

BAZÍDIUMOS GOMBÁK TERMŐTESTFEJLŐDÉSÉBEN SZEREPET JÁTSZÓ ÉS  
BIOTECHNOLÓGIAI JELENTŐSÉGGEL BÍRÓ KONZERVÁLT,  
ANNOTÁLATLAN GÉNEK AZONOSÍTÁSA

**Ph.D. értekezés téziséje**

Földi Csenge Anna

**Témavezetők:**

Dr. Nagy G. László

és

Dr. Galgóczi László Norbert

Szegedi Tudományegyetem, Biológia Doktori Iskola  
HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biokémiai Intézet,  
Szintetikus- és Rendszerbiológiai Egység



2024

Szeged

## Bevezetés

---

A mikroszkopikus gombák mellett a bazídiumos gombák is rendkívül nagy ipari potenciállal bírnak, és sokoldalúságuk miatt megoldást jelenthetnek a jelen kor számos kihívására. Azonban ennek kiaknázásához elengedhetetlen a fejlődésbiológiájukat meghatározó genetikai hálózat minél alaposabb ismerete, ami jelenleg még hiányos, részben a genomokban található ismeretlen funkcióval bíró, sok esetben teljesen annotálatlan gének nagy száma miatt.

### **A termőtestképzés legfontosabb eseménye, a bazidiospórák kialakulása**

A bazidiospórák a bazídiumos gombák elsődleges szaporítóképletei, így létrehozásuk a termőtestképzés végső, egyben legfontosabb állomása. Ipari szempontból a spórák tömeges jelenléte egy hátrányos tulajdonság, mert súlyos egészségügyi, termesztési és ökológiai kockázatot jelenthetnek. Ennek ellenére csak egy ipari forgalomba hozható laskatörzset hoztak forgalomba, az *msh4* mutáns SPOPO törzset. Azonban, a spóramentesség mellett deformált termőtesteket hoz létre, ami negatívan hat a piaci értékesíthetőségére. Korábbi, a sporulációval kapcsolatos kutatások elsősorban a haploid magokat létrehozó meiózis lépéseit vizsgálták, azonban a spóráképzés posztmeiotikus lépései alig ismertek, ezért a meiózist követő folyamatokban résztvevő génhálózat feltérképezése nagy jelentőséggel bír, hogy pontos képet kaphassunk ennek a mechanizmusnak a molekuláris hátteréről. Kifejezetten fontos lenne a sporulációkor felülexpresszáldó, konzervált, annotálatlan gének funkcionális analízise, mivel ezek akár eddig nem ismert folyamatokban játszhatnak közre. Ezen túlmenően lehetőség nyílik olyan gének azonosítására is, amik deléciójával olyan spóramentes mutáns törzsek hozhatóak létre, amik nem mutatnak morfológiai elváltozást. Ez a termesztésbe bevont törzsek fejlesztésénél kifejezetten előnyös lenne,

hogy a spóramentesség ne társuljon természetési vagy piaci szempontból hátrányos tulajdonságokkal.

### **Prediktált 7-transzmembrán fehérjék lehetséges szerepe a termőtestképzésben**

Az egyedfejlődés során a termőtestek kialakulásának pontos idő- és térbeli lefutásához elengedhetetlen a sejtek közötti kommunikáció, az egyedfejlődés szabályozása és a környezet komplex érzékelése, ami sejtfelszíni receptorokon és sejten belüli jelátviteli útvonalakon keresztül valósul meg. A legnagyobb sejtfelszíni receptorcsaládot a G-fehérje kapcsolt receptorok (*G-protein coupled receptor*, GPCR) alkotják, amik a termőtest differenciációjának szempontjából kifejezetten érdekes célcsoportnak tűnnek, mivel az állatok genomjában kódolt G-fehérje kapcsolt receptorok (GPCR) száma korrelál a testszerveződésük komplexitásával. Ez a tendencia azonban nem figyelhető meg a komplex soksejtű termőtesteket létrehozni képes gombák esetében, amik genomja nagyságrenddel kevesebb GPCR-t kódol. Egy korábbi tanulmány rámutatott arra, hogy az egysejtű élesztők nem, de a hifás szerveződésű tömlősgomba fajok a klasszikus GPCR-ek mellett akár több mint száz prediktált 7-transzmembrán doménnel rendelkező fehérjével (p7TMP) rendelkeznek, amik szerkezetileg nagy hasonlóságot mutatnak a GPCR-ekkel, de nem sorolhatóak be a klasszikus GPCR osztályokba<sup>1</sup>. Feltételezhető, hogy a p7TMP-k egy része a GPCR-ekhez hasonló funkciót lát el, és eddig le nem írt gomba-specifikus receptorcsaládok tagjai lehetnek. Ebből kiindulva felmerül az eddig nem vizsgált kérdés, hogy vajon a hifás tömlősgombákhoz hasonlóan a bazídiumos fajok is rendelkeznek-e egy hasonló nagyságrendű, p7TMP repertoárral?

---

<sup>1</sup> Brown, N. A., Schrevens, S., van Dijck, P. és Goldman, G. H. Fungal G-protein-coupled receptors: mediators of pathogenesis and targets for disease control. *Nat. Microbiol.* 3, 402–414 (2018).

## Célkitűzések

---

A doktori munkám fő célja volt a termőtest-iniciáció és spóráképzés transzkriptóm-alapú vizsgálata, valamint a feltárt expressziós dinamikák alapján az ezekben a folyamatokban résztvevő, magasan konzervált annotálatlan és ismeretlen funkciójú gének karakterizálása reverz genetikai analízissel *Coprinopsis cinerea* modell gombában. A dolgozat két nagy részre tagolódik, amiken belül a konkrét célkitűzések a következők voltak:

### 1. Prediktált 7-transzmembrán fehérjéket kódoló konzervált gének vizsgálata

- ❖ A p7TMP repertoár meghatározása *C. cinerea* bazídiumos modell gombában.
- ❖ Három termőtest-specifikus, konzervált p7TMP karakterizálása reverz genetikai analízissel.
- ❖ A differenciálatlan termőtesteket képző egyik p7TMP deléciós mutáns, a  $\Delta snbl$  részletes fenotipizálása, valamint a termőtestiniciációban és szöveti differenciációban résztvevő gének meghatározása az *snbl* deléciós mutáns és vad típusú törzsek transzkriptóm-alapú összehasonlításával.

### 2. A spóráképzésben résztvevő gének vizsgálata

- ❖ A spóráképzés meiotikus és posztmeiotikus folyamatait egyaránt lefedő fejlődési stádiumok időbeni vizsgálata és az egyes stádiumokban szignifikáns expressziós különbséget mutató gének meghatározása RNS-szekvenálással.
- ❖ Az ipari termesztésbe bevont fajokban is jelenlévő, a spóráképzés során felülexpresszáldó konzervált, annotálatlan vagy ismeretlen funkciójú gének karakterizálása reverz genetikai analízissel.

## Anyagok és módszerek

Tápközegek és pufferek	Részletes ismertetés
<b>Mikrobiológiai tápközegek</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>❖ Luria-Bertani tápleves/táptalaj</li> <li>❖ Szalma-korpa tápközeg</li> <li>❖ Élesztőkivonat-maltóz-glükóz táptalaj/tápleves</li> <li>❖ Csökkentett glükóz tartalmú élesztőkivonat-maltóz-glükóz táptalaj/tápleves</li> <li>❖ Szulfátos csökkentett glükóz tartalmú élesztőkivonat-maltóz-glükóz táptalaj/tápleves</li> <li>❖ Malátás tápleves/táptalaj</li> <li>❖ Regenerációs táptalaj</li> <li>❖ Fries táptalaj</li> </ul>
<b>Mikrobiológiai pufferek</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>❖ Spóra szuszpendáló puffer</li> <li>❖ Bakteriális lízis puffer</li> </ul>
<b>Gomba transzformálás során alkalmazott oldatok</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>❖ MM-oldat</li> <li>❖ MMC-oldat</li> <li>❖ PEG/CaCl<sub>2</sub></li> </ul>
<b>További, a gombaszövetek fixálásához, mosásához és festéséhez alkalmazott oldatok</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>❖ Kongóvíz oldat</li> <li>❖ Farmer's fixáló oldat</li> <li>❖ PBS-oldat</li> </ul>
<b>Molekuláris biológiai pufferek és reakcióelegyek</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>❖ 5× Gibson Mix</li> <li>❖ 1,33x Gibson Assembly Mix</li> </ul>
<b>Faj</b>	<b>Törzs</b>
<i>Coprinopsis cinerea</i>	AmutBmut1 <i>pab1-1</i> #326 homokarion törzs
<i>Escherichia coli</i>	NEB5α törzs

Módszer	Részletesebb lépései										
<b>CRISPR-Cas9 alapú génkiütés <i>C. cinerea</i>-ban</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>❖ A gRNS tervezése</li> <li>❖ A javító-templát és RNP-komplex létrehozása <ul style="list-style-type: none"> <li>○ A javító-templátot hordozó vektor építése, baktériumba való transzformálása és ellenőrzése</li> <li>○ A javító-templát előkészítése a transzformáláshoz</li> <li>○ Az RNP-komplex létrehozása</li> </ul> </li> <li>❖ PEG-alapú transzformálás <i>C. cinerea</i>-ban <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Protoplasztképzés</li> <li>○ Transzformálás</li> </ul> </li> <li>❖ A mutáns gombatörzsek azonosítása és izolálása <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Gomba kolónia-PCR</li> <li>○ Tiszta törzsek izolálása oidiálatással</li> </ul> </li> <li>❖ Génkomplementálás</li> </ul>										
	<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th style="width: 50%;"><i>Δsnb1</i> törzs</th> <th style="width: 50%;">Spóraszegény/spóramentes törzsek</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td colspan="2" style="text-align: center;">Szinkronizált termőtestképzés</td> </tr> <tr> <td>Micélium növekedési ráta és tömeg meghatározása</td> <td>Termőtestképzés szulfátos táptalajon</td> </tr> <tr> <td><i>Dark stipe</i>-képzés vizsgálata</td> <td>Bazídiumok vizsgálata fény- és fluoreszcens mikroszkóppal</td> </tr> <tr> <td>LiCl-kezelés okozta termőtestképzésgátlás tesztelése</td> <td>Spóraszám meghatározása</td> </tr> </tbody> </table>	<i>Δsnb1</i> törzs	Spóraszegény/spóramentes törzsek	Szinkronizált termőtestképzés		Micélium növekedési ráta és tömeg meghatározása	Termőtestképzés szulfátos táptalajon	<i>Dark stipe</i> -képzés vizsgálata	Bazídiumok vizsgálata fény- és fluoreszcens mikroszkóppal	LiCl-kezelés okozta termőtestképzésgátlