



**Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
Budai Campus
Biomérnök és Erjedésipari Technológia Tanszék
Biomérnöki alapképzési szak**

ÚJ FAJ JELÖLT BAKTÉRIUM JELLEMZÉSE

Belső konzulens: Dr. Csernus Olívia

Tudományos munkatárs

Dr. Tóth Ákos Gergely

Tudományos munkatárs

Belső konzulens

**intézete/tanszéke: Élelmiszertudományi és
Technológiai Intézet,**

**Biomérnök és Erjedésipari
Technológia Tanszék**

Készítette:

Kilián Kitti

**Budapest
2025**

Új faj jelölt baktérium jellemzése

Kilián Kitti

Biomérnöki alapképzési szak, nappali tagozat
Biomérnök és Erjedésipari Technológia Tanszék

Belső témavezető: Dr. Csernus Olívia, Tudományos munkatárs, Biomérnök és Erjedésipari Technológia Tanszék

Dr. Tóth Ákos Gergely, Tudományos munkatárs

A növényi biomassza a Földön a legnagyobb mennyiségben elérhető, megújuló erőforrás. A lignocellulóz biomassza jelentős részét a növényi sejtfa teszi ki, amely fő feladata a sejtek védelme és a sejt struktúrájának megőrzése. A növényi sejtek száraztömegének tipikus százalékos aránya: 35-50% cellulóz, 20-35% hemicellulóz és 5-30% lignin. A lignocellulóz biomassza mezőgazdasági és erdészeti maradványokból, szerves szilárd, faipari, valamint cellulóz tartalmú hulladékokból származik. A lignocellulóz alapú biomassza fenntartható lebontása hidrolízis révén, lignocellulolitikus enzimek segítségével megy végbe, amelyeket a bioüzemanyag gyártás mellett, különböző alkalmazásokban is fel lehet használni, mint például papíripar, élelmiszeripar, textilipar, mezőgazdaság és hulladékkezelés.

A hulladékként jelentkező növényi biomassza feldolgozásának problémájára adhat választ a lignocellulóz bontásra képes baktériumok biotechnológiai alkalmazása. Cellulolitikus mikroorganizmusok bárhol előfordulnak, ahol cellulóz alapú hulladék halmozódik fel. Ebben az esetben vegyes populációkban fordulnak elő, amelyekben cellulolitikus és nem-cellulolitikus fajok egyaránt jelen vannak. Ez a környezet vezet a cellulóz teljes lebontásához, amely során aerob körülmények között szén-dioxiddá és vízzé alakul át, anaerob körülmények között pedig szén-dioxiddá, metánná és vízzé.

A prokarióta rendszertan elengedhetetlen eleme a törzs jellemzése. Mind az új keletű, mind a hagyományos módszerek fontos szerepet töltenek be egy törzs hovatartozásának megállapításához egy taxonon belül. A taxonómia és az ökológia területén egyaránt kulcsfontosságú szerepet tölt be a 16S rRNS génszekvenciájában tárolt információ. A gén szekvenciájának vizsgálata az izolátumok génjének bázissorrend meghatározása, amely feltétlenül szükséges az új fajok leírásához.

Vizsgálatom tárgyát egy hallgatótársam által korábban papírhulladékból izolált, lignocellulolitikus aktivitással rendelkező baktériumtörzs képezte, amelynek fenotipikus jellemzőit részletesen elemeztem. A korábbi vizsgálatok során a törzs 16S rRNS génjének egy részleges szekvenciája már rendelkezésre állt, amely alapján felmerült a lehetősége annak, hogy egy eddig le nem írt fajról van szó, így indokoltá vált a további taxonómiai vizsgálat. A pontos filogenetikai besorolás érdekében megkezdtem a 16S rRNS gén teljes szekvenciájának meghatározását; a munkafolyamat során a PCR-amplifikációt sikeresen elvégeztem, és az amplifikált terméket gélelektroforézissel igazoltam, így a minta alkalmas a további, szekvenálással történő vizsgálatok elvégzésére.