ehrhardt C. J., Reifel K. M., Moreno L. I., Valentine D. L. (2010). Archaeal and bacterial communities respond differently to environmental gradients in anoxic sediments of a California hypersaline lake, the Salton Sea. *Appl Environ Microbiol* 76:757-768.
- Szabó A., Korponai K., Somogyi B., Vajna B., Vörös L., Horváth Zs., Boros E., Szabó-Tugyi N., Márialigeti K., Felföldi T. (2020). Grazing pressure-induced shift in planktonic bacterial communities with the dominance of acIII-A1 actinobacterial lineage in soda pans. *Sci Rep* 10:1-12.

- Teske A., Sorensen K. B. (2007). Uncultured archaea in deep marine subsurface sediments: have we caught them all? *ISME J* 2:3-18.
- 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.
- Yoon S. H., Ha S. M., Kwon S., Lim J., Kim Y., Seo H., Chun J. (2017). Introducing EzBioCloud: a taxonomically united database of 16S rRNA gene sequences and whole-genome assemblies. *Int J Syst Evol Microbiol* 67:1613–1617.
- Yoshida N., Yagi K., Sato D., Watanabe N., Kuroishi T., Nishimoto K., Yanagida A., Katsuragi T., Kanagawa T., Kurane R., Tani Y. (2005). Bacterial communities in petroleum oil in stockpiles. *J Biosci Bioeng* 99:143-149.

Az értekezés témakörében készült közlemények jegyzéke

- Szuróczki S., Abbaszade G., Buni D., Bóka K., Schumann P., Neumann-Schaal M., Vajna B., Tóth E. (2021).** *Fertoeibacter niger* gen. nov., sp. nov. a novel alkaliphilic bacterium of the family *Rhodobacteraceae*. *Int J Syst Evol Microbiol* 71:004762.
- Szuróczki S., Szabó A., Korponai K., Felföldi T., Somogyi B., Márialigeti K., Tóth E. (2020).** Prokaryotic community composition and metabolism in a great shallow soda lake covered by large reed stands (Neusiedler See/Lake Fertő). *FEMS Microbiol Ecol* 96:fiaa159.
- Szuróczki S., Abbaszade G., Szabó A., Bóka K., Schumann P., Tóth E. (2020).** *Phragmitibacter flavus* gen. nov., sp. nov. a new member of the family *Verrucomicrobiaceae*. *Int J Syst Evol Microbiol* 70:2108-2114.
- Szuróczki S., Khayer B., Spröer C., Toumi M., Szabó A., Felföldi T., Schumann P., Tóth E. (2019).** *Arundinibacter roseus* gen. nov., sp. nov., a new member of the family *Cytophagaceae*. *Int J Syst Evol Microbiol* 69:2076-2081.
- Szuróczki S., Szabó A., Korponai K., Felföldi T., Márialigeti K., Tóth E. (2018).** A Fertő vizét és üledékét alkotó baktériumközösségek vizsgálata újgenerációs DNS-szekvenálással. *Hidrol Közl* 98:78-85.
- Szuróczki S., Korponai K., Sári E., Tugyi N., Felföldi T., Somogyi B., Márialigeti K., Tóth E. (2017).** Planktonikus baktériumközösségek vizsgálata a Fertő vizében (nyílt víz, belső tó, nádas). *Hidrol Közl* 97:40-47.