

A mikrobavilág molekuláris szemlélete

Deák Tibor

ÖSSZEFOGLALÓ

A MIKROORGANIZMUSOK KÜLÖNLEGES HELYET FOGLALNAK EL AZ EMBEREKNEK AZ ÉLŐVILÁGRÓL ALKOTOTT KÉPZELETÉBEN. LEGTÖBBJÜK VAJMI KEVÉS FIGYELMET FORDÍT RÁJUK ÉS A NAGYKÖZÖNSÉG ÉRDEKLŐDÉSÉT LEGFELJEBB CSAK A BETEGSÉGET VAGY ROMLÁST OKOZÓ SZEREPÜK KELTI FEL. ILYENKOR IS ALIG TESZNEK KÜLÖNBŐSÉGET, VAGY ÉPPENSÉGGEL ÖSSZEKEVERIK, HOGY VÍRUSRÓL VAGY BAKTÉRIUMRÓL, ESETLEG PENÉSZGOMBÁRÓL VAN-E SZÓ. AZ IPARI SZAKEMBEREK IS TÖBBNYIRE CSAK A KORÁBBAN TANULT KEVÉSKE ISMERETÜKRE HAGYATKOZNAK ÉS MINDENNAPI TEVÉKENYSÉGÜKBEN A GAZDASÁGI SZEMPONTOK ELSŐDLEGESSÉGÉVEL TÖRŐDNEK. EKÖZBEN ALIGHA GONDOLNAK ARRA, HOGY KÖVÉSSÉK AZOKAT AZ ESEMÉNYEKET, AMELYEK PEDIG ALAPJAIBAN MEGVÁLTOZTATTÁK A BIOLÓGIA-SZEMLÉLETET, AMIBEN DÖNTŐ SZEREP JUTOTT A MIKROBIOLÓGIAI FEJLEMÉNYEKNEK.

INHALT

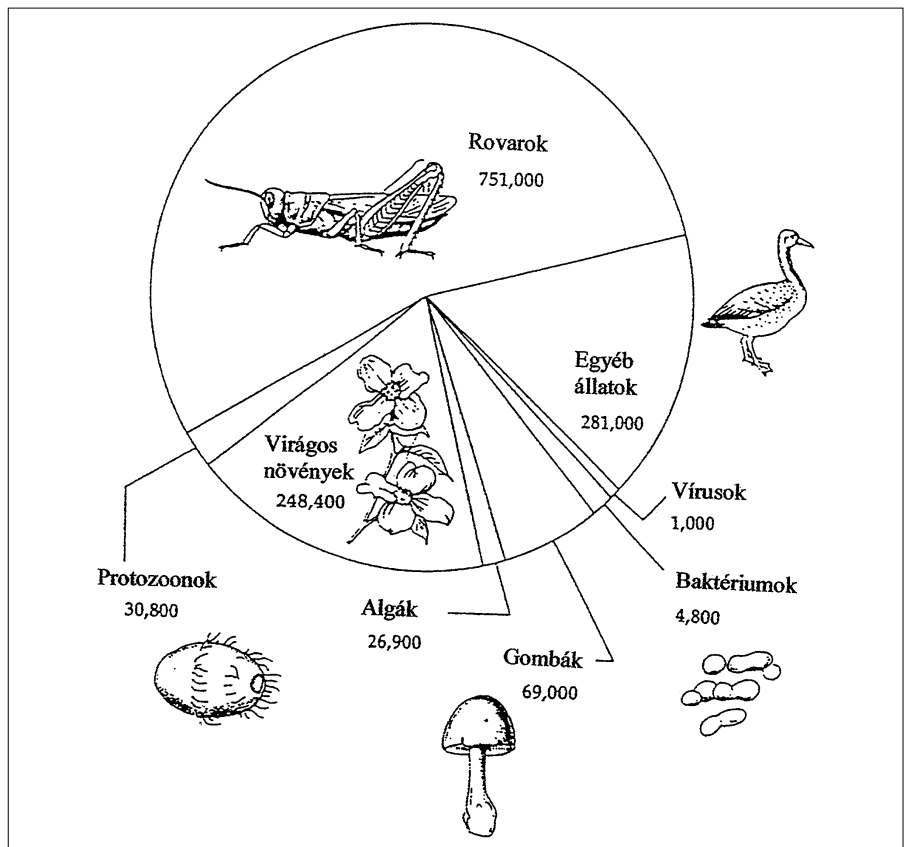
DIE MIKROORGANISMEN BESITZEN EINE SPEZIELLE STELLE IN DER VORSTELLUNG DER MENSCHEN VON DER BELEBTEN WELT. DIE MEISTEN LEUTE SCHENKEN NUR WENIG AUFMERKSAMKEIT DEN MIKROORGANISMEN UND DIESE AUFMERKSAMKEIT WURDE NUR VON DER KRANKHEITSERREGENDEN ROLLE DER MIKROORGANISMEN ERREGT. AUCH IN DIESEM FALL MACHEN DIE LEUTE KAUM ETWAS UNTERSCHIED ODER SIE VERMENGEN, OB ES SICH UM EINEN VIRUS, EIN BAKTERIUM ODER UM

EINEN SCHIMMELPILZ HANDELT. AUCH DIE EXPERTEN DER INDUSTRIE VERLASSEN SICH NUR AUF IHRE SCHULKENNTNISSE UND SIE KÜMMERN SICH NUR UM DIE PRIORITÄT DER WIRTSCHAFTLICHEN ASPEKTE. INZWISCHEN MACHEN SIE SICH KEINE GEDANKEN DARÜBER, DASS SIE DIEJENIGEN EREIGNISSE, DIE DIE BETRACHTUNGSWEISE BEZÜGLICH BIOLOGIE FUNDAMENTAL GEÄNDERT HABEN, FOLGEN SOLLEN. DARIN HAT DIE ENTWICKLUNG DER MIKROBIOLOGIE EINE BEDEUTENDE ROLLE GESPIELT.

SUMMARY

MICROORGANISMS HAVE A SPECIAL PLACE IN THE FANTASY OF PEOPLE REFERRING TO BIOLOGY. MANY OF THEM PAY ONLY LITTLE ATTENTION TO IT. ONLY THEIR ROLE ENTAILING AND CAUSING DISEASES AND DETERIORATION ATTRACTS THE ATTENTION OF THE PUBLIC AND EVEN IN THAT CASE PEOPLE CAN HARDLY MAKE ANY DIFFERENCE, OR SOMETIMES THEY ARE CONFUSED, WHETHER IT IS ABOUT A VIRUS, BACTERIA OR PERHAPS AN ASPERGILLUS. EVEN THE EXPERTS OF THE INDUSTRY CAN MOSTLY RELY UPON THEIR LITTLE KNOWLEDGE COLLECTED PREVIOUSLY AND IN THEIR EVERYDAY ACTIVITY THEY ONLY CARE ABOUT THE PRIORITY OF ECONOMIC ASPECTS. DURING THIS THEY HARDLY PAY ANY ATTENTION TO FOLLOWING THE EVENTS THAT HAVE FUNDAMENTALLY CHANGED THE METHOD OF ASPECT TO BIOLOGY IN WHICH THE DEVELOPMENTS IN MICROBIOLOGY HAD A DECISIVE ROLE.

Nem túlzás kijelenteni, hogy az utóbbi 30 év alatt szinte forradalom játszódott le a mikrobiológiában. Jóllehet ez még kevésbé ismert, még kevésbé értékelt, következményei mégis új távlatokat és lehetőségeket nyitnak az orvostudományban, a mezőgazdaságban és az élelmiszeriparban is. Az új, elsősorban molekuláris biológiai módszerek és eljárások mindenekelőtt feltárták, hogy a földi életformák túlnyomó része a mikrodimenziókban teljeseedik ki. A vírusok, baktériumok, gombák, algák, protozoonok sokfélesége messze felülmúlja a makroorganizmusok, a növény- és állatvilág mégoly gazdag és sokkal jobban ismert változatosságát. A szabad szemmel látható élőlények faji gazdagságának közel háromnegyed részét az ízeltlábúak, köztük főként a rovarok teszik ki (1. ábra). Ha azonban megvizsgáljuk ezek egyetlen egyedét, rajta és benne a mikrobafajok szárait és ezreit találjuk. Egy morzsányi talaj is a mikrobák millióit tartalmazza. Mindezek jó része, talán többsége, még ismeretlen a tudomány előtt. A mintegy félmilliónyi rovarfajjal szemben csak 5000 körüli baktériumfélélet írtak le eddig. Az új, még felfedezésre, megismerésre váró mikroorganizmusokban a genetikai sokoldalúság és anyagcsere-képesség gazdag tárháza rejlik. Ennek feltárása messze ható pozitív következményekkel fog járni, és kihat a gyakorlati élet számos területére, mint amilyenek a mezőgazdasági termelés fokozása, az élelmiszerek megőrzése, azok biztonságának és minőségének javítása, új, hatékony gyógyszerek előállítása, a hulladékok újrahasznosítása, a környezetkárosító szennyezések ártalmatlanítása.



1. ábra. A biodiversitás megoszlása a főbb élőlénycsoportok fajszáma szerint

Molekuláris biológiai módszerek

A mikrobiológiában lejátszódó robbanás-szerű fejlődés mozgató rugói azok a molekuláris biológiai módszerek, amelyek segítségével feltárul a mikroorganizmusok rendkívüli sokfélesége, anyagcsere-

és élettani képességének változatossága, faji gazdagsága, összefoglalóan biodiversitása. Ezek a módszerek nemcsak egyszerűen a mikrobavilág fajainak feltérképezésére, leltározására adnak lehetőséget, hanem a fajok közti fejlődéstörténeti kapcsolatok, evolúciós folyamatok vizs-

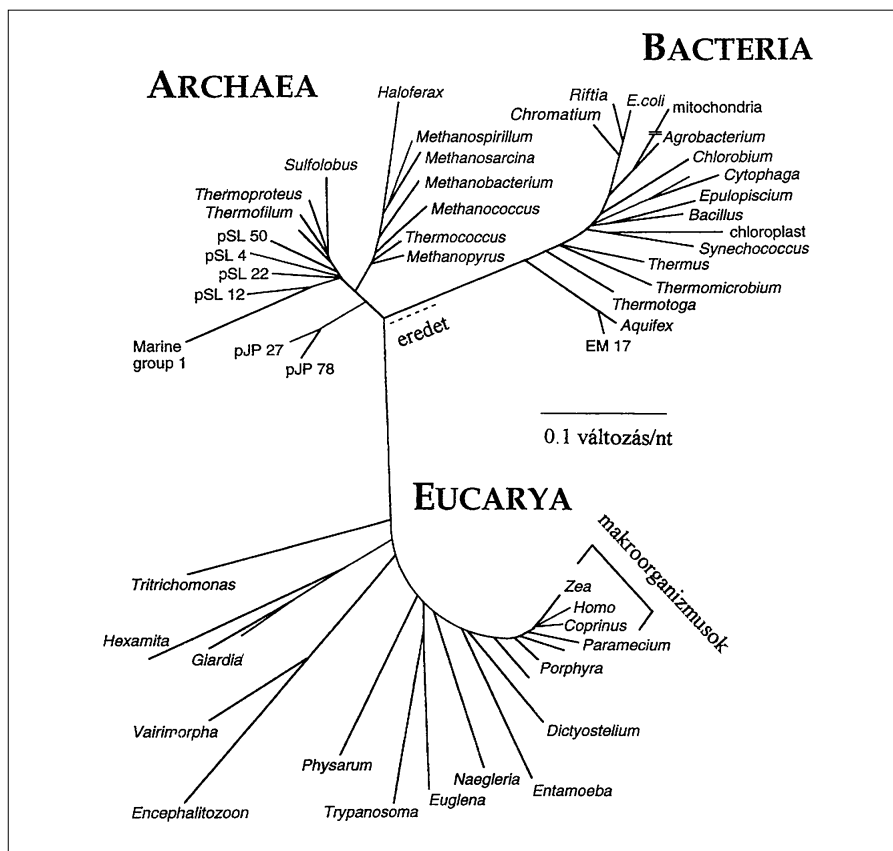
gálatára is, az ún. molekuláris filogenezis megismerésére.

A molekuláris filogenezis egyik általánosan használt vizsgálati módszere a sejtekből kivont genetikai anyagnak, a dezoxiribonukleinsavnak (DNS) az összehasonlítása. Két szervezet annál közelebbi rokonságban áll, minél nagyobb a DNS-ek hasonlósága (homológiája). Ez az összehasonlítás a DNS-t alkotó nukleotidok sorrendjének (szekvenciájának) ismerete nélkül lehetséges, de nyilvánvalóan még valósabb képet kapunk, ha ezek szekvenciáját pontosan megismerjük. A DNS-t alkotó nukleotidok száma sok millió, mégis, ma már több száz szervezet teljes genetikai anyagának (genomjának) szekvenciáját feltárták. Filogenetikai vizsgálatokhoz általában elegendő a DNS egy-egy részletének nukleotidsorrendjét ismerni. Erre a célra a riboszómákban található nukleinsavak bizonyultak legalkalmasabbnak.

A riboszómák minden sejté nyilvánvalóan nélkülözhetetlen részei, a fehérjeszintézis színhelyei. A riboszómákban a DNS nukleotid-sorrendjében tárolt genetikai információ a ribonukleinsav (RNS) különböző formáinak közvetítésével a fehérjék aminosav-sorrendjére fordítódik le. A fehérjékben, mint sejtalkotókban és enzimekben testesülnek meg az élőlények tulajdonságai. Maguk a riboszómák is fehérjékből és ribonukleinsavakból állnak, két alapegységet alkotva. A bennük előforduló riboszóma-ribonukleinsavak (rRNS) összetétele, szekvenciája, az egyes fajokra jellemző, stabil és konzervatív, változatlanul megőrződő tulajdonság. A riboszóma kis alegységében található ribonukleinsav (illetve az azt meghatározó gén, az rDNS) olyan hosszúságú, hogy a nukleotidsorrend információtartalma nagy, de a szekvencia még viszonylag könnyen meghatározható. Baktériumoknál ezt 16S rRNS-nek jelölik. A nukleotid-szekvencia hasonlósága a fajok rokonságát, különbsége pedig a fajok leszármazását, filogenetikai kapcsolatait tükrözi. Így vált az rRNS (illetve az rDNS) szekvencia-elemzésének módszere a molekuláris filogenezis egyik legfontosabb eszközévé.

Molekuláris filogenezis

A nukleinsavszekvencia-vizsgálatok előtti időben nem volt olyan eszköz a kutatók kezében, ami az élőlényeket összekötő leszármazási viszonyokra rávilágított volna, az egyetemes evolúciós törzsfa elágazásait megmutathatta. Jelentős felismerések mégis születtek. Ilyen volt a sejtek két alaptípusának, a prokariota és



2. ábra. Az élővilág három birodalmának törzsfája a riboszóma kis alegység ribonukleinsavának szekvenciái alapján
A természetekben ismert szervezetek nevein kívül a betű és számjelzések a természeti mintákból izolált nukleinsavmintákat jelölik

az eukariota sejtnek a megismerése (ebből következően a vírusok, mint nem sejt szervezetek meghatározása). Robert Whittaker, 1969-ben, a molekuláris vizsgálatok kialakulásának kezdetén, tette közzé az élőlények öt országáról alkotott elképzelését, amely bizonyos mértékig utalt a nagy élőlénycsoportok fejlődéstörténeti kapcsolataira is. A fejlődés alapját a prokariota sejtű baktériumok (Monera) képezik, ezekből alakultak ki az eukariota élőlények országai, a protozoonok és algák együttese (Protisztá), a gombák (Fungi), valamint a növények (Plantae) és az állatok (Animalia). Ennek az elképzelésnek jelentős érdeme volt, hogy a gombákat az élők külön országának tekintette, ugyanakkor azonban az élővilág biodiverzitását, hagyományosan, az eukariota sejtű lények négy főcsoportjában látta.

A módszertani áttörést azok a vizsgálatok hozták, amelyeket Carl Woese és munkatársai az Illinois Egyetemen kezdtek meg, az 1970-es években. Ők az rRNS-ek részleges szekvenciáit hasonlították össze (az akkori lehetőségek azt tették lehetővé, hogy a riboszóma kis alegységében található, több mint ezer

nukleotidból álló rRNS molekulákat enzimesen előbb rövid, 6–8 tagú oligonukleotidokra hasították, majd ezek nukleotid-sorrendjét határozták meg). Az rRNS egyetemes előfordulása alapján valamennyi megvizsgált élőlénytípust össze tudtak hasonlítani, és így felrajzolták az élővilág egyetemes törzsfáját. Vizsgálataik arra a váratlan felismerésre vezettek, hogy az élővilágban három nagy birodalom különböztethető meg: az eukarioták (Eucarya), a baktériumok (Bacteria, eredetileg valódi baktériumoknak, Eubacteria, nevezték őket), valamint az ősbaktériumok (Archaea, eredetileg Archaeobacteria), amint azt egy későbbi ábrázolásban a 2. ábra mutatja. A rRNS oligonukleotidok részleges szekvenciáit más biokémiai, sejt szerkezeti és genetikai jegekkel összevetve kitént, hogy a prokarioták közt elkülöníthető két csoport egymástól éppannyira különbözik, mint bármelyikük az eukariotáktól. Ez a forradalmi elképzelés nagy vitákra készítette a tudósvilágot, ugyanakkor óriási lendületet adott a további molekuláris vizsgálatoknak. A módszertani fejlődés lehetővé tette, hogy a kis alegység rRNS-ének teljes szekvenciáit meghatározzák (maig

