
Válasz Prof. Dr. Kovács Kornél bírálataira

Tisztelt Bíráló!

Mindenekelőtt szeretném megköszönni, hogy elvállalta dolgozatom részletes bírálatát, és hogy kritikai megjegyzéseivel eredményeim gyakorlatban való alkalmazására sarkall. Külön köszönöm az elismerő szavakat, amellyel munkámat méltatta. Az általános kritikai észrevételekkel természetesen kivétel nélkül egyetértek, mivel olyan dilemmákra világít rá a Bíráló, amelyek számomra is nyilvánvalóak, azonban feloldásuk sokszor rajtam túlmutató feladat.

A Bírálónak igaza van abban, hogy a kutatásaim során nyert eredményeknek a gyakorlati bioremediációban is meg kellene jelenniük idővel, és hogy nem szabad megelegedni azzal, hogy csak a mikrobiológiai, illetve biokémiai alapkutatási ismereteink gyarapodjanak vizsgálataim által. Meggyőződésem ugyanakkor, hogy már az eddig elért laboratóriumi eredmények is kifejezetten hasznosak a gyakorlat számára, hiszen több olyan mikroszervezetről bizonyítottuk be, hogy kiemelt szerepük lehet a BTEX-vegyületek biodegradációjában, amelyek bár gyakran domináns közösségalkotók szennyezett felszín alatti közegekben, ez irányú metabolikus képességük nem volt ismert. Jó példák erre a *Quatronicoccus*, *Zoogloea* és *Malikia* nemzetségek képviselői, vagy újabban az a *Rhodoferax* leszármazási vonal, amely kifejezetten BTEX-szennyezett felszín alatti közegekben mutatható ki világszerte. E mikroszervezetek tehát a lebontási folyamatok biomarkereiként szolgálnak ma már a gyakorlatban. Meg kell jegyeznem ugyanakkor azt is, hogy kutatási eredményeim hazai gyakorlatba való átültetését nagyban limitálja az a tény, hogy a molekuláris mikrobiológiai módszerek jelentős eszköz és vegyszerigénnyel bírnak, ami miatt kevés környezettechnológiával foglalkozó cég vállalja a költségek saját forrásból történő finanszírozását.

Bírálónak a dolgozat címével kapcsolatos kritikáját is elfogadom. Lehet, hogy célszerűbb lett volna a BTEX-vegyületekre szorítkozni a címadásnál, ám akkor az alifás szénhidrogénekkal folytatott kutatásaimat nem fedte volna le a cím. A dolgozat címadásánál átfogóan próbáltam fogalmazni, szem előtt tartva a cím egyszerűségét és közérthetőségét. Sokat gondolkoztam azon, hogy a PAH-vegyületekről is írjak-e a dolgozatban, azonban e vegyületek körét munkám során is csak érintőlegesen vizsgáltam. A legegyszerűbb PAH-vegyület, a naftalin mikroaerob lebontásában résztvevő mikroszervezetek diverzitását vizsgálta az általam irányított kutatócsoport (Benedek és mtsai., 2020), azonban az aerob lebontás és a gyűrűhasítás ez esetben is többnyire valamilyen katekol-vegyületen keresztül történik. A három, vagy annál több gyűrűt tartalmazó vegyületek esetében pedig szinte vegyületenként eltérő lebontási útvonalak és enzimek ismertek, ami megnehezíti e vegyületcsoport biodegradációjának átfogó, közérthető ismertetését. A naftalinon kívüli többi PAH-vegyülettel nem foglalkoztam munkám során, ráadásul e bonyolult többgyűrűs vegyületek környezeti előfordulása nem kizárólag a kőolajszennyezésekhez köthető, hanem főleg a fosszilis tüzelőanyagok elégetése, kokszt- és alumíniumgyártás, illetve sok más ipari tevékenység eredménye. Mindezeket

mérlegelve végül úgy döntöttem, hogy a PAH-vegyületek és azok biodegradációjának ismertetése, illetve az ezen a területen elért eredményeim nem kerülnek bemutatásra a dolgozatban.

Ami a szénhidrogének anaerob úton történő lebontását illeti, a dolgozat Irodalmi áttekintés című fejezetének 1.8-as alfejezetében részletesen ismertettem a monoaromás vegyületek főbb anaerob lebontási útvonalait, így például a fumarát addíció, illetve a karboxiláció útján történő anaerob gyűrűaktivációt. A benzol esetében a dolgozat 13. ábráján bemutattam annak mindhárom ismert anaerob lebontási útvonalát. Az anaerob lebontási folyamatokat és azok jelentőségét nem állt szándékomban lekicsinylően bemutatni, csupán érzékeltetni szerettem volna, hogy anaerob körülmények között jóval lassabban megy végbe a lebontási folyamat, mint oxigén jelenlétében. Mindemellett a szénhidrogének anaerob biodegradációja már vizsgálataim kezdetekor is nagyon intenzíven kutatott terület volt, ugyanakkor a hipoxikus, vagy mikroaerob körülmények közötti lebontást a kutatások gyakorlatilag figyelmen kívül hagyták. Emiatt is keltette fel érdeklődésemet ez a kutatási terület és tettem kísérletet arra, hogy a hipoxikus/mikroaerob körülmények közötti szénhidrogén-lebontásban résztvevő mikroszervezetek körét feltárjam, és ezáltal a gyakorlat számára is hasznos információkkal szolgáljak.

A Bíráló jogosan teszi fel a kérdést, hogy mi alapján választottam ki a vizsgálati helyszíneket. Vizsgálataim kezdetekor igyekeztem minél több kárhelyről származó mintát vizsgálni és ezen belül kiemelt figyelmet szentelni azoknak a mintáknak, amelyek olyan talajvíz mintavételi kutakból származtak, ahol hipoxikus körülmények uralkodtak. A siklói kárhely több mint tíz éve tartó folyamatos vizsgálatát azzal tudom indokolni, hogy itt olyan mikroba közösséget találtunk, amely hasonló képet mutatott mint más, részletesen vizsgált kárhelyek mikroba közösségei. Ilyen például az Egyesült Királyságban található SiREN elnevezésű kárhely (Site for Innovative Research in Natural Attenuation Approach), illetve a németországi Zeitz közelében található RETZINA elnevezésű kárhely (Reference Test Site Zeitz for the Implementation of the Natural Attenuation Approach) (Fahy és McGenity, 2010). Emiatt úgy véltem, hogy e kárhely vizsgálati eredményei idővel általánosan megfogalmazható felismerésekhez vezethetnek el. A többi kárhely esetében, ahol csak kódneveket adtam meg, a kárhelyek földrajzi elhelyezkedését rajtam kívül álló okokból nem hozhattam nyilvánosságra és így a dolgozatomban is csak a kódneveket használtam. Azonban minden olyan adatot, amely rendelkezésemre állt és releváns volt a kárhelyeket illetően, közreadtam mind a tudományos publikációimban, mind a dolgozatban.

A Bíráló kérdéseire adott válaszaim a következők:

1) A Bíráló felveti, hogy az általam részletesen vizsgált *Zoogloea oleivorans* milyen szerepet kaphat egy összetett, kőolaj származékokat lebontani igyekvő közösségben és ehhez kapcsolódóan több kérdést tesz fel:

a. A Bíráló a dolgozat 102. oldalán olvasható, általam „nem publikált eredmény”-ként hivatkozott benzol, toluol és etilbenzol-lebontó képességre kérdez rá, miszerint publikáltuk-e azóta, és azok mit mutatnak.

Ahogy a szövegben is utalok rá, a kérdéses műszeres analitikai (GC-MS) vizsgálatot később, tehát nem a fajleírás eredményeinek tudományos közzétételekor végeztük el, mivel

akkor erre nem volt lehetőségünk. A stabil izotópos kísérlet eredményei és a teljes genom elemzése alapján a toluol-lebontó képessége nyilvánvaló volt számunkra, de szeretnénk tudni, hogy a 6 BTEX-vegyület közül melyeket képes egyedüli szén- és energiaforrásként hasznosítani. Az eredmények publikációja azért is nem történt meg, mert egészen a közelmúltig nem végeztünk újabb kísérletet e baktériumhoz kötődően, aminek kapcsán publikálni tudtuk volna. Pár hónappal ezelőtt azonban újabb stabil izotópos kísérletbe fogtunk, ahol a benzol mikroaerob lebontását vizsgáltuk a siklósi kárhely talajvíz üledék mintáit felhasználva. Az előzetes eredmények szerint a mikroaerob mikrokozmoszokban a *Zoogloea* nemzetség volt az egyik legmeghatározóbb közösségalkotó (20%-os abundanciával), miközben az aerob mikrokozmoszokban jóval kisebb (3% körüli) gyakorisággal volt kimutatható.

b. A Bíráló következő kérdése a törzssel kapcsolatban, hogy milyen szerepet kaphat a *Z. oleivorans* a valós életben a kőolaj származékok lebontását végző közösségben, ahol nem csak toluollal, hanem sokkal összetettebb szennyeződésekkel kell a kevert mikroba közösségnek megbirkóznia?

A törzs maga egy olyan kárhelyről származik, ahol a mikroba közösségnek egy összetett (gázolaj) szennyezéssel kellett megbirkóznia. Sajnos az izoláláshoz kiindulásként használt biofilm mikroba közösségének összetételét nem vizsgáltuk, így nem tudom, hogy abban milyen gyakorisággal volt jelen a kérdéses baktérium. Németországi kutatók azonban több esetben is kimutatták a *Zoogloea* nemzetség benzol-lebontásban betöltött kiemelkedő szerepét valós körülmények között. Egy Leuna városa melletti olajfinomító gázolajjal, illetve főleg benzollal szennyezett talajvizét megtisztítani hivatott tóból vett biofilm mintákban igazolták stabil izotópos és BacTrap módszerrel az e baktériumok általi benzol-lebontást (Jechalke és mtsai., 2013; Nitz és mtsai., 2020). Ezek alapján elmondható, hogy a *Zoogloea* nemzetség egyes képviselői bizony *in situ* körülmények között is kulcsszerepet játszhatnak egyes aromás szénhidrogének lebontásában.

c. Bírálóm felveti, hogy a dúsítási kísérletekben a *Z. oleivorans* jelen van ugyan, de a benzol vagy toluol szénforrásért folytatott küzdelemben alulmarad. Felmerül a kérdés, hogy milyen következtetést lehet levonni ezekből a kísérletekből egy komplex kőolajszármazék elegyet tartalmazó „igazi” szennyeződésben lejátszódó mikrobiológiai eseményekről és a lebontást végző mikrobaközösség biológiai aktivitásáról?

A *Zoogloea oleivorans* esetében régóta gyanítom, hogy erős biofilm-képző tulajdonsága miatt a lebontó közösségen belüli feldúsulását elősegíti ha valamilyen szilárd fázis is jelen van a mikrokozmoszban. Ilyen szilárd fázis például a talajvíz üledék. Megfigyelhető ugyanis, hogy azokban a kísérletekben sikerült jelentős gyakoriságot elérnie e baktériumnak, ahol nem csak folyadék fázis volt jelen. A kérdés általános részét megválaszolva úgy gondolom, hogy a dúsítási kísérletek eredményei valós, *in situ* is lejátszódó folyamatokra világítottak rá. Segítségükkel sikerült bizonyítani, hogy a *Malikia* nemzetség képviselői aromás szénhidrogén-lebontó szerepük miatt válhattak dominánssá az egyik vizsgált kárhelyen. Ugyancsak dúsítási kísérletekkel sikerült tisztázni a *Rhodoferrax* nemzetségbe tartozó mikroszervezet, illetve a

Saccharibacteria törzsbe tartozó baktériumok szerepét. A mikrobiális ökológiai kutatások egyik legfőbb kérdése, hogy milyen mikroszervezetek vannak jelen a vizsgált ökoszisztémában és mi az ökológiai szerepük. E kérdés megválaszolásához jelentős segítséget nyújtottak a dolgozatban bemutatott kísérletek.

d. Hogyan illeszthető ebbe a képbe a dolgozatban többször kimutatott fontos megfigyelés arról, hogy a BTEX lebontást végző enzym családokat kódoló géncsoportok gyakran horizontális géntranszfer útján jutnak el a lebontást végző mikrobákba? Mennyire reális az itt alkalmazott analitikus megközelítés, aza a „próbáljuk meg izolálni az egyes résztvevő mikrobákat, vizsgáljuk meg mit tudnak, majd ezeket a mozaik ismereteket összerakva alakítsuk ki a mikroba közösség összképét.

A Bíráló jól látja, az I.2.C alosaládba tartozó C23O gének szinte mindig olyan génklaszterekben találhatóak meg, amelyeket mobilis genetikai elemek határolnak. A közelmúltban figyeltük meg egy *Hydrogenophaga* törzsbe tartozó baktériumtörzs esetében, hogy egyszerre 3 különböző I.2.C-típusú C23O gén található a genomjában. E törzset később *H. aromaticivorans* néven új fajként írtuk le (Banerjee és mtsai., 2021). A típus-törzset (D2P1-es laborjelű törzs) egy xilol-lebontó dúsító tenyészetből izoláltuk, és a *m*-, illetve *p*-xilol mellett a benzolt volt képes egyedüli szén- és energiaforrásként hasznosítani. Ugyanebből a dúsító tenyészetből sikerült izolálnunk egy másik *Hydrogenophaga* törzset (D2P3-as laborjelű törzs), amelynek 16S rRNS gén szekvenciája 100%-os hasonlóságot mutatott az új fajként leírt törzsével, és a teljes genomsekvencia alapján is egy fajhoz tartozott a két törzs. Ugyanakkor a D2P3-as *Hydrogenophaga* törzs genomjában csak egy I.2.C C23O gén volt megtalálható és a benzolt, a toluolt, illetve az *o*-xilolt tudta szénforrásként hasznosítani (Banerjee és mtsai., 2022). Jól látható tehát, hogy a I.2.C-típusú C23O gének diverzitása és a lebontó mikroszervezetek diverzitása között nem feltétlenül lehet egyenlőségjelet tenni, illetve hogy a horizontális géntranszfer milyen fontos szerepet játszik a lebontó mikroszervezetek adaptációjában. E kísérleti eredményekből az is látszik továbbá, hogy a teljesség igénye mellett bizony apró mozaikokból építkezve lehet csak egy mikrobaközösség képét összerakni.

2) Bírálóm felveti, hogy a marker gének vizsgálatakor miért nem léptem túl a T-RFLP módszer alkalmazásánál.

Bírálóm kérdése jogos, hiszen magam is sokat gondolkoztam azon, hogy a vizsgált funkciógének diverzitását miképpen tudnám vizsgálni az újgenerációs szekvenálási módszereket használva. Leginkább az I.2.C-típusú C23O gének esetében lenne ez releváns, azonban mindig felmerült bennem a kérdés, hogy az így kapott információ többlet mennyiben segítené a feltett tudományos kérdések megválaszolását. A dúsító tenyészetekben a vizsgált marker géneknek többnyire maximum 5-6 főbb genotípusát lehetett megkülönböztetni. Dominancia-viszonyaik nyomom követése, illetve a T-RFLP fragmentumok klontárak általi beazonosítása nem igényelte az újabb technológiák bevonását. Ráadásul e módszer nagyon jól használható arra, hogy a párhuzamos dúsító tenyészetek mikrobaközösségeit gyorsan és költséghatékonyan össze tudjam hasonlítani, be tudjam mutatni azok párhuzamos mivoltát. Nagy mintaszámok esetén még ma is

jó szolgálatot tehet a költséghatékonyság terén ez a „molekuláris ujjlenyomat” módszer, amelyet szakterületem vezető kutatói is alkalmaznak, vagy alkalmaztak egészen a közelmúltig.

3) A Bírálóm következő kérdése a dolgozat egyik munkahipotézisét veszi górcső alá, miszerint „ahol van I.2.C C23O gén, ott működik a BTEX-lebontás, és ahol van BTEX-bontás, ott I.2.C C23O génnek is lenni kell”. A Bíráló kérdései ezzel kapcsolatban a következőek:

a. Hogyan egyeztethető össze a fenti munkahipotézis a dolgozatban bemutatott eredményekkel, amelyek szerint „...a *Zoogloea oleivorans*... genomjának vizsgálata azt mutatja, hogy ennél sokkal összetettebb kérdésről van szó és nem lehet egyetlen gén, vagy enzim jelenlétéhez, illetve működéséhez kötni az aromás szénhidrogének mikroaerob lebontását.

A fenti munkahipotézis úgy gondolom érvényes, hiszen eddig ahány I.2.C C23O génnel rendelkező baktériumtörzset vizsgáltam, mindegyik képes volt legalább egy BTEX-komponens lebontására. Mindemellett az I.2.C C23O gének általánosan kimutathatóak BTEX-szennyezett felszín alatti közegekből. Maga a mikroaerob körülmények közötti lebontás képessége azonban úgy tűnik, valóban nem vezethető vissza kizárólag e gén meglétére, más feltételnek is teljesülnie kell. Az aromás gyűrű hasítása előtt mono- vagy dioxigenáz enzimeknek kell aktiválniuk a gyűrűt, létrehozva ezzel a kiindulási vegyületnek megfelelő katekol vegyületet. Ahhoz, hogy e folyamat mikroaerob körülmények között végbe menjen, a gyűrűaktiváló enzimeknek is tolerálniuk kell az alacsony oldott oxigén koncentrációt. A *Z. oleivorans* esetében egy toluol-dioxigenáz aktivitású enzim játszotta ezt a szerepet, és egy japán kutatócsoport munkájának köszönhetően ismert volt, hogy ez az adott enzim működik mikroaerob körülmények között is. Mindemellett más kutatók azt feltételezik, hogy mikroaerob körülmények között többnyire a monooxigenáz enzimekre hárul a gyűrűaktiválás feladata a dioxigenáz enzimekkel szemben (Martínez-Lavanchy és mtsai., 2015).

b. Nem lehet-e itt arról szó, hogy a toxikus szubsztrátok jelenlétében azok a fajok/törzsek szelektálódnak ki, amelyek HGT segítségével szert tudnak tenni a BTEX-lebontó enzimekre.

A kérdés lényegét tekintve a válasz az, hogy igen, erről van szó. Azonban én inkább úgy fogalmaznék, hogy azok a törzsek szelektálódnak ki, amelyekben a mikroaerob lebontás képességéhez szükséges génklaszterek megfelelő kombinációját alakítja ki a horizontális géntranszferek sorozata.

4) A korábbi, nemzetközi konszenzuson alapuló primer-pár szekvencia eltérései mekkora hibát okozhattak a Jelölt és a témával foglalkozó nemzetközi kutatói közösség eredményeinek interpretálásában? Hogyan reagált a nemzetközi kutató közösség a javasolt új primer-pár általános használatára?

A korábbi, univerzálisnak gondolt C23O primer-pár biztosan jelentős hibát okozhatott az eredmények interpretálásában. Ennek lehetőségére egy esetben konkrétan rá is világítottunk. Lillis és mtsai. (2010) a 2,4-diklór-fenol lebontását vizsgálták talajban, és a kutatásuk fő kérdése az volt, hogy az *ortho*-, vagy a *meta*-gyűrűhasítási útvonalon keresztül történik-e döntően a vegyület lebomlása. Eredményeik alapján az *ortho*-gyűrűhasítást végző dioxigenáz enzim domináns szerepét lehetett valószínűsíteni. Mindemellett ismert volt már akkor is, hogy számos mikroszervezet, köztük a *Burkholderiales* rend tagjai is (*Comamonas*, *Alcaligenes* nemzetségek tagjai) a *meta* útvonalon keresztül bontják le ezt a vegyületet. Az általunk tervezett I.2.C C23O alcsaládra specifikus primer-pár végül nem vált általánosan elterjedté. Ennek oka főleg az, hogy az eredményeink publikálásakor kezdtek széles körben elterjedni a különböző metagenomikai módszerek. Az extradiol dioxigenázok újabb alcsaládjait (I.2.G és I.2.H alcsaládok) is már fosmid könyvtárak segítségével írták le (Suenaga és mtsai., 2014; Terrón-Gonzalez és mtsai., 2016).

