Biomassza-alapú energiák innovációjának genomikai megközelítései

Maróti Gergely – Kondorosi Éva – Bíró Tibor

Kulcsszavak: genomika, biomassza, kutatás, innováció.

ÖSSZEFOGLALÓ MEGÁLLAPÍTÁSOK, KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK

A genomika valódi eszköz a biomassza-alapú energiák innovatív kutatása területén, egyes részterületei (metagenomika, transzkriptomika) ténylegesen alkalmazhatók a biomassza-alapanyag optimalizálása során, illetve a biomassza-konverzió hatékonyságának javításában, ezáltal a megújuló energiatípusok előállítási költségeinek csökkentésében.

BEVEZETÉS

A technológia fejlődése, a Föld népességének növekedése révén az emberiség olyan ütemben aknázza ki a meglévő fosszilis energiahordozókat, hogy a legoptimistább becslések szerint is a szénhidrogénkészletek 40-60 éven belül kimerülnek. Az évmilliók alatt felhalmozódó fosszilis energiahordozók – a civilizáció történelmi perspektíváját tekintve – pillanatszerű elégetése olyan mértékű CO_2-kibocsátást eredményezett, ami a Föld hőmérsékletének soha nem látott emelkedését okozta, és ökológiai katasztrófához vezethet. Az energiakérdés, a CO_2-kibocsátás problémája szorosan összefügg. A megújuló energiaforrásokat széles körben alkalmazható, tárolható és környezetbarát energiahordozóvá szükséges átalakítani. A jövő energiahordozóinak felhasználásakor a káros melléktermékek képződését, üvegházhatást okozó gázok kibocsátását indokolt maximálisan visszaszorítani. A fenntartható fejlődés érdekében ezeknek a forrásoknak a fogyasztás ütemével lépést tartva szükséges újraképződniük.

A kérdéskörhöz szorosan kapcsolódnak a növénytermeléssel, a növények elhalásával kapcsolatos problémák. A feleslegessé vált vagy túlnövekedett növényeket a hagyomány szerint szárítás után elégetik. Ez nem felel meg a mai környezetvédelmi előírásoknak, hisz komoly CO_2-kibocsátást eredményez. Ennek megfelelően a nyugati országokban a tarlóégetés és egyáltalán a növényi eredetű hulladékok öncélú elégetése nem engedélyezett: az így képződött biomasszát vagy energiatermelésre kell fordítani, vagy a légköri ciklus kizárásával, komposztálási technológiával visszaforgatni a növényi táplálékláncba.

A BIOGÁZ, BIOALKOHOLOK, BIOHIDROGÉN ELŐÁLLÍTÁSÁNAK FONTOSSÁGA

A mai szemlélet szerint energiatermelésre – legnagyobb fúziós reaktorunk – a Nap a legalkalmasabb. A Napból $3{,}8 \times 10^{26}$ W energia szabadul fel, melyből egy év alatt 174×10^{15} W éri el a Földet. Ezen energiamennyiség töredéke kielégítené a Földön zajló minden emberi tevékenység teljes éves energiaigényét (16-18 terawatt). A növények, illetve a fotoszintetizáló élőlények képesek a napfény energiáját hasznosítva saját anyagaikat felépíteni, ami részben átkerül a tápláléklánc során az állati/emberi szervezetekbe is. Az így felépült

szervezetek a napfény energiáján alapulnak, és végső soron energiát tárolnak. Természetesen az állatok közvetlen energetikai hasznosítása nem jöhet szóba, de a növényekben tárolt, illetve az állatokból származó anyagcseretermékekben rejlő energia már hasznosítható. Arra különféle elképzelések ismertek, hogy a növényekből, állatokból származó szerves anyagokat, együttesen biomasszát, milyen energiahordozóvá alakítsák: ilyen lehet a biobrikett, biogáz, bioetanol, biobutanol, biodízel, vagy pedig a legtisztább energiahordozó, a biohidrogén. Mindegyiknek van előnye, hátránya, a köztük lévő verseny még korántsem dőlt el. Sőt valószínűsíthető, hogy bizonyos szintig egymást kiegészítő alternatív energiahordozók lesznek a jövőben.