már sok ezer szervezetét ismert). Bár a vita több kérdésben, főként az egyetemes törzsfá gyökerének, vagyis az élet eredetének meghatározásában mindmáig tart, az élővilág három birodalmának elképzelését egyre általánosabban elfogadják. Mind az rRNS, mind a különböző fehérjékre alapozott filogenetikai törzsfákban egyértelműen kitűnik, mint az a 2. ábrán is látható, hogy az élővilágban mutatózó változatosság és sokféleség nem a törzsfá csúcsára helyezett „magasabbrendű” szervezetek csoportjaira (növények, gombák, állatok) korlátozódik, hanem döntő részben a mikroorganizmusok körében nyilvánul meg. A mikrobiobiodiverzitás feltárása napjaink biológiájának egyik legizgalmasabb területe, ami messzeható távlatokat nyújt a bioszféra átfogó tanulmányozásához, az egyes élőlényformákon túl az életközösségek és társulások, az ökoszisztémák jobb megismeréséhez is.

Molekuláris taxonómia

A messzire vezető hatásokon túl a molekuláris vizsgálatok egyik közvetlen következménye volt a rendszertan megújulása is. A valahai száraz tudomány, a magukba zárkozó tudósok időtöltése, egyszerűen étellel és jelentőséggel telt meg,

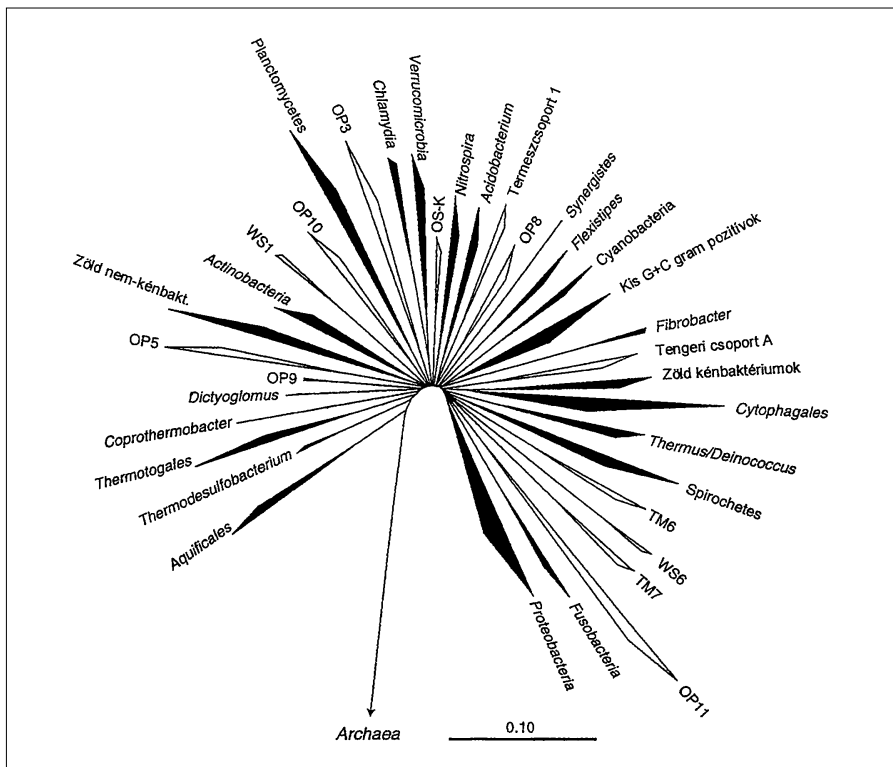
és gyakorlati eredményeket hozott az újabb és újabb fajok megismerésével, a meghatározási, azonosítási módszerek biztonságosabbá válásával.

Míg 20 évvel ezelőtt a baktériumok közt csak 12 nagy csoportot (tagozatot) különböztettek meg, és ezekbe mind tenyészetekben vizsgálható, ismert élettani tulajdonságú fajok tartoztak, a tagozatok száma 1997-re már 32-re nőtt, és ezek egyharmadát csak a nukleinsavszekvenciák lényeges különbségei alapján különböztették el, de képviselőik nem voltak tenyészthetők (3. ábra). 2004-ben már 80 tagozatot ismertek fel és ezek többségét (54-et) csak a nukleinsavszekvenciák jellemeztek, míg a tenyészthető fajokat tartalmazó tagozatok száma 26-ra nőtt. Lényeges, hogy ezeket a különböző szekvenciákat a környezetből vett, természetes ökoszisztémákból származó mintákban mutatták ki. Bár számos erőfeszítés történik e vonalak képviselőinek tenyészetekben történő megismerésére is, a molekuláris különbségek rávilágítanak a természetben rejlő mikrobiobiodiverzitás és kihasználatlan biológiai erőforrás hatalmas méreteire.