- 5) **Bírálóm következő kérdése a benzol-lebontó mikroaerob dúsító tenyészetekkel kapcsolatos. E 100%-ban *Pseudomonas*-okból álló tenyészet (MB1) ugyanis egyáltalán nem bontotta a benzolt. Kérdésként merül fel (5a. kérdés), hogy miből élt ez a *Pseudomonas* a kísérlet több hetes időszakában? Bírálóm véleménye szerint a talajvíz, illetve az azzal bevitt szénforrás jöhet szóba. További kérdése (5b. kérdés) a Bírálónak, hogy esetleg csak a *Pseudomonas*-ok szaporodtak, és esetleg a többi mikroszervezet elpusztult a benzoltól? További kérdésként merült fel a Bírálóban, hogy a harmadik dúsítási kísérlet eredményei alapján mennyire lehetünk biztosak abban, hogy a többi mintában a BTEX komponens volt a fő szénforrás?**

Megértem, hogy ez a kísérleti eredmény ennyi kérdést vetett fel a Bírálóban, mivel magam is sokat gondolkodtam azon, hogy mi állhat a megfigyelt jelenség mögött. A talajvízzel esetlegesen bevitt egyéb szénforrás biztosan nem jön szóba, mivel talajvizet csak az első heti dúsítók tartalmaztak, majd később a dúsító tenyészetek lettek folyamatosan átoltva új ásványi tápoldatba 4 héten keresztül, hetente átoltva. A BTEX komponens tartalmú dúsító tenyészetekben biztosan az adott BTEX komponens volt az egyedüli szénforrás, efelől nincsen kétségem. A *Pseudomonas* nemzetségről azonban jól ismert, hogy egyes képviselői szélsőségesen oligotróf közegben is képesek túlélni. Továbbá általános tapasztalatom, hogy a legtöbb BTEX-lebontó *Pseudomonas* törzs a *tol*-olt és a *m*-, illetve *p*-xilolt képes hasznosítani, és nem általános tulajdonságuk a benzol-lebontó képesség. Véleményem szerint a legvalószínűbb az, hogy akár csak nyomnyi mennyiségben is, de lehetett jelen más olyan mikroszervezet is a dúsítóknál (akár Archaea is) amely csekély mértékben képes volt a benzol hasznosítására. Esetleg kemolitotróf anyagcserével rendelkező mikroszervezet volt, amely által termelt másodlagos anyagcseretermékeken, vagy e mikroszervezetek detrituszán tudott a kérdéses *Pseudomonas* baktérium szaporodni.

- 6) **Bírálóm véleménye szerint is fontos felismerés, hogy nagyon élesen megkülönböztethető mikroba közösség alakul ki ugyanazon BTEX szennyeződés körül mikroaerob és aerob oxigén ellátottsági körülmények között. Ezzel kapcsolatos kérdése, hogy milyen relevanciája lehet ennek a megfigyelésnek a terepi körülmények között, ahol a szennyezési csóva körüli néhány cm vastag rétegben az oxigén koncentráció egy jórészt ismeretlen gradiens mentén dinamikusán változik?**

Természetesen azt gondolom, hogy *in situ* is főleg azok a mikroszervezetek (illetve rokonsági körük) fognak jelentős szerepet játszani, amelyekről a kísérleteim során bizonyítottam, hogy szénhidrogén-lebontókként vannak jelen mikroaerob körülmények között. Ugyanakkor én ennek a felismerésnek a fontosságát más irányból szoktam megközelíteni. Eredményeim arra világítanak rá, hogy kőolajszármazékokkal szennyezett közegek mikrobiológiai vizsgálatakor, az aerob lebontó és kitenyészthető mikroszervezetek körének feltárása során nem szabad figyelmen kívül hagyni azt a tényt, hogy a felszín alatti közegekben az oxigén hozzáférhetősége eleve korlátozott. Ha e mikroszervezetek diverzitását csak teljesen aerob körülmények között vizsgáljuk, az bizonyosan téves, illetve a valóságot nem tükröző következtetések levonásához fog vezetni.

7) Mennyire általánosíthatók a néhány és eltérő történeti háttérrel rendelkező minta eredményei a BTEX-lebontásra bármilyen más rendszerben, más körülmények között dolgozó mikroba közösséggel?

