

Badania skriningowe, z wykorzystaniem systemu Biolog FF i YT Plates® w zakresie uzdolnień katabolicznych mikrogrzybów wyizolowanych z kiszonek

The Biolog FF and YT Plates system as screening study on the catabolic abilities of fungi isolated from silage

Karolina Oszust, Magdalena Frac, Anna Siczek
Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk w Lublinie
ul. Doświadczalna 4, 20-290 Lublin
e-mail: k.oszust@ipan.lublin.pl, m.frac@ipan.lublin.pl

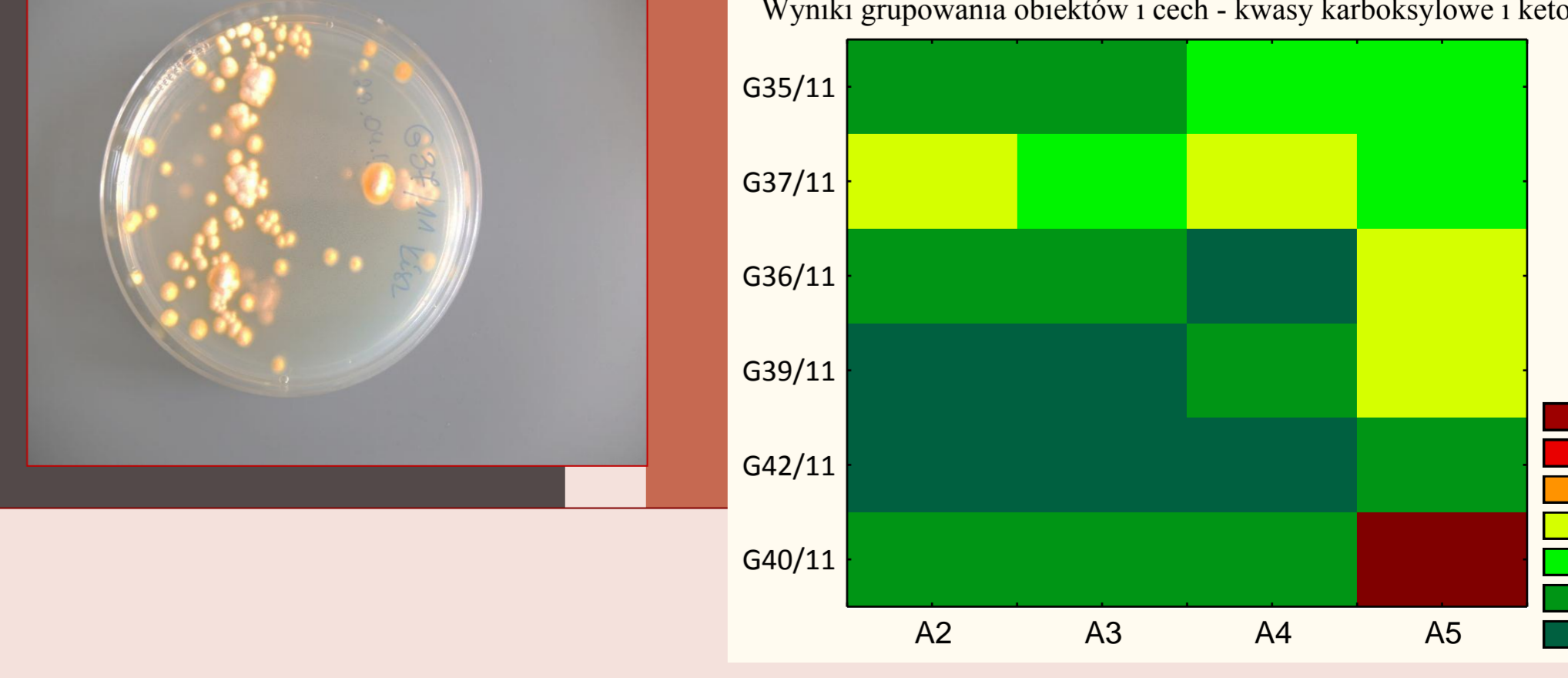
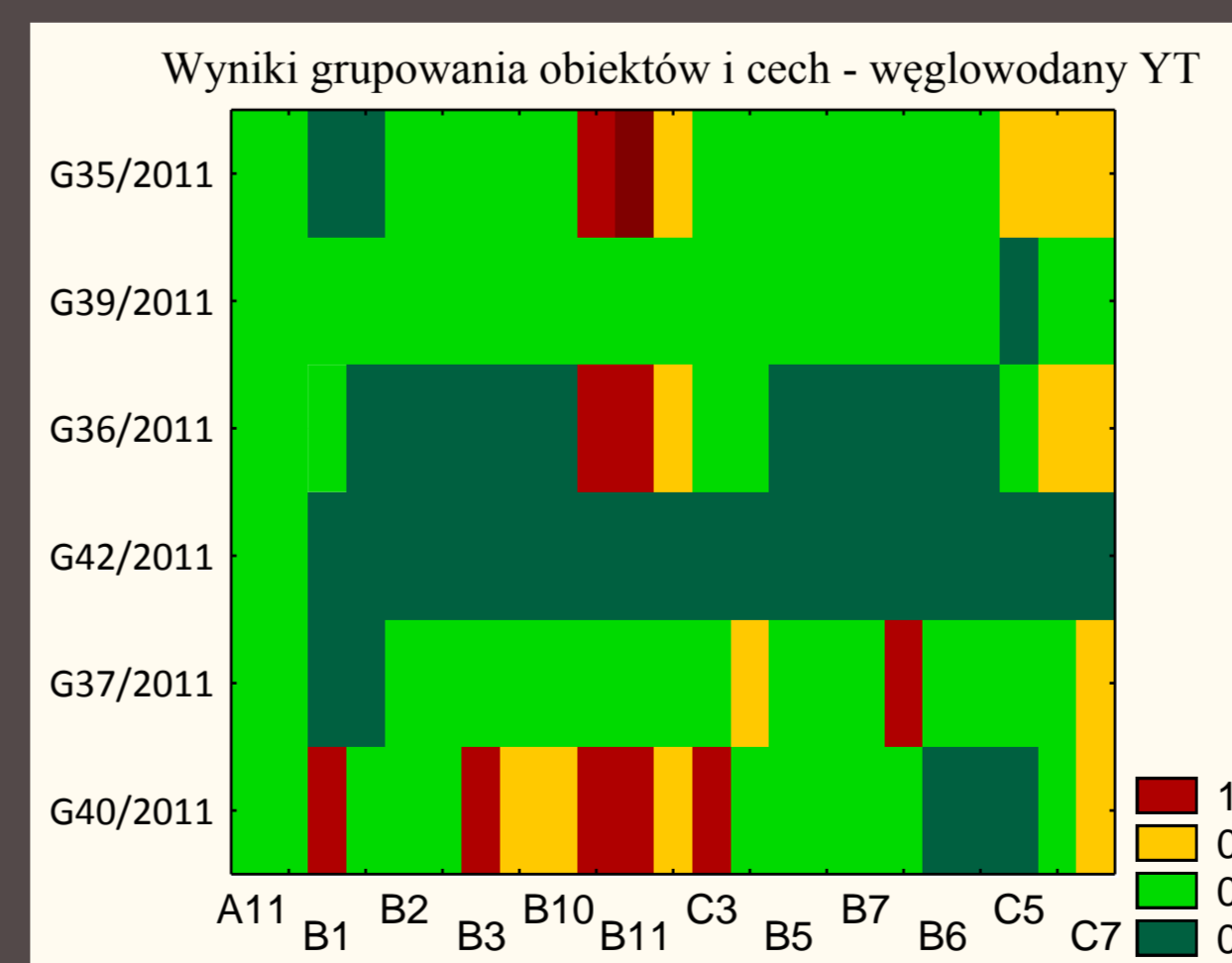
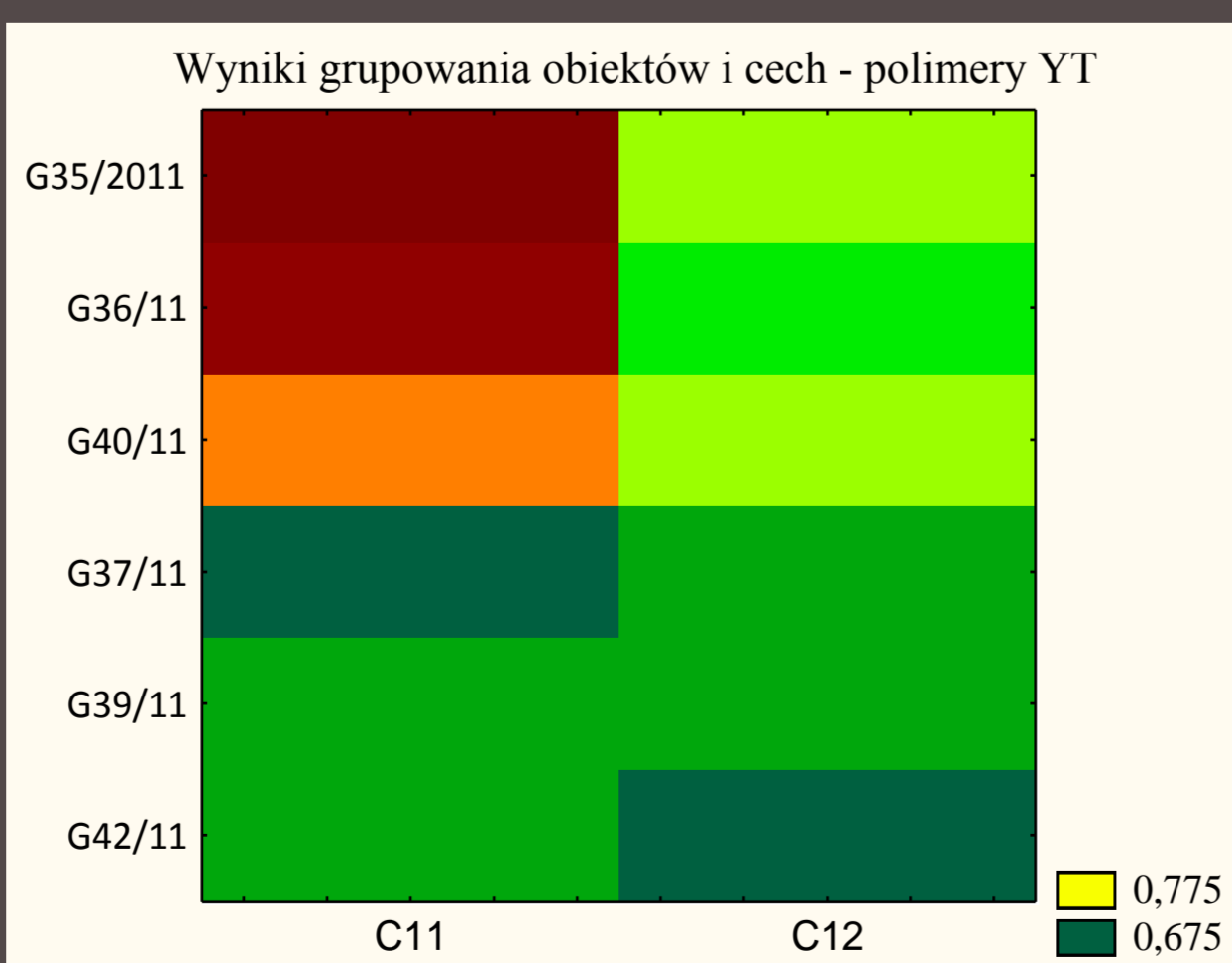
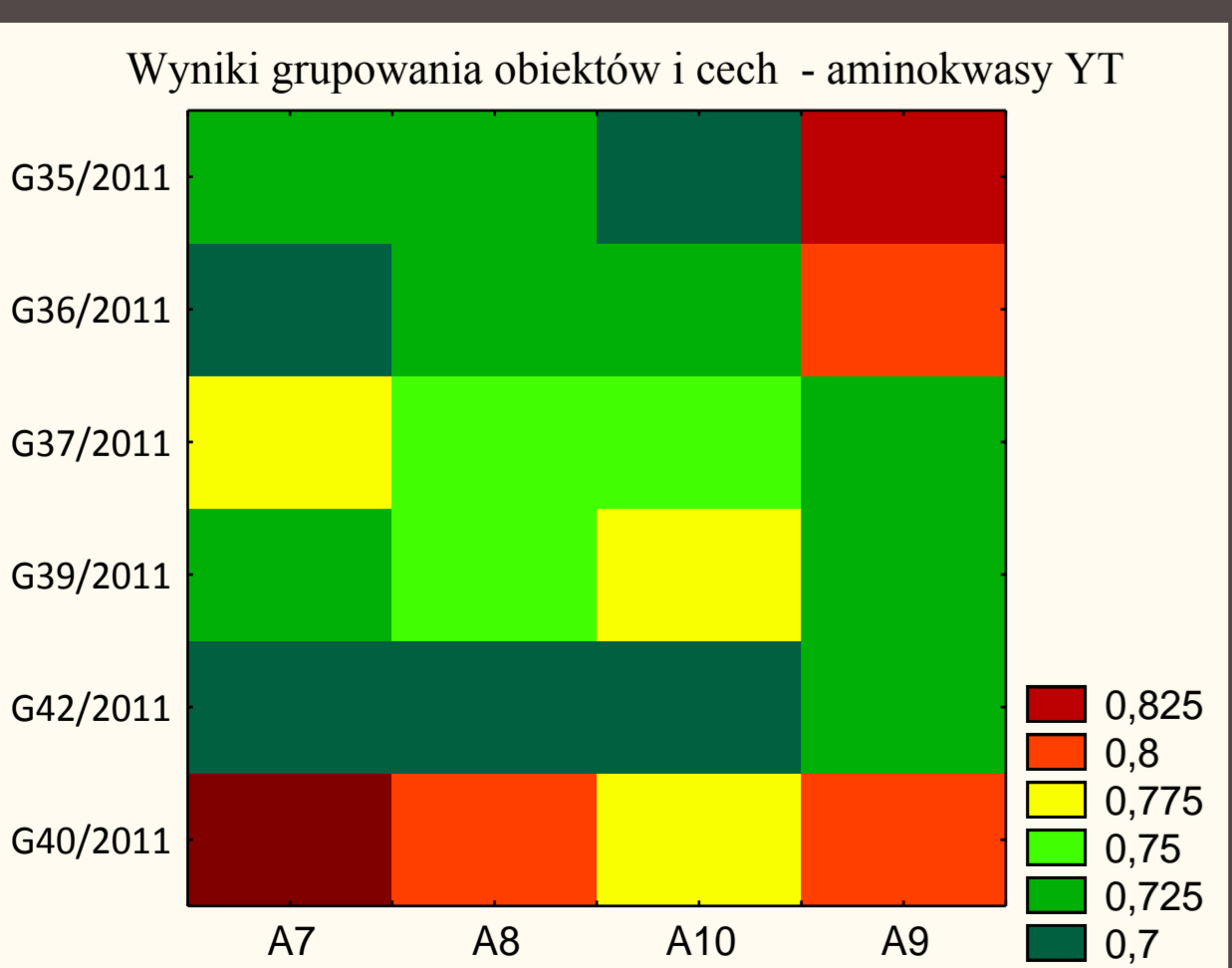
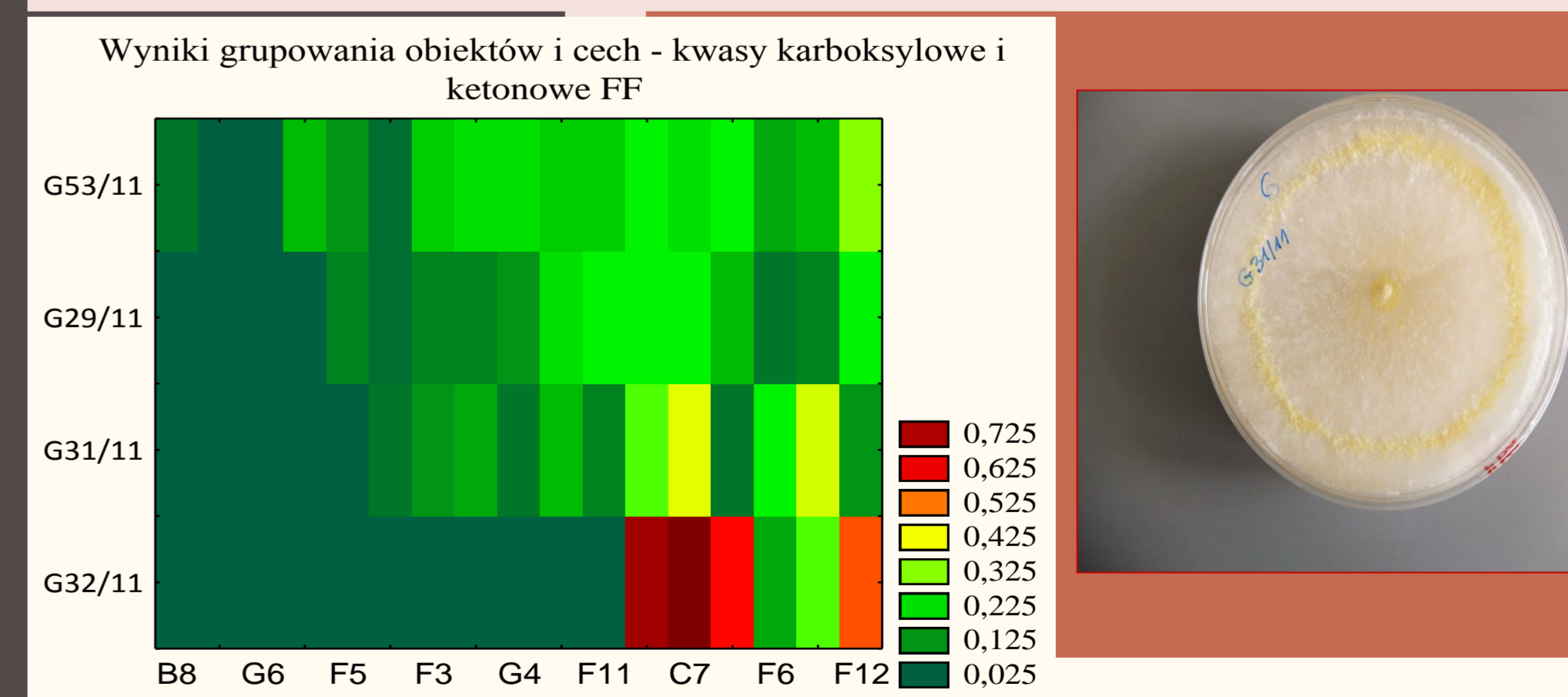
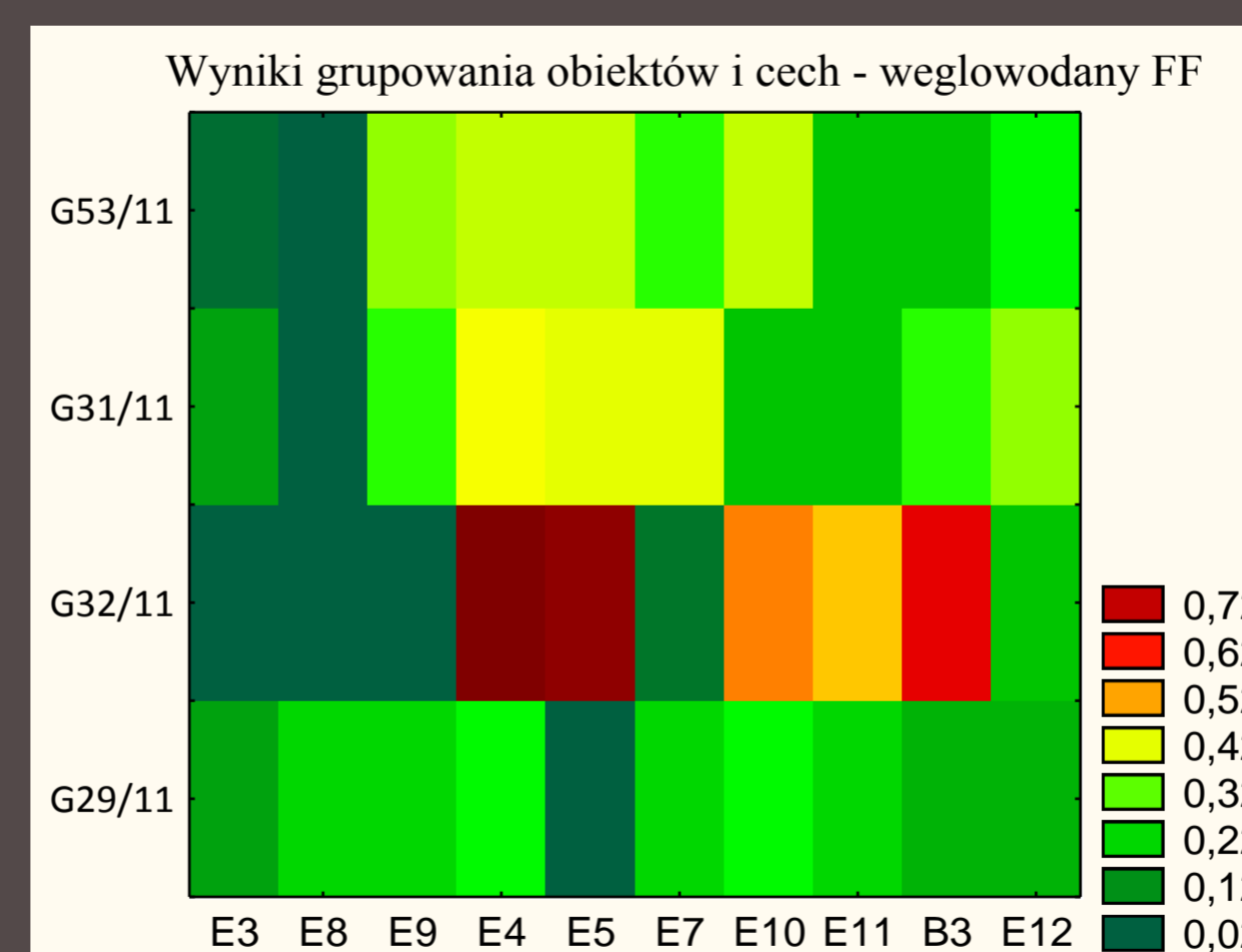
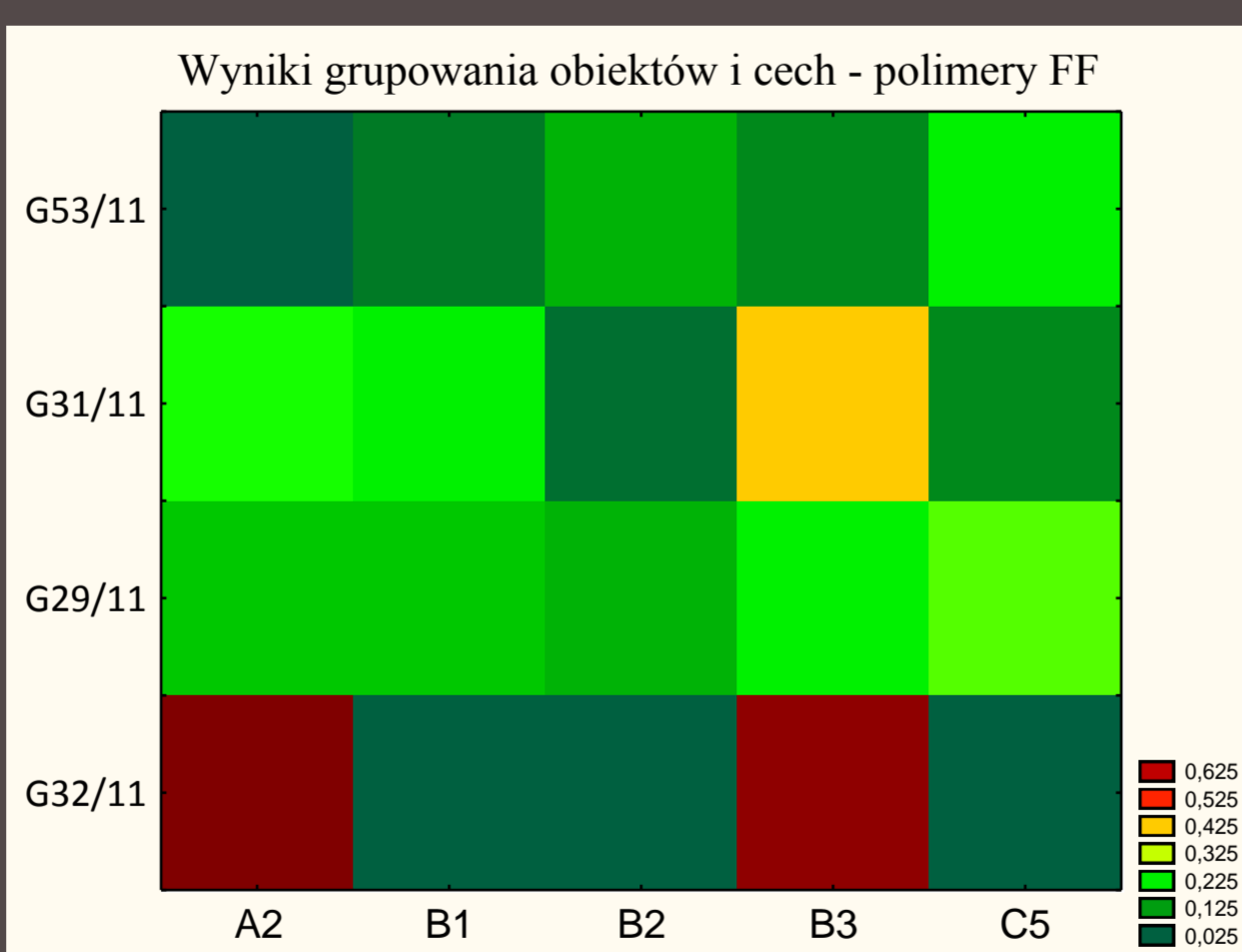