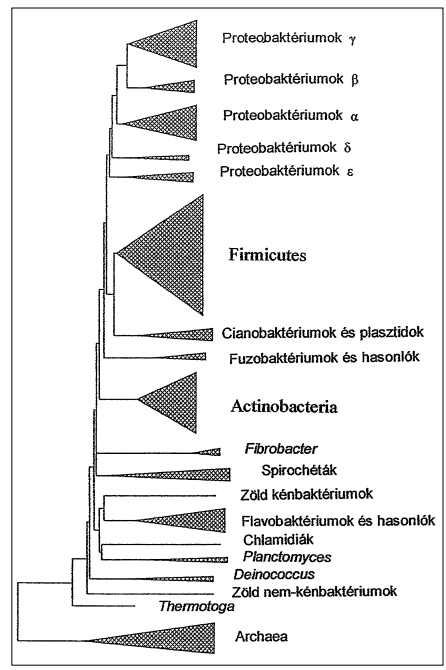
Máig a leírt baktérium-nemzetségek száma meghaladja az ezret, a fajoké pedig több mint 5500. A nagyszámú tagozat létjogosultságát a szekvencia-különbsé-

gek indokolják ugyan, mégis többségük csak egy vagy néhány nemzetséget, sőt olykor azok egyetlen fajtát tartalmazza. A főbb tagozatokat és azok filogenetikai kapcsolatait a 4. ábra mutatja be. A négy legnagyobb tagozatba tartozik a nemzetségek 90%-a. Ezeket a Proteobacteria, Firmicutes, Actinobacteria, Flavobacteria és rokonaik nevekkkel illetik, és közülük tartozik azoknak a baktériumoknak a többsége, amelyeket a mindennapok gyakorlatából mint kórokozók, romlást okozók, vagy éppen hasznosított, a gyógyszerek, élelmiszerek termelésére, lebontó folyamatok végzésére fogott fajokat ismerünk. Nyilvánvaló, hogy alaposan átalakult ezeknek a baktériumoknak a rendszere is. A továbbiakban csak ennek vázlatos áttekintésére szorítunk, majd egyetlen, széles gyakorlati jelentőségű csoportot, a tejsavbaktériumokat vesszük közelebről szemügyre.

A baktériumok osztályozásában és vizsgálatában hagyományosan nagy jelentősége van egy festési eljárásnak, amelyet még 1884-ben Christian Gram dán orvos dolgozott ki a kórokozó baktériumok kimutatására szövetekben, és csak jóval később derült ki, hogy a Gram-féle festés a baktériumok alapvető sejtfal szerkezetbeli különbségeit fedi fel. Ezért sokáig külön osztályozták a Gram-nega-



3. ábra. A baktériumok közt törzsszinten elkülöníthető filogenetikai csoportok a kis riboszóma alegység ribonukleinsav-szekvenciái alapján. A háromszögek szélessége arányos a vizsgált szekvenciák számával. A fekete háromszögek a tenyészetekben ismert törzseket, a fehér háromszögek a természetből izolált szekvenciákkal jellemzett filogenetikai vonalakat jelölik



4. ábra A baktériumok evolúciós törzsfájának egyszerűsített vázlata. Az ősbaktériumokon (Archaea) kívül csak 14 főcsoport szerepel, 1232 faj kis riboszóma alegység ribonukleinsav szekvenciája alapján. A háromszögek szélessége arányos a vizsgált szekvenciák számával.

tív és a Gram-pozitív sejtfalú, valamint a sejtfal nélküli baktériumokat. A molekuláris szempontok szerint ezek nem különülnek el mereven. Sok Gram-negatív sejtfalú csoport van, köztük a legszámosabbak a Proteobaktériumok, valamint a Flavobaktériumok és rokonaik, valamint ilyenek az anaerob fotoszintetikus baktériumok, a cianobaktériumok, a spirochéta és még több kisebb csoport. A Gram-pozitív sejtfalúak sem bizonyulnak egységesnek. Két csoportjukat korábban a DNS összetételében szereplő guanin és citozin 50%-nál kisebb illetve nagyobb aránya szerint különböztették meg; ezek ma megfelelnek a Firmicutes illetve az Actinobacteria osztályoknak. Érdekes módon, a molekuláris bélyegek szerint, a sejtfal nélküli mikoplazmák is az előbbiekhöz tartoznak.

Új szempontok a tejsavbaktériumok osztályozásában

A Gram-pozitív baktériumok Firmicutes osztályába, a szintén nagy gyakorlati jelentőségű, endospórás bacillusok és klosztridiumok társaságába tartoznak a spórátlan laktobacillusok vagy tejsavbaktériumok. Már Pasteur ideje óta ismert baktériumok, amelyek fontos szerepet játszanak az élelmiszerek fermentációjában, ártalmatlan, sőt hasznos lakói az emberi és állati szervezetnek, kis részük azonban kórokozó. Általános jellemvonásuk, hogy alapvetően anaerob szervezetek, energiatermelő anyagcseréjük kizárólag erjesztés, de elviselik az oxigén jelenlétét is (aerotoleránsok). Aerob oxidációra azonban képtelenek, mivel légzési enzimrendszerük nem teljes. Erre utal kataláz-negatív mivoltuk.

A tejsavbaktériumok csoportjának magját a *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Pediococcus* és *Streptococcus* nemzetségek alkotják. Az újabb, molekuláris filogenetikai osztályozás nem mindenben egyezik a hagyományos rendszertani csoportosításukkal (1. táblázat). A korábbi nemzetségekbe sorolt fajokból új nemzetségeket hoztak létre, amelyekhez újabb fajokat is leírtak. Ilyenek a *Carnobacterium* (korábban atípusos *Lactobacillus* fajok), az *Enterococcus*, *Lactococcus* és *Vagococcus* (korábban *Streptococcus*), az *Oenococcus* (korábban *Leuconostoc*), a *Tetragenococcus* (korábban *Pediococcus*), és a *Weissella* (korábban *Leuconostoc* és *Lactobacillus*). Ezekhez sok új nemzetséget is leírtak, többségüket csak egy vagy néhány faj képviseli (pl. *Abiotrophia*, *Helcococcus*, *Desemzia*, *Melissococcus* és mások). Jó részü-

1. táblázat
A tejsavbaktériumok rendszerezésének áttekintése a családok és nemzetségek szintjén, a baktériumok rendszertani kézikönyvének legutóbbi kiadása (2001) szerint. Zárójelben a nemzetségekhez tartozó fajok száma.

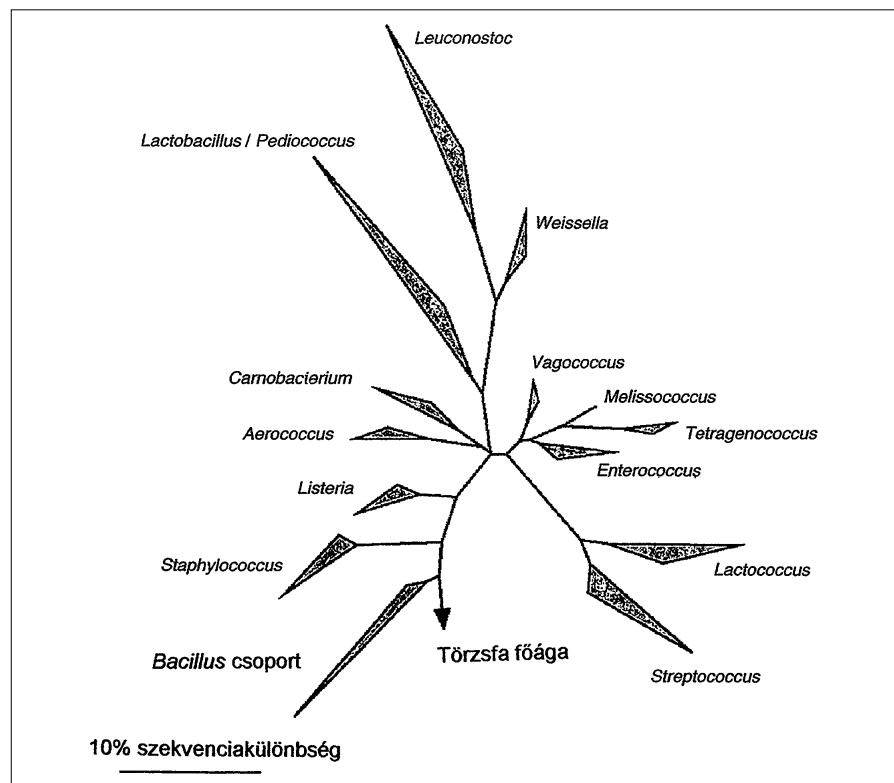
1. <i>Lactobacillaceae</i> <i>Lactobacillus</i> (80) <i>Pediococcus</i> (6)	<i>Desemzia</i> (1) <i>Dolosigranulum</i> (1) <i>Trichococcus</i> (3)
2. <i>Aerococcaceae</i> <i>Aerococcus</i> (5) <i>Abiotrophia</i> (1) <i>Dolosicoccus</i> (1) <i>Granulicatella</i> (3) <i>Helcococcus</i> (1) <i>Alloicoccus</i> (1) <i>Eremococcus</i> (1) <i>Facklamia</i> (5) <i>Globicatella</i> (2) <i>Ignavigranum</i> (1)	4. <i>Enterococcaceae</i> <i>Enterococcus</i> (30) <i>Melissococcus</i> (1) <i>Tetragenococcus</i> (2) <i>Vagococcus</i> (5) 5. <i>Leuconostocaceae</i> <i>Leuconostoc</i> (10) <i>Oenococcus</i> (1) <i>Weissella</i> (8)
3. <i>Carnobacteriaceae</i> <i>Carnobacterium</i> (8) <i>Agitococcus</i> (1) <i>Alloicoccus</i> (1)	6. <i>Streptococcaceae</i> <i>Streptococcus</i> (60) <i>Lactococcus</i> (5)

ket emberi és állati mintákból, kóros klinikai anyagokból izolálták; ezekkel a tovaábbiakban nem foglalkozunk.

Érdeemes viszont említést tenni néhány olyan nemzetségről, amelyek a tejsavbaktériumokkal közeli rokonságot mutatnak, velük gyakran közös élőhelyeken, így pl. élelmiszerekben fordulnak elő, mégis a filogenetikai távolság miatt

más rendszertani csoportokba kerülnek, a *Bacillus* vagy a *Clostridium* nemzetségek társaságába. Ilyenek a *Listeria*, a *Brochothrix*, a *Gemella*, illetve az anaerob *Peptococcus*, *Ruminococcus*, *Bifidobacterium* és mások. A szűkebb értelemben vett tejsavbaktériumok fő képviselőinek filogenetikai kapcsolatait az 5. ábra mutatja.

A molekuláris szempontok szerint alkotott nemzetségeket csak részben jellemzik közös alakitani és élettani bélyegek, amelyeket a tejsavbaktériumok osztályozásánál hagyományosan figyelembe vettek. Ezeket a 2. táblázat foglalja össze. Mint látható, pálcacsalákú sejtek csak a *Lactobacillus* és a *Carnobacterium* nemzetségbe tartoznak, a többi mind kokkusalakú; egy részük láncokban (*Streptococcus*), vagy négyes alakzatokban (*Pediococcus*, *Tetragenococcus*). A tejsavas erjedés módja lényeges jellemző. A heterofermentatív változattal járó szén-dioxid gázfejlődés jellemzi a *Leuconostoc*, *Oenococcus* és *Weissella* nemzetségeket, míg a *Lactobacillus* fajok közt az erjedés különböző módozatai találhatóak. Az optikai forgatóképesség szerint D-konfigurációjú tejsavat képeznek a *Leuconostoc* és a *Weissella* fajok, DL tejsavat a *Pediococcus* és a *Weissella*, a *Lactobacillus*-ok közt mindhárom változat (D, L, DL) lehetséges, míg a többi



5. ábra
A tejsavbaktérium-család főbb nemzetségeinek filogenetikai törzsfája a kis riboszóma alegység nukleinsav szekvenciái alapján