A biogáz biomasszából mikrobiális konzorcium által előállított gáz, mely mintegy 60-70% metánból és 30-40% CO_2-ből áll. A biogáztermeléshez a legkülönfélébb alapanyagok használhatók, az alapanyagot illetően relatíve kevéssé kényes rendszer. A világon sok millió különböző méretű biogázüzem létezik, elsősorban a Távol-Keleten népszerű kis farmok energetikai önellátására. Az USA-ban is felismerték az ilyen lokális önellátó rendszerek jelentőségét, és gombamód szaporodnak a mezőgazdasági farmokhoz kapcsolódó helyi biogázrendszerek.

Az emberiség őstörténete óta állít elő bioalkoholt, elsősorban élvezeti célokra. Azonban csak az utolsó évtizedekben[1] – az energiakrízis hatására – realizálódott újra, hogy az alkohol üzemanyagként is alkalmazható. Bioalkoholt általában cukorból állítanak elő élesztővel való anaerob fermentációval. Tradicionálisan a kukorica, burgonya (magas keményítőtartalmuknak köszönhetően), illetve cukornád a bioetanol-előállítás alapanyagai. Attól függően, hogy honnan nyerik a cukoroldatot, beszélünk második (keményítő), illetve harmadik generációs (cellulóz, hemicellulóz) alkoholgyártásról. Az újgenerációs technológiák első lépése a cukorpolimerek bontása enzimatikus hidrolízissel, mely általában költség- és energiaigényes folyamat. Az így kapott cukorhidrolizátum élesztővel vagy más speciális mikrobával etanollá fermentálható. A közép- és dél-amerikai országokban, ahol magas cukortartalmú növények (pl. cukornád) nagy mennyiségben, több vetésforgón keresztül termelhetőek, a hidrolizáló lépés kihagyható, mert közvetlenül fermentálható cukoroldatot kapunk.

A biohidrogént a világ nagyhatalmai is a jövő energiahordozójának tartják, hisz az elégetése, az energia visszanyerése során nem képződik más melléktermék, csak víz. Ezért a teljes üzemanyag-előállítási és felhasználási ciklusból a szénkörforgás kihagyható, nincsen üvegházhatást okozó melléktermék. Emellett a biohidrogén az egyetlen olyan bioüzemanyag, ami a napfény energiájának közvetlen konverziójával (direkt fotolízis) is nyerhető. Vannak olyan fotoszintetikus élőlények, melyek a napfény energiáját hasznosítva a bennük felhalmozott felesleges elektronokat hidrogén formájában pumpálják ki magukból. Alternatív megoldásként hidrogén fejleszthető a fentiek során említett biomasszából is, ebben az esetben nincs szükség megvilágításra, fényenergiára.

AZ INNOVATÍV GENOMIKAI TECHNOLÓGIÁK

A genomika napjaink egyik leggyorsabban fejlődő tudomány- és iparága, amely az élőlények genetikai információtartalmának együttes kvalitatív és kvantitatív vizsgálatán alapszik. Az utóbbi 3-5 évben

[1] „Motalkót" már a II. világháború éveiben is használtak. (*A szerkesztő.*)

indult rohamos fejlődésnek a genomika, ezt a háttér-technológia fejlődése és általánosan elérhetővé válása tette lehetővé. A háttér-technológiát a nagy áteresztőképességű rendszerek (microarray és új generációs szekvenáló rendszerek) képviselik, melyek alkalmasak adott organizmusok, sőt élőlényközösségek teljes genetikai állományának egyidejű elemzésére. Természetesen elsősorban az egészségiparban, a gyógyszerkutatásban jelent óriási potenciált a genomika, azonban egyes részterületei jól felhasználhatók a biomassza-alapú megújuló energiaforrások kutatásában, előállításuk hatékonyságának növelésében is. A genomikán belül számos részterület különíthető el, itt azokra a metodikákra fókuszálunk, amelyek a bioenergia-kutatásban relevánsak.