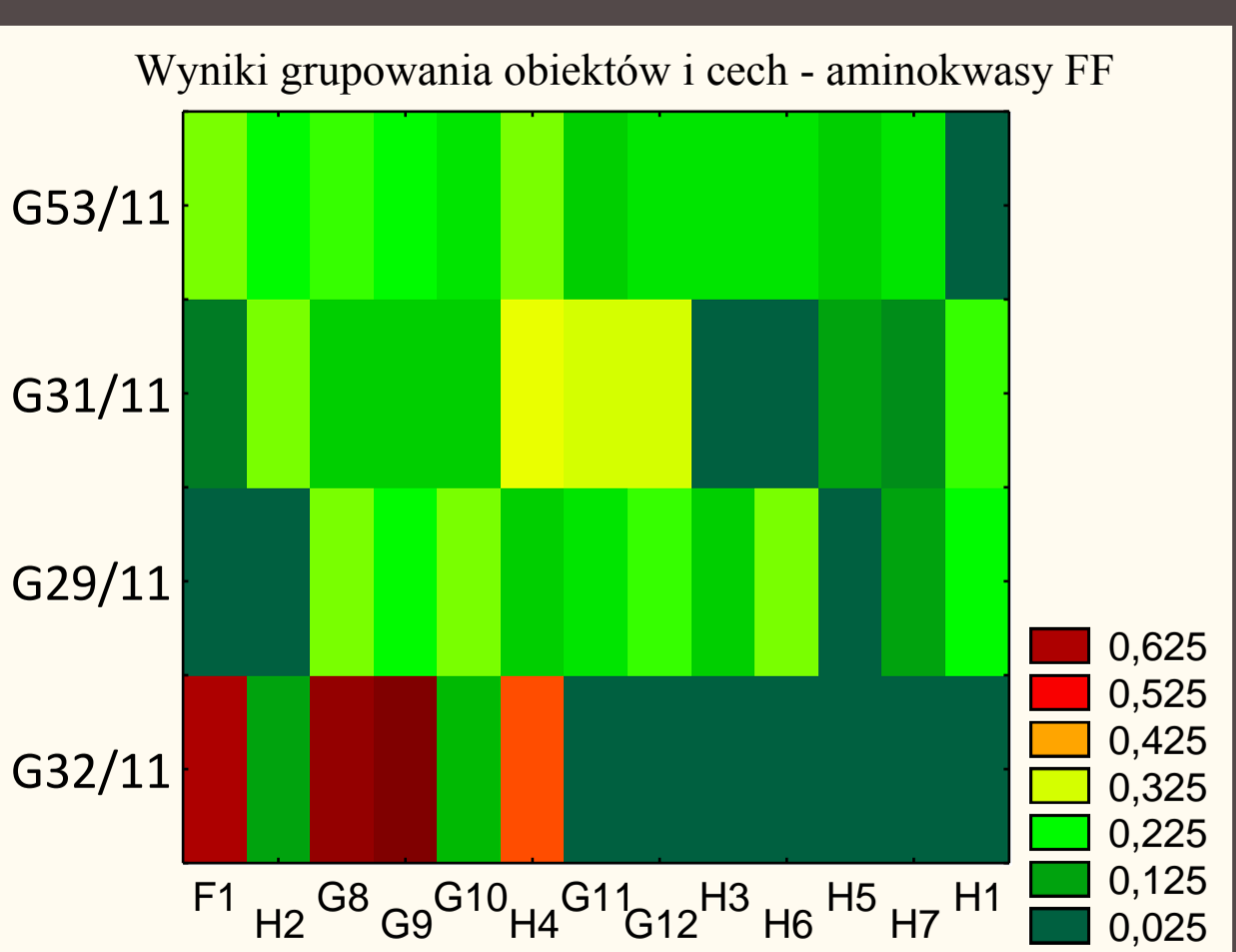
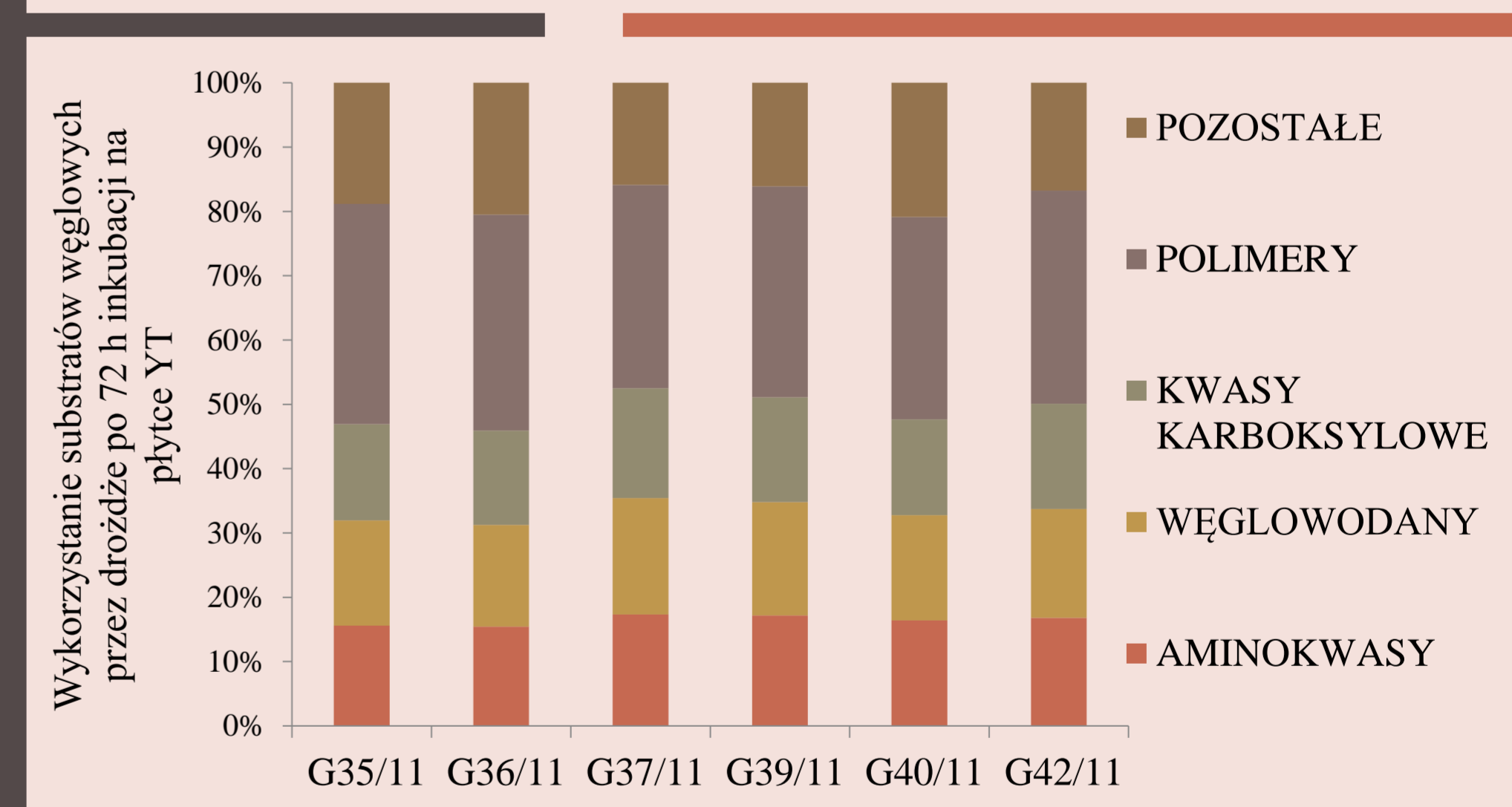
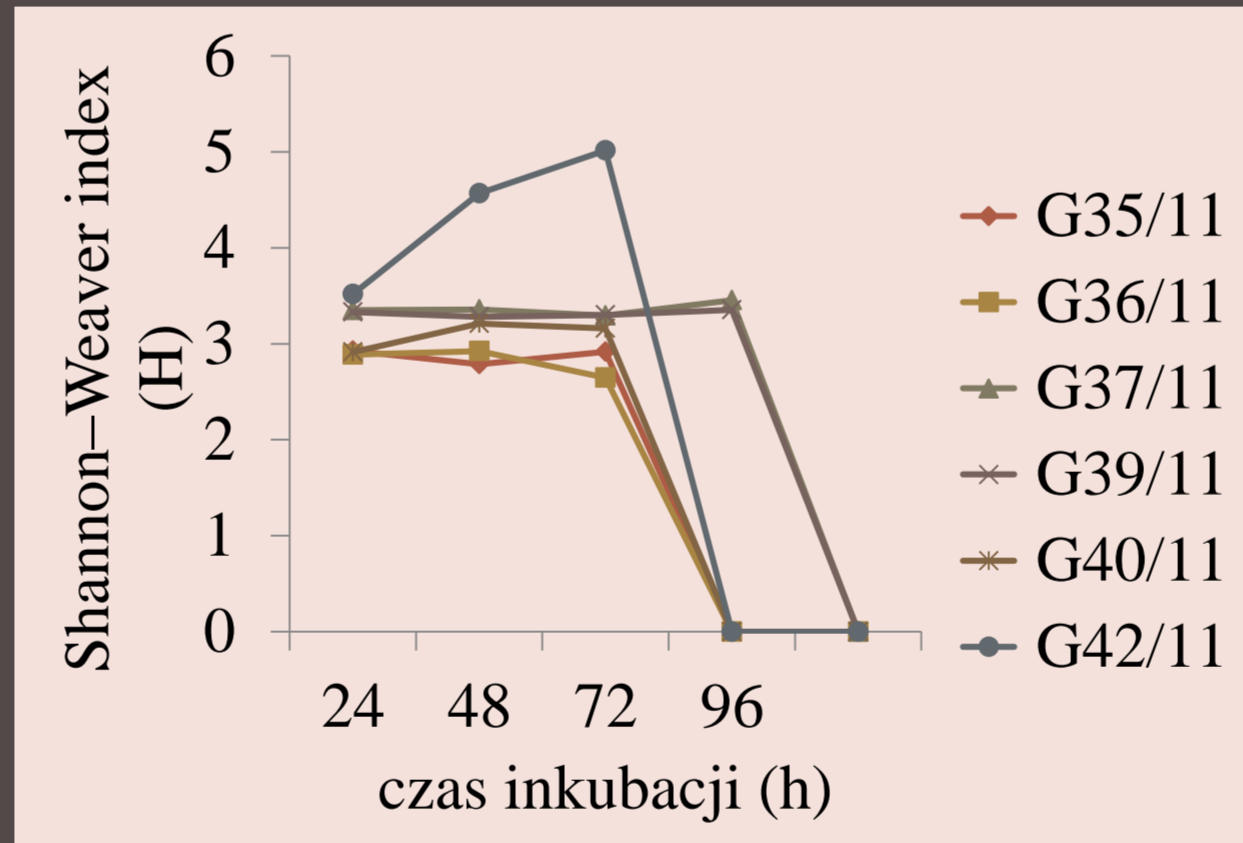
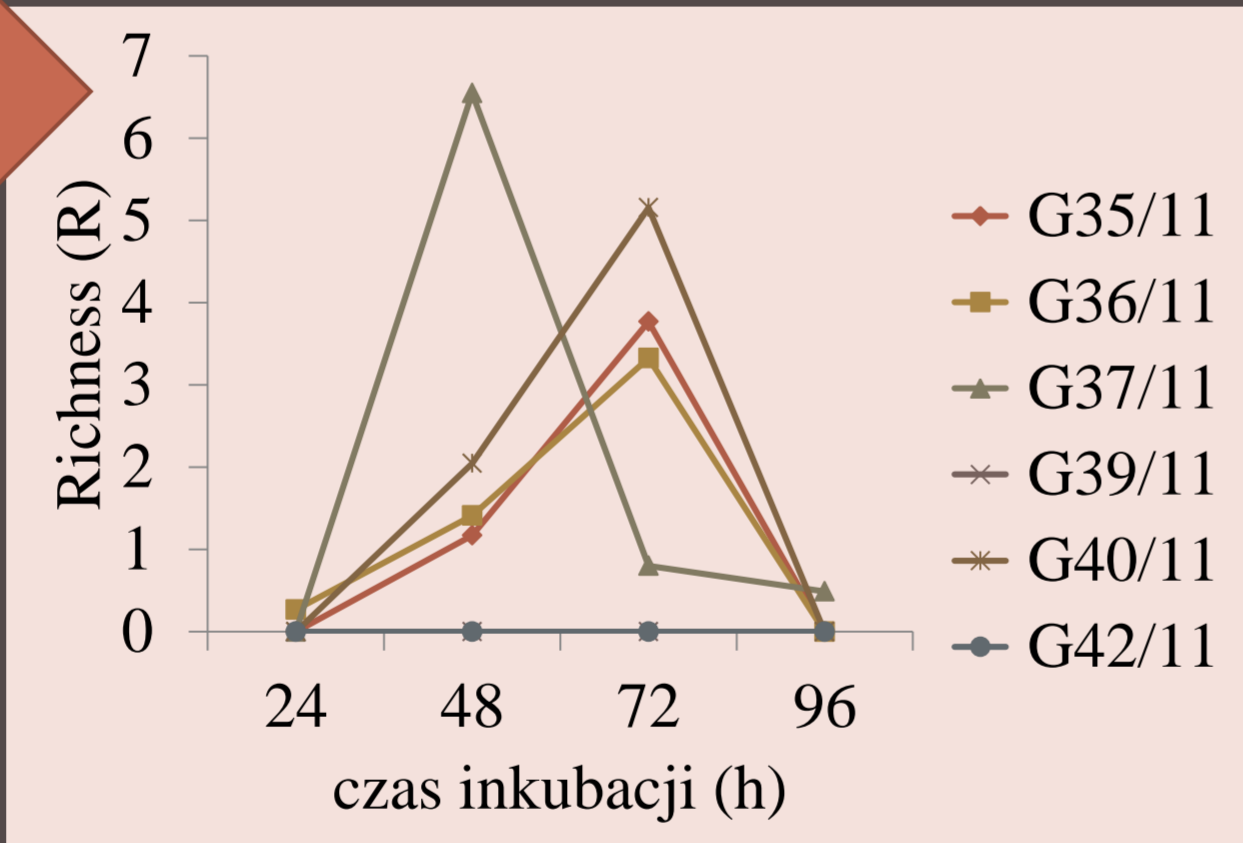
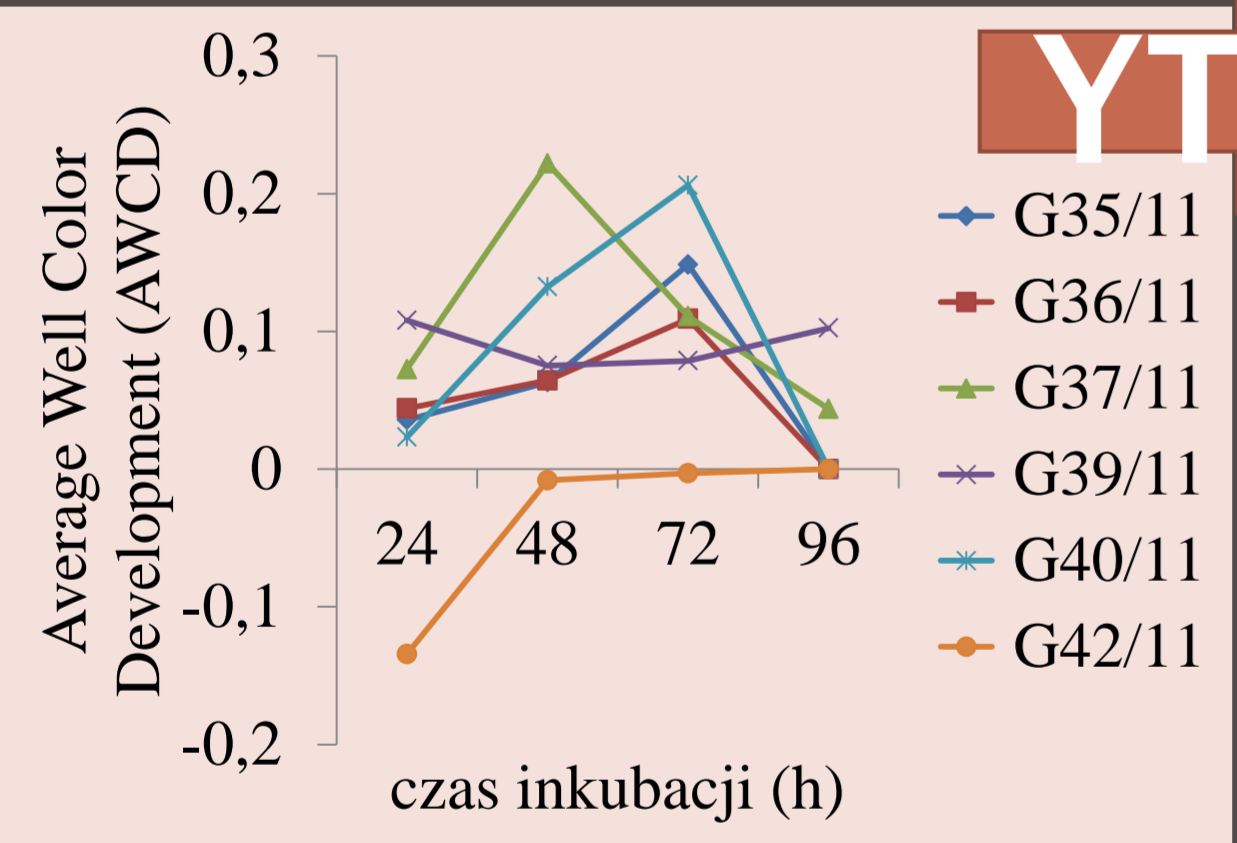
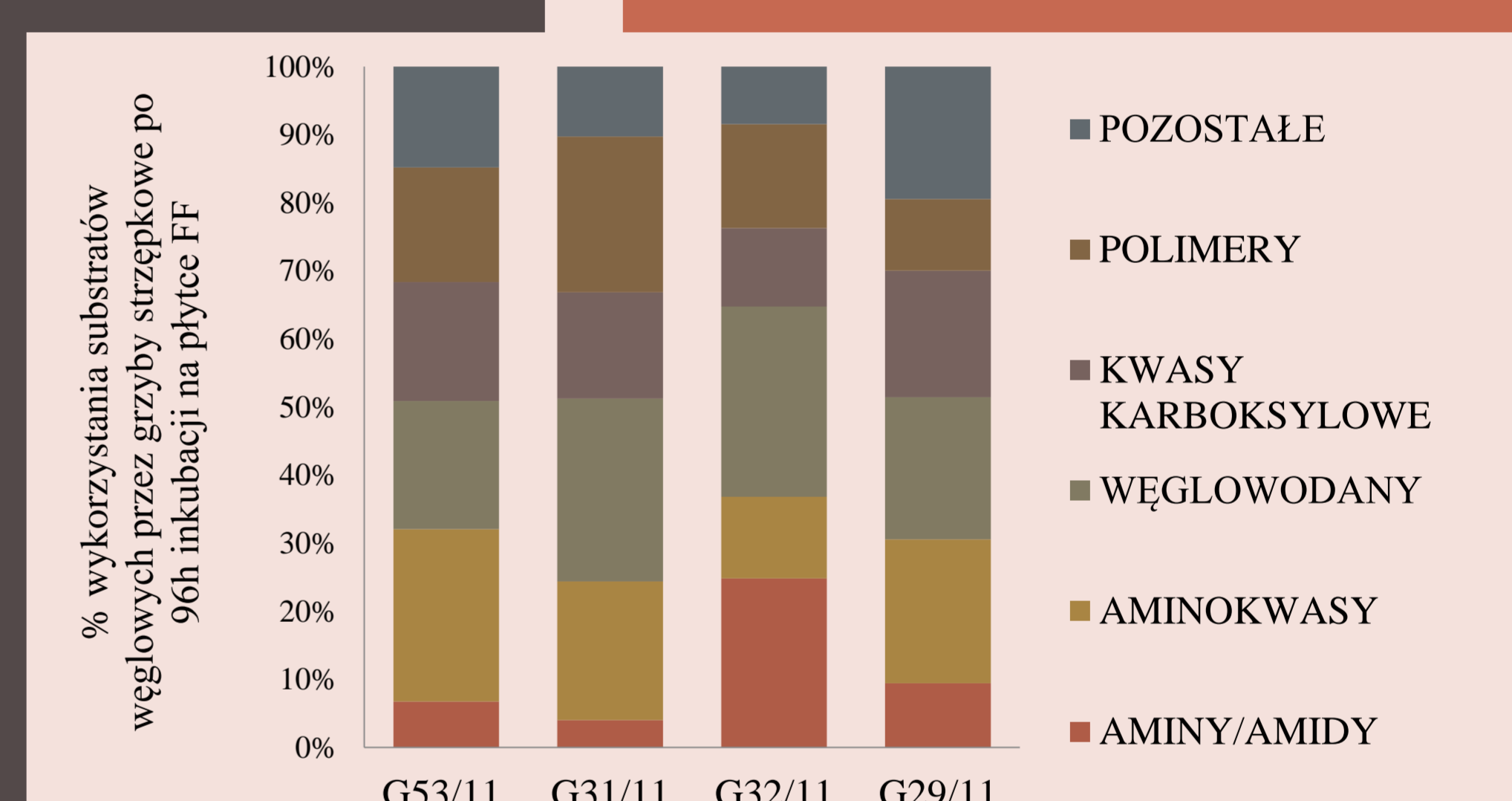
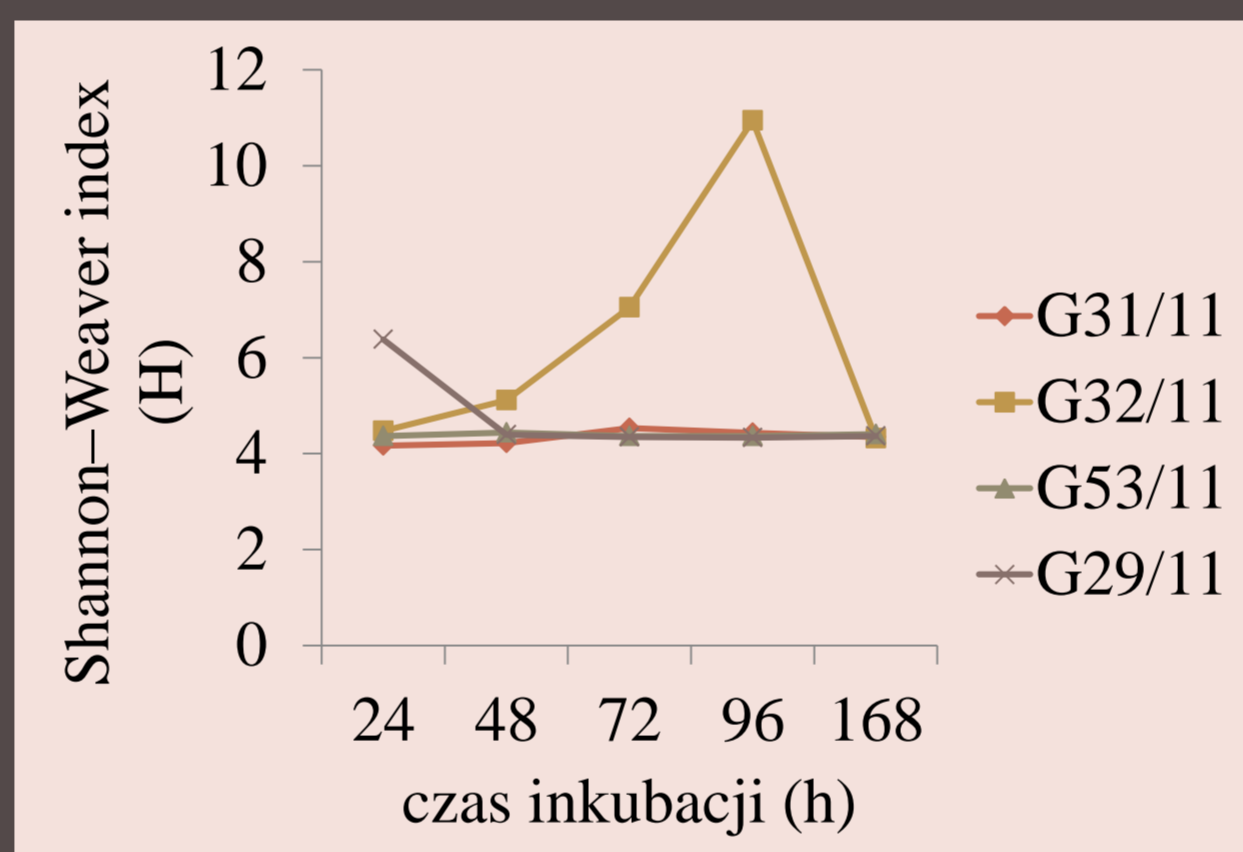
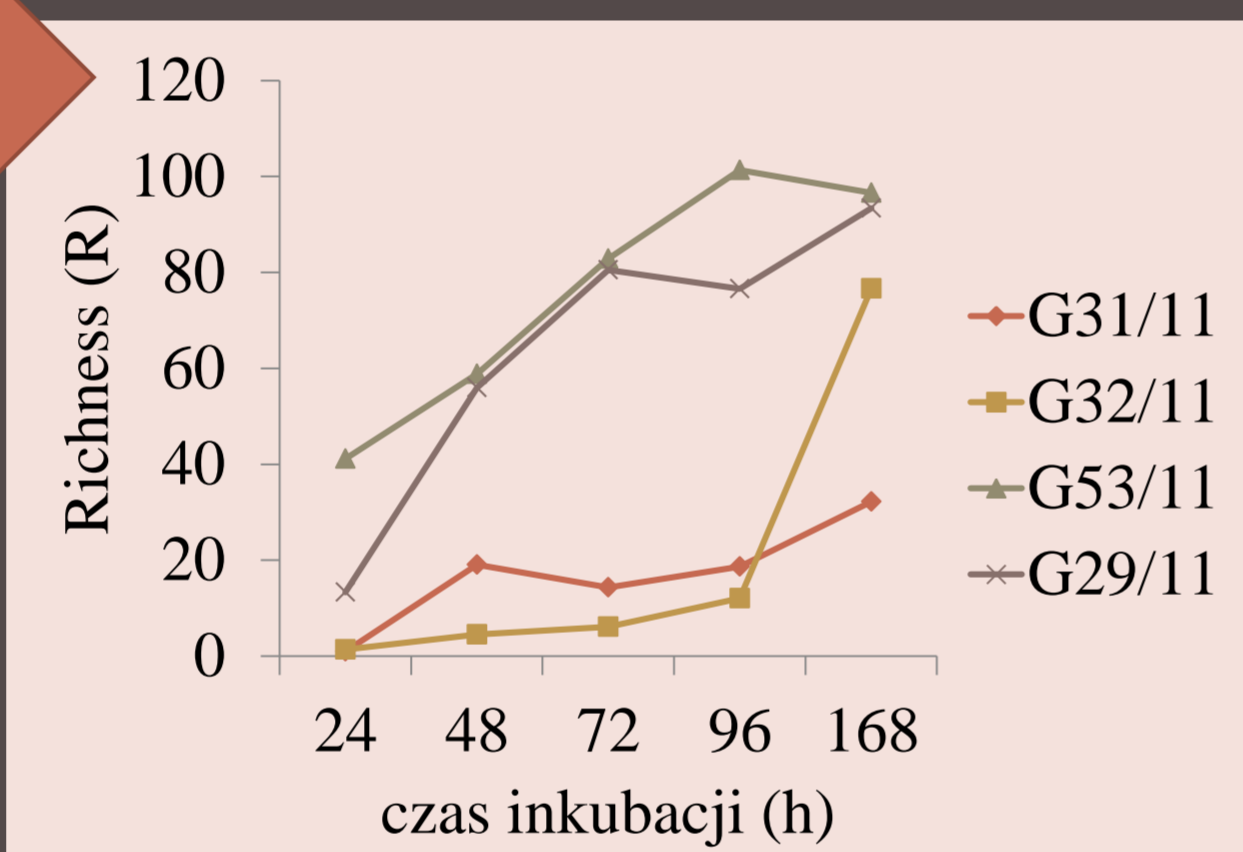
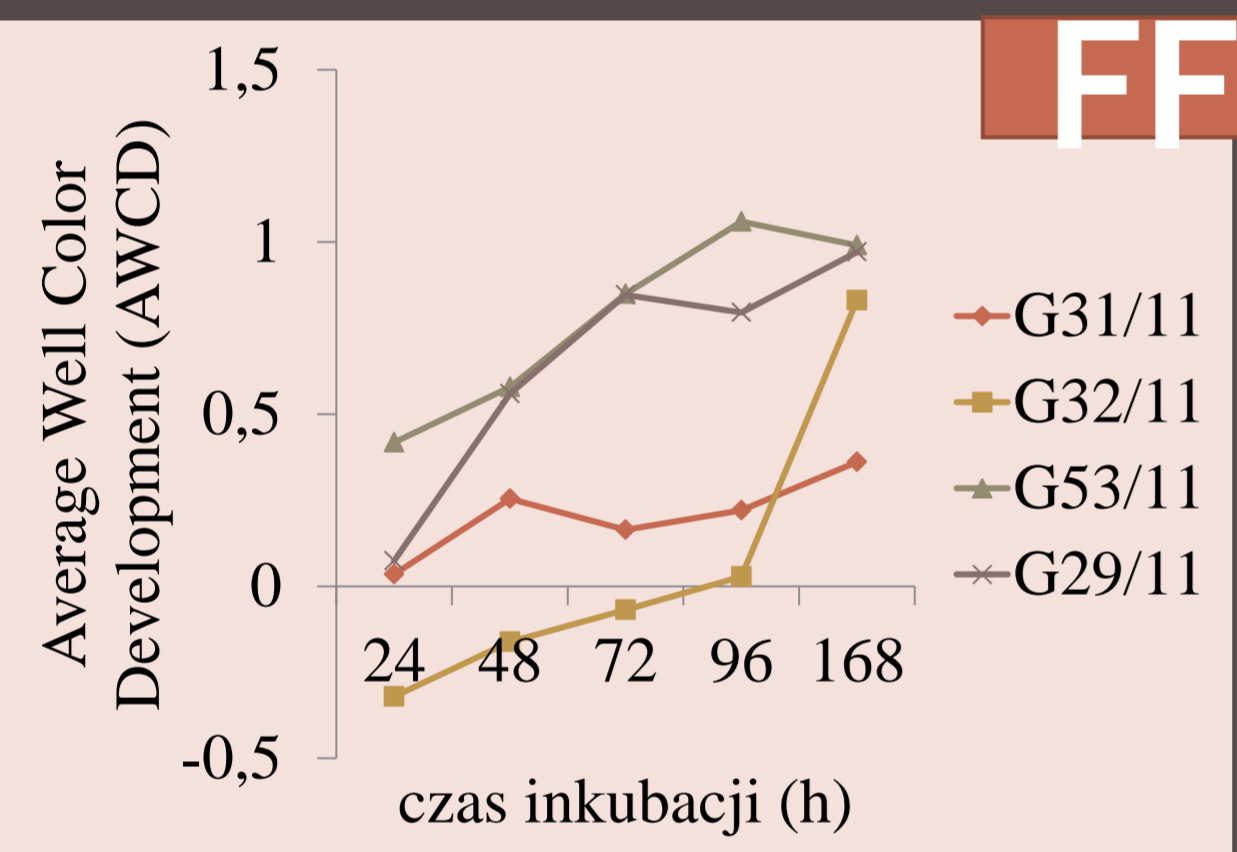