2. táblázat

Tejsavbaktérium nemzetségekre jellemző alaki és élettani tulajdonságok

Nemzetség	Alak	CO ₂ képzés	Tejsav típus	Szaporodás				
				10 °C	45 °C	6,5% NaCl	pH 4,4	pH 9,6
<i>Lactobacillus</i>	pálca	±	D,L,DL	±	±	±	±	–
<i>Carnobacterium</i>	pálca	–	L	+	–	±	–	–
<i>Enterococcus</i>	kokkus	–	L	+	+	+	+	+
<i>Lactococcus</i> ¹	kokkus	–	L	+	–	–	±	–
<i>Leuconostoc</i> ²	kokkus	+	D	±	–	±	±	–
<i>Pediococcus</i>	tetrád	–	L,DL	+	±	±	+	–
<i>Streptococcus</i>	lánc	–	L	–	±	–	–	–
<i>Tetragenococcus</i>	tetrád	–	L	+	–	+	–	+
<i>Weissella</i>	kokkus	+	D, DL	+	–	±	±	–

¹Vagococcus is; ²Oenococcus is

3. táblázat

A *Lactobacillus* fajok filogenetikai csoportjai és erjesztési módozatai

Filogenetikai csoport	Egyéb faj (példa)	Erjesztési mód szerinti fajok száma		
		Homo	Fakultatív	Hetero.
<i>Lb. buchneri</i>	fructivorans, hilgardii, lindneri	0	1	11
<i>Lb. casei</i>	rhamnosus, sharpeae, paracasei	3	4	0
<i>Lb. delbrueckii</i>	acidophilus, crispatus, helveticus	14	5	0
<i>Lb. plantarum</i>	alimentarius, farcinis, pentosus	1	7	2
<i>Lb. reuteri</i>	fermentum, vaginalis	0	0	12
<i>Lb. sakei</i>	curvatus, graminis	0	4	0
<i>Lb. salivarius</i>	mali, murinus, agilis	7	5	0
<i>Lb. coryniformis</i>	brevis, bifermentans	0	3	1

nemzetség fajai L-tejsavat termelnek. A szaporodási körülmények közül a hőmérséklet, a pH és a sókoncentráció szolgál a nemzetségek hagyományos megkülönböztetésére. 10 °C-on nem szaporodnak a *Streptococcus*-ok, míg 45 °C-on a *Carnobacterium*, *Lactococcus* és *Leuconostoc* fajok. Nem szaporodnak 6,5%-os sókoncentrációnál a *Streptococcus* és a *Lactococcus* nemzetségek tagjai, míg a *Tetragenococcus* elvisel még 18%-ot is. Csak a *Streptococcus*-ok nem tudnak szaporodni 4,4 pH-nál, viszont az *Enterococcus* és a *Tetragenococcus* nemzetségek fajai szaporodnak 9,6-os pH értékenél.

Lactobacillus nemzetség

A tejsavbaktériumok legnagyobb fajszerű nemzetsége. A 2004. végéig leírt fajok száma 80, hét faj esetében 15 alfajjal. A fajok száma az utóbbi tíz évben 26 fajjal gyarapodott. Nyilvánvaló, hogy ez a nagy fajszerű nemzetség nem homogén, mind az élettani, mind a molekuláris tulajdonságok alapján több csoportra különöztethető meg. Az erre vonatkozó javaslatok ellenére a nemzetség formális

különböztetnek meg, ezeket egy-egy jellemző fajról nevezték el (3. táblázat). A táblázat feltünteti az erjedési módot is; mint látható, csak két filogenetikai csoportba tartoznak tisztán egyféle erjedési módozatot folytató fajok.

Carnobacterium nemzetség

1987-ben választották le a *Lactobacillus* nemzetségtől, több különbség alapján; azoktól eltérően a *Carnobacterium*-ok jellegzetesen nem savtűrők, nem szaporodnak 5,4 pH alatt. Hét faj tartozik ide, egyikük halakra patogén, többségük hűtött húskészítményekből, baromfi-húsról kerül elő.

Pediococcus nemzetség

Jellegzetes kettős és négyes kokkusalakzatai miatt alakilag különbözik mind a pálcáalakú *Lactobacillus*-októl és *Carnobacterium*-októl, mind pedig a gyakran láncokat formáló, megnyúlt kokkusalakú *Leuconostoc* és rokon nemzetségektől. Filogenetikailag azonban a *Lactobacillus*-okkal szorosabb kapcsolatban, közelebbi viszonyban áll, mint az egyéb kokkusalakú tejsavbaktériumokkal (*Enterococcus*, *Lactococcus*, *Streptococcus*), amelyek viszont egymással alkotnak egy filogenetikai csoportot. A pediokokkusok fakultatív heterofermentációt végeznek, glükózból nem képeznek gázt. Hat jól jellemzett fajuk van, egy további, nem savtűrő, fakultatív anaerob faj filogenetikailag is távol áll ezektől, és *Tetragenococcus halophilus* néven külön nemzetségbe nyert besorolást. Filogenetikailag szintén távol áll nemcsak a pediokokkusoktól, hanem más tejsavbaktériumoktól is a mikroaerofil természetű *Aerococcus viridans*, amelynek szinonimjai közt szerepelnek a *Pediococcus homari* és a *Gaffkya homari* nevek.

Enterococcus nemzetség

Régóta ismert baktériumok, a streptokokkusok külön, ún. fekáli csoportját képezték. Három fajukra (*E. faecalis*, *E. faecium*, *E. hirae*) jellemző a környezeti tényezőkkel szembeni ellenálló képesség; az 1. táblázatban jelzettek (hőmérséklet, pH, sókoncentráció) kívül túlélnek 60 °C-os hőkezelést 30 percig. A nemzetség számos faja azonban nem mindenben tanúsítja ezeket a tulajdonságokat. Amikor 1984-ben az *Enterococcus* nemzetséget létrehozták, kilenc streptokokkus fajt soroltak át, és azóta hozzájuk számos új faj csatlakozott; ma a nemzetség mintegy 30 fajt számol.