Környezeti genomika, metagenomika

A környezeti genomika (metagenomika) lényege, hogy a természetes környezetből vett mintákban található örökítőanyagot (DNS, illetve RNS) vizsgálja. Így lehetővé válik olyan mikroorganizmusok és más élőlények genetikai kutatása, amelyeket egyáltalán nem, vagy csak nagyon nehezen lehetne tanulmányozni a laboratóriumokban. Új, de extrém ütemben fejlődő tudományágnak tekinthető, hiszen a háttér-technológia (szekvenálási kapacitások, technológiák, egységárak) az utóbbi években érte el azt a szintet, amely mellett már gazdaságosan használható ez a módszer alkalmazott és ipari kutatásokban is. A környezeti genomikában az a rendkívüli, hogy lehetővé teszi egy sokkal összetettebb kép kialakítását a Földön mindenütt jelenlévő mikroszkopikus életről, mivel nem korlátozódik a laboratóriumokban tenyészthető mikroorganizmusok rendkívül kis hányadára. Szinte minden organizmus olyan közösségekben él, amelynek jól körülhatárolt szerepe van az ökoszisztémájában (ilyen komplex mikrobiális ökoszisztéma maga a biogáz-fermentor is). A környezeti mintákból származó DNS kivonásával meghatározhatók a mikrobiális közösségek különböző résztvevői, a résztvevők pontos arányai, mennyiségi megoszlása egy adott mintában, és a közösségek domináns tagjainak tulajdonságai még akkor is, ha többségükből lehetetlen teljes genomokat elkülöníteni. Vizsgálható egy adott ökoszisztéma időbeli változása, változásának dinamikája is, mely alapvető jelentőséggel bír például környezetvédelmi stratégiák tervezésekor. Főbb alkalmazási területekké válhatnak az élelmiszeripar, környezetvédelem, éghajlatkutatás, biomassza-alapú energiaforrások kutatása, de bizonyos betegségek diagnosztikája, terápiás tervezések során is egyre fontosabb szerepet kap a metagenomikai megközelítés.

A transzkriptom-analízis, metabolikus programozás

A transzkriptom a genom messenger RNS-sé átíródó része, azaz a kifejeződő gének összessége. A transzkriptomika vagy teljes transzkriptom-analízis a genomot alkotó gének expressziós (kifejeződési) szintjének, illetve ezen szintek valamely indukció hatására bekövetkező változásainak egyidejű vizsgálata. Ezzel a módszerrel jól követhető az adott organizmus működése, metabolikus aktivitása. Tehát a genomikának egy funkcionális alkalmazása, mely feltételezi a vizsgált genom alapadatainak (referenciaszekvenciának) az ismeretét.

GENOMIKAI MODELLRENDSZEREK A BIOENERGIA-KUTATÁSBAN

Biogáz-termelő mikrobiális közösségek metagenomikai vizsgálata

A biogázüzemekben mikroorganizmusközösségek bonyolult metabolizmusa zaj-

lik, melynek végeredménye a biogáz, ami metán, szén-dioxid és számos más vegyület keveréke. A biogázrendszerek fontos ismérvei a következők:

- Nagy komplexitású mikrobiális ökoszisztémák.
- Dinamikusan változó taxonómiai és metabolikus profillal leírható közösségek.
- A biogázüzem természetes modellje a marhabendő.
- Szubsztrátfüggő mikrobaközösségvariációk.
- Korrelációk a szubsztrát minősége, a gázkihozatal és a mikrobiális összetétel között.