Kiszonki z traw i kukurydzy wymieniane są w licznych prognozach jako surowiec mający zapewnić Polsce w 2020 roku ok. 40% ogólnej produkcji biogazu, uzyskiwanego w procesie fermentacji metanowej. Pierwszym i jednym z jej kluczowych etapów jest hydroliza złożonych związków organicznych, prowadzona przez mikroorganizmy, w tym także grzyby strzępkowe i drożdże.

Wyniki

Nr szczepu	Gatunek/ rodzaj grzyba
drożdże - YT	
G35/11	<i>Candida krissi s. 35</i>
G36/11	<i>Candida krissi s. 36</i>
G37/11	n.i.
G39/11	n.i.
G40/11	<i>Debaromyces hansenii hansenii</i>
G42/11	n.i.
grzyby strzępkowe - FF	
G31/11	<i>Hypocera jecorina</i> (<i>Trichoderma reesei</i>)
G32/11	<i>Penicillium camemberti</i>
G29/11	<i>Penicillium camemberti</i>
G53/11	<i>Arthrinium phaeospermum</i>

Cel badań
Celem niniejszych badań było przybliżenie roli poszczególnych szczepów w procesie rozkładu związków węglowych oraz selekcja drobnoustrojów o potencjalnym znaczeniu w degradacji odpadów organicznych.

Metodyka
Z wykorzystaniem systemu Biolog FF/YT Plates przeprowadzono skrining uzdolnień katabolicznych szczepów grzybów wyizolowanych z kiszonki kukurydzianej i z kiszonki z traw. Określono stopień wykorzystania poszczególnych grup substratów węglowych z płytek FF i YT oraz określono, które substraty w poszczególnych grupach były najintensywniej zużywane przez te mikroorganizmy. Oznaczono także przynależność gatunkową badanych mikroorganizmów metodą sekwencjonowania (MicroSEQ) fragmentu genu D2 LSU rDNA.



Podsumowanie

Badane szczepy należały do rodzaju *Trichoderma*, *Penicillium*, *Debaromyces*, *Arthrinium* i *Candida*. Wykazywały różnicowany potencjał kataboliczny względem poszczególnych substratów zgromadzonych na płytkach FF i YT, a więc potencjał do wykorzystania w procesie utylizacji degradacji organicznych produktów odpadowych.