Lactococcus és Vagococcus nemzetségek

A *Lactococcus* nemzetséget a korábbi N csoportbeli streptokokkusok, a *Vagococcus*-t pedig a mozgó streptokokkusok elkülönítésére hozták létre. A laktokokkusoknak öt faja ismert, élelmiszerekben mindegyik előfordul. A *Lc. lactis*-nak három alfaját különböztetik meg, közülük a Subsp. *lactis* és a Subsp. *cremoris* a tejben és tejtermékekben közönséges. Előbbi izolálták állati megbetegedésekből, így tőgygyulladásos tehénből is, az utóbbi viszont a tejipari szintenyészetekben oltókultúráként használatos. A fontos aromaképző oltótenyészet, a *Lc. lactis* var. *diacetylactis* csak változat rangján különül el. A *Lc. lactis*-hoz tartozó törzseket növényekről, zöldségfélékről is izolálták, hasonlóan a *Lc. plantarum*-hoz. A *Lc. garviae*, *Lc. raffinolactis* és a *Lc. piscium* a szarvasmarhák, illetve a halak opportunistákórokozója lehet, de az előbbieket tejtermékekből, az utóbbi húskészítményekből is előkerült.

A *Vagococcus* nemzetségben az ostorral mozgó streptokokkusokat különítették el. Az eredetileg ide sorolt két fajhoz az utóbbi években három újat csatoltak.

Leuconostoc, Oenococcus, Weisella nemzetségek

Alakjuk szerint kissé megnyúlt kokkusok, sőt néhány *Weisella* kifejezetten pálcacsalakú. A *Leuconostoc* nemzetségbe ma tíz fajt, míg az 1990-ben létrehozott *Weisella*-ba kilenc fajt sorolnak. Utóbbihoz került a korábbi *Leu. paramesenteroides* és öt korábbi atípusos *Lactobacillus*, valamint három új faj. 1995-ben sorolták külön nemzetségbe, egyetlen fajként az *Oenococcus oenos*-t, amely eredetileg szintén a *Leuconostoc* nemzetség-

be tartozott. Közös tulajdonságuk az obligát heterofermentatív tejsavas erjesztés, egyéb jellemvonásaiban a *Leuconostoc* és a *Weisella* fajok kevésbé különböznek. Hozzájuk képest az *Oenococcus* lényegesen szigorúbb környezeti feltételeket elvisel, mint a kis pH-t (4,8) és a nagy etanolkoncentrációt (10%), ami jellemző sajátos élőhelyére, a borokra.

Streptococcus nemzetség

A tejsavbaktériumok egyetlen nemzetsége, amely csaknem kizárólag az állati szervezethez alkalmazkodott fajokat ölel fel, köztük súlyos kórokozókat, mint az embert is veszélyeztető *S. pyogenes* és *S. pneumoniae*. Számos más faj házi- és vadállatok kórokozója. Sok nem patogén fajt, egyéb tulajdonságai alapján, más nemzetségekbe soroltak át, mint a *Lactococcus*, *Enterococcus*. A *Streptococcus* nemzetség fajainak száma meghaladja a 60-at. Ezeket hagyományosan egy-egy fajról elnevezett csoportokba sorolják, mint amilyenek a *mutans*, *salivarius*, *anginosus*, *mitis*, *bovis* és *pyogenes*. A kórokozók főleg az utóbbi négybe tartoznak, az emberi megbetegedést okozókon kívül jelentősek a háziállatok kórokozói (pl. a tehének tőgygyulladása), ezek az emberre közvetlenül vagy élelmiszerekkel áterjedhetnek. A szájüreg jórészt ártalmatlan lakói a *mutans* csoport tagjai, amelyeknek azonban szerepe van a fogszuvasodás kialakításában. Különleges kivételt képez a *salivarius* csoport egyik tagja, a *S. thermophilus*, amelyet a tejiparban oltótenyészetként alkalmaznak.

A tejsavbaktériumok élőhelyei és alkalmazásai

Bár ennek az áttekintésnek az elsődleges célja a molekuláris filogenezis okozta rendszertani változások bemutatása volt

a tejsavbaktériumok példáján, ráirányítva a figyelmet az ezzel járó új elnevezésekre is, e baktériumcsoport szoros kapcsolata mindennapi életünkkel és az élelmiszerekkel indokolja, hogy röviden utaljunk ezekre a vonatkozásokra is.

A tejsavbaktériumok természetes élőhelyei az emberi és állati szervezet, valamint a növényzet. Többségük az emberben és állatokban ártalmatlan együttélő, kommenzalista, kórokozók szinte csak a *Streptococcus* nemzetségre szorítkoznak. Több, a bélcsatornában élő fajnak az emésztést elősegítő szerepet tulajdonítanak és tenyésztéseiket probiotikumként forgalmazzák (pl. *Lb. acidophilus*). A háziállatokról a feldolgozás folyamán a hússokra, húskészítményekre sokféle tejsavbaktérium kerül. Ezek a termékek normális mikrobiotáját képezik, de alkalmas körülmények közt elszaporodva a romlás elsődleges okozóivá válnak (pl. *Leu. mesenteroides*, *C. divergens*, *W. viridescens*). Többüket viszont oltótenyészetekként hasznosítanak a húsiparban, a tejiparban (pl. *Lb. sakei*, *Lc. lactis*), a kenyérgyártásban (pl. *Lb. sanfrancisco*), sőt, a borászatban is (*O. oenos*). A növényzeten, a természet zöldség- és gyümölcsféléken is élő tejsavbaktériumok a siló, illetve a savanyúságok erjesztését végzik (pl. *Lb. plantarum*, *P. damnosus*). A példák sora hosszasan folytatható. Nincs a baktériumoknak még egy olyan csoportja, amely az emberrel olyan sokoldalú viszonyban állna, mint a tejsavbaktériumok. Ezért szükséges őket jobban megismerni, amelyhez rendszertanuk hasznos eszközként szolgál.

Szerző: Dr. Deák Tibor
egyetemi tanár
Budapesti Corvinus Egyetem
Élelmiszertudományi Kar
Mikrobiológia Tanszék

Hirdessen folyóiratunkban!

*

Put your ad in our periodical!

*

Werben sie in unserer zeitschrift!