Ahogy azt a Bíráló egy korábbi felvetésére is jeleztem, a vizsgált kárhelyek, de főként a siklósi esetében olyan mikroba közösségeket tártam fel, amelyekhez hasonlókat világszerte leírtak. Eredményeim, amelyekkel hozzájárultam ahhoz, hogy e mikroba közösségek olykor domináns résztvevőinek ökológiai szerepét tisztázzam, általánosítható felismeréseket is tartalmaznak. Természetesen minden kárhelynek megvannak a maga sajátosságai, amelyeket figyelembe kell venni a szennyezett közeg mikroba közösségének vizsgálatakor.

Bízom benne, hogy a Bíráló felvetéseire és kérdéseire adott válaszaim elfogadhatóak. Egyúttal szeretném még egyszer megköszönni a Bíráló munkáját és a dolgotomat illető kritikái megjegyzéseit.

Felhasznált irodalom

Banerjee, S., Táncsics, A., Tóth, E., Révész, F., Bóka, K., Kriszt B. (2021) *Hydrogenophaga aromaticivorans* sp. nov., isolated from a para-xylene-degrading enrichment culture, capable of degrading benzene, meta- and para-xylene. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 71:004743.

Banerjee, S. Bedics, A., Harkai, P., Kriszt, B., Nagaraju, A., Táncsics, A. (2022) Evaluating the aerobic xylene-degrading potential of the intrinsic microbial community of a legacy BTEX-contaminated aquifer by enrichment culturing coupled with multi-omics analysis: uncovering the role of *Hydrogenophaga* strains in xylene degradation. *Environ. Sci. Pollut. Res.* 29:28431-28445.

Benedek, T., Szentgyörgyi, F., Szabó, I., Farkas, M., Duran, R., Kriszt, B., Táncsics, A. (2020) Aerobic and oxygen-limited naphthalene-amended enrichments induced the dominance of

Pseudomonas spp. from a groundwater bacterial biofilm. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 104:6023-6043.

Fahy, A., McGenity, T.J. (2010) Remediation of BTEX in groundwater underlying petrochemical plants. In: Timmis, K.N. (eds) *Handbook of Hydrocarbon and Lipid Microbiology*. Springer, Berlin, Heidelberg.

Jechalke, S., Franchini, A.G., Bastida, F., Bombach, P., Rosell, M., Seifert, J., von Bergen, M., Vogt, C., Richnow, H.H. (2013) Analysis of structure, function, and activity of a benzene-degrading microbial community. *FEMS Microbiol Ecol* 85:14-26.

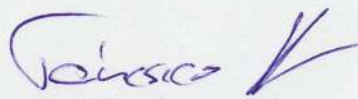
Martínez-Lavanchy, P.M., Chen, Z., Lünsmann, V., Marin-Cevada, V., Vilchez-Vargas, R., Pieper, D.H., Reiche, N., Kappelmeyer, U., Imperato, V., Junca, H., Nijenhuis, I., Müller, J.A., Kusch, P., and Heipieper, H. J. (2015) Microbial toluene removal in hypoxic model constructed wetlands occurs predominantly via the ring monooxygenation pathway. *Appl. Environ. Microbiol.* 81:6241-6252.

Nitz, H., Duarte, M., Jauregui, R., Pieper, D.H., Müller, J.A., Kastner, M. (2020) Identification of benzene-degrading *Proteobacteria* in a constructed wetland by employing *in situ* microcosms and RNA-stable isotope probing. *Appl. Microbiol. Biotechnol* 104:1809-1820.

Suenaga, H., Mizuta, S., Miyazaki, K., Yaoi, K. (2014) Diversity of extradiol dioxygenases in aromatic-degrading microbial community explored using both culture-dependent and culture-independent approaches. *FEMS Microbiol. Ecol.* 90:367-379.

Terrón-Gonzalez, L., Martín-Cabello, G., Ferrer, M., Santero, E. (2016) Functional metagenomics of a biostimulated petroleum-contaminated soil reveals an extraordinary diversity of extradiol dioxygenases. *Appl. Environ. Microbiol.* 82:2467-2478.

Gödöllő, 2022. 08. 22.



Dr. Táncsics András