Biogáz tehát a természetben is képződik, azonban a szükséges speciális feltételek (anaerob környezet, megfelelő mennyiségű és minőségű szerves anyag) kevés helyen adottak, spontán zajlik le a biogáz termelődése, például eutrofizálódó tavakban, mocsarakban, illetve kérődző állatok emésztőrendszerében. A szerves anyagok lebontása, gázzá alakítása komplex, időben többlépéses folyamat, számos mikroorganizmus (elsősorban baktériumtörzsek) finoman hangolt kapcsolatán keresztül történik. Első lépésként hidrolizáló baktériumok bontják a nagy molekulájú szerves vegyületeket extracelluláris enzimeikkel (különösen fontos ez a lépés magas cellulóztartalmú, növényi eredetű szubsztrátokat nagy arányban tartalmazó alapanyagok esetén). A hidrolízis főbb termékei rövid szénláncú zsírsavak, szén-dioxid és hidrogéngáz. A következő lépés a rövid szénláncú zsírsavak szerves savakká, többnyire ecetsavvá történő átalakítása (acetogén organizmusok). Ez a folyamat további szén-dioxid és hidrogén termelésével jár. Végül a metanogének termelik a biogáz fő komponensét, a metánt ecetsavból és hidrogénből. Az optimális biogázhozam eléréséhez elengedhetetlen, hogy az egyes lépések megfelelő közegben menjenek végbe.

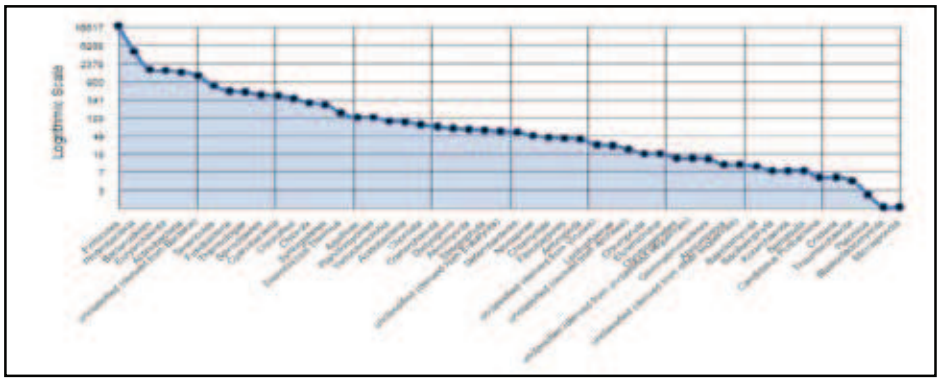
A biogázrendszerekben a biogáztermelés hatékonyságának növeléséhez alapvető szükséglet a mikrobiológiai háttér pontos ismerete. Erre nyújt kiváló lehetőséget a metagenomika, mely segítségével pontos képet kaphatunk a szubsztrátfüggő közösségek állapotáról, sőt a közösségek dinamikus jellemzőiről is (1. ábra).

A vizsgálat folyamata a következő lépésekkel írható le:

1. Mintavétel (megfelelő szelekciós nyomás mellett).
2. Metagenom-izolálás (teljes környezeti DNS-kivonás a mintából).
3. Szekvenálás (nagy áteresztőképességű rendszerrel), bioinformatikai elemzés.
4. Taxonómiai és funkcionális profilok felállítása.
5. Következtetések, ajánlások kidolgozása.

1. ábra

Biogázüzem taxonómiai profilja, törzsszintű jellemzés



Ipari enzimek fejlesztése metagenomikai módszerekkel

A célok:

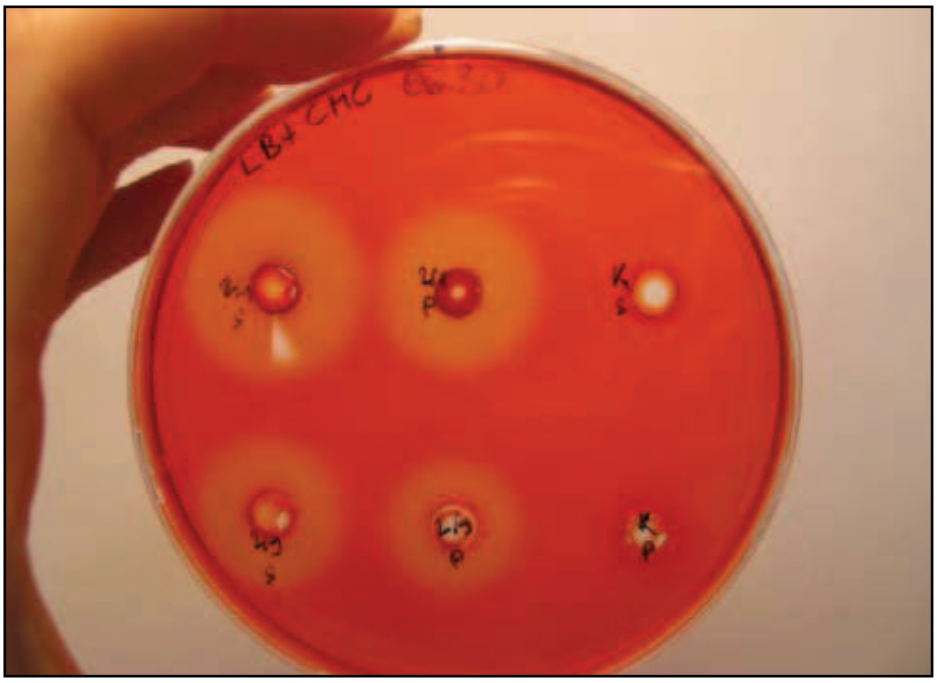
- Új típusú, hatékony és stabil hidrolizáló enzimek azonosítása (amilázok, cellulázok).
- Bioüzemanyagok előállítási hatékonyságának fokozása (pl. bioetanol).

A metagenomikai megközelítést alkalmazó folyamat:

1. Mintavétel (megfelelő szelekciós nyomás mellett az enzimek potenciális jelenlétét tekintve).
2. Metagenom-izolálás, teljes DNS-kivonás a szelektált mintából.
3. Szekvenálás (nagy áteresztőképességű rendszerrel), bioinformatikai elemzés.
4. Azonosított, feltételezhetően hidrolizáló enzimeket kódoló szekvenciák, gének, génrészletek kinyerése.
5. Enzimtermelés, aktivitás- és stabilitástesztek, összehasonlítás ismert aktivitású enzimekkel (2. ábra).

2. ábra

Új típusú, termeltetett hidrolizáló enzimek aktivitásának tesztelése



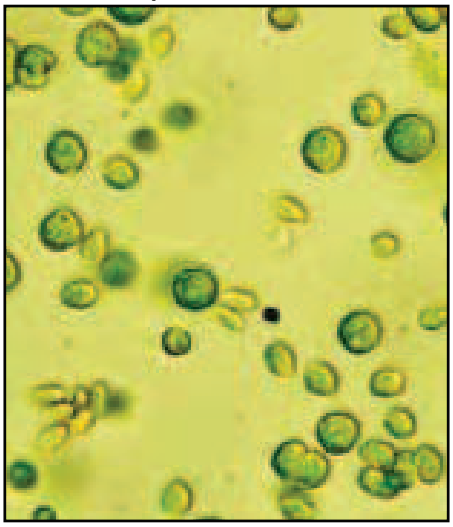
Alga-transzkriptomika

A zöldalgák rendkívül sokrétű élőlények, többek között az energiatermelésben is hasznosíthatók, többféle módon is. A legismertebb az algák biodízel-előállításra való felhasználása, ekkor az algákban megfelelő körülmények között felhalmozódó zsírsavakat konvertálják egy lépésben metanol segítségével biodízellé, az eszterifikációs folyamat melléktermékeként glicerin képződik.

Egy másik lehetőség a zöldalgák biohidrogén-termelő képességének kiaknázása. Különféle algák, vagy akárcsak ugyanannak a fajnak különböző törzsei is változó mértékben képesek a H_2 előállítására.

3. ábra

Chlamydomonas reinhardtii



A *Chlamydomonas* egy egysejtű zöldalga-nemzetség. Tagjai megtalálhatók az egész világon, talajban, édesvízben, az óceánokban, de még a hófödte hegycsúcsokon is. A legszélesebb körben használt laboratóriumi faj a *Chlamydomonas reinhardtii* (3. ábra). E faj sejtjei haploidok, és egyszerű szervetlen sókat tartalmazó táptalajon tarthatók. Energiához fotoszintézis segítségével jutnak, de képesek teljes sötétségben is életben maradni, ha a táptalaj tartalmaz acetátot alternatív szénforrásként. A *Chlamydomonas reinhardtii* egyike azon kevés algáknak, melyek teljes életciklusa nyomon követhető laboratóriumi körülmények között. Gyorsan növekszik, osztódási ideje kevesebb, mint 10 óra (optimális körülmények esetén 5 óra körüli).

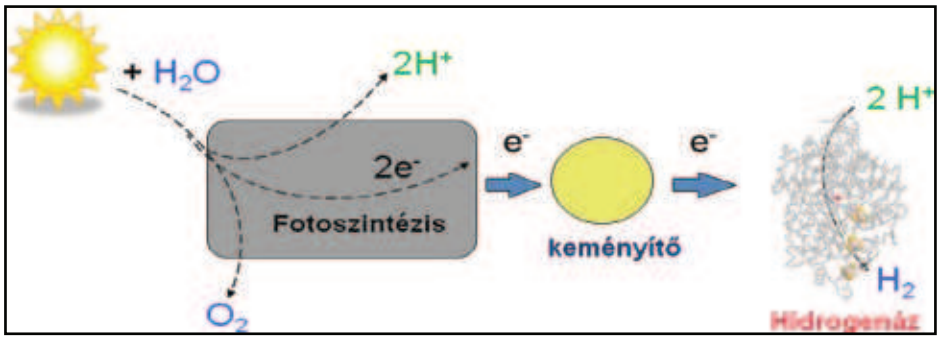
Ebben az egysejtű szervezetben a H_2-termelés kétszakaszos volta kiküszöböli a hidrogenáz enzim O_2-érzékenységét azáltal, hogy időben elválasztja egymástól a fotoszintetikus O_2 képződését és a szén akkumulációját (első szakasz) a sejtben lévő anyagok felhasználásától és az azzal járó H_2-képződéstől (második szakasz). A két szakasz közti átmenet a tenyészet kéntől való megfosztásával érhető el, mely reverzíbilis módon inaktiválja a második fotoszintetikus rendszert (PSII), így az O_2 képződését. Ilyen körülmények között a sejtek elfogyasztják az oxigént, és a tenyészetben anaerobiózis alakul ki, mely szükséges és elégséges feltétel a reverzíbilis hidrogenáz indukciójához.

Transzkriptomikai megközelítéssel a célok:

- Biodízel-termeléshez: zsírsavak felhalmozása, olyan körülmények kialakítása (majd transzkriptom-szinten történő metabolizmuselemzés), melyre az alga metabolizmusa a zsírsavszintézis fokozásával válaszol.
- Biohidrogén-termeléshez: keményítő felhalmozása, olyan körülmények kialakítása (majd transzkriptom-szinten történő metabolizmuselemzés), melyre az alga metabolizmusa a keményítő mint tartalék tápanyag fokozott előállításával válaszol (4. ábra).

4. ábra

Alga-biohidrogén termelésének elve



TARTALOM

Magda Sándor: A Magyar Tudomány Ünnepe 542

Láng István: Klíma és társadalom: mindkettő változik 544

Bozó László: Az éghajlatváltozás és a természeti erőforrások 548

Biacs Péter Ákos: Klímaváltozás és élelmezésbiztonság 553

Dinya László: Változó klíma, természet és az innovációs kihívások 557

Gergely Sándor – Magda Sándor: Zöldenergia, klíma, társadalom 566

Magda Róbert: A megújuló energiaforrások szerepe és hatásai a hazai agrárgazdaságban 575

Maróti Gergely – Kondorosi Éva – Bíró Tibor: Biomassza-alapú energiák innovációjának genomikai megközelítései 589

Lakatos István: Zárszó 595

Summary 598

Contents 601