

**XLVIII MIĘDZYNARODOWE SYMPOZJUM
MIKROBIOLOGIA A OCHRONA ŚRODOWISKA**

WARSZAWA

07-10 września 2014 r.

**Pod patronatem
Marszałka województwa Mazowieckiego**

STRESZCZENIA PRAC



Urząd Marszałkowski Woj. Mazowieckiego

Analiza metagenomiczna genu 16S rDNA wykorzystująca sekwencjonowanie nowej generacji w ocenie składu konsorcjum bakterii występującej w masie fermentacyjnej

MAGDALENA FRĄC¹, AGATA GRZYTA¹, KAROLINA OSZUST¹, NINA BILIŃSKA¹, KRZYSZTOF ZIEMIŃSKI²

¹Instytut Agrofizyki im. Bohdana Dobrzańskiego Polskiej Akademii Nauk; ²Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Politechnika Łódzka

Jednym z elementów wpływających na wydajność biogazu są mikroorganizmy, dlatego badania składu konsorcjum mikroorganizmów w masie poddawanej procesowi beztlenowej degradacji są istotne. Badania obejmowały określenie wpływu zróżnicowanego czasu retencji (a tym samym różnego obciążenia reaktorów substancją organiczną) na przebieg metanogenezy i skład konsorcjum mikroorganizmów uczestniczących w tym procesie. Fermentację prowadzono w reaktorach o objętości 2 dm³ w temperaturze 37°C. Skład konsorcjum mikroorganizmów określono z wykorzystaniem sekwencjonowania nowej generacji (MiSeq, Illumina) na podstawie genu 16S rDNA. W poszczególnych fazach prowadzenia procesu zidentyfikowano bakterie z rodzajów: *Methanosaeta*, *Methanosarcina*, *Methanosphaera*, *Methanobacterium* oraz *Syntrophomonas* i grupę pozostałych (ok. 1%). Badania wykazały, że stosunkowo wysoką wydajność biogazu wydzieloną z 1 dm³ objętości komory można uzyskać przy niskim obciążeniu komory substancją organiczną 2,83 kg s.m.o. m⁻³ d⁻¹ oraz wynikającym z tego czasem retencji wynoszącym 39 d, czemu towarzyszyło występowanie bakterii metanogennych głównie z rodzaju *Methanosaeta* (59%) oraz *Methanobacterium* (21%).

Composition of methanogenic bacteria in fermentation mass based on the evaluation of terminal restriction fragment length polymorphism (tRFLP) of *mcrA* gene

One of the elements influencing on the biogas efficiency are microorganisms, due to the studies of microorganisms consortium composition are important during the anaerobic degradation process. The study included the determination of the varied retention time effect (and thus the different loads reactors organic substance) on the methanogenesis process and composition of microorganisms consortium involved in the process. Fermentation was carried out in reactors having a volume of 2 dm³ at a temperature of 37°C. Composition of microorganisms consortium was evaluated using next generation sequencing (MiSeq, Illumina) based on 16S rDNA gene. In the particular stages of the process the bacteria belong to the genus: *Methanosaeta*, *Methanosarcina*, *Methanosphaera*, *Methanobacterium*, *Syntrophomonas* and other (ok. 1%) was identified. Studies showed that a relatively high yield of biogas from 1 dm³ volume of the chamber can be obtained at low load chamber organic substance 2.83 kg VSS m⁻³ d⁻¹ and the consequent retention time above 39 d, which was accompanied mainly by methanogenic bacteria of the genus *Methanosaeta* (59%) and *Methanobacterium* (21%).

Składowiska odp
zagrożeń dla zdrowia
składowisk komunalny
Dlatego też celem nini
niowych płynących na
wierzchniowych pobie
w każdej porze roku, z
w Krakowie i jego oko

W badanych woc
danych grup drobnous
Uzyskane wyniki sug
składowiska oraz termi
danych drobnoustrojów

The evaluation of vici

Municipal landfill
ards to humans. So far 1
of landfill sites, omittin
evaluation of microbio
immediate surroundings
spring, summer, autumn
at and around municipal

All group of micro
ter quality were identifi
number of tested groups
pling stands from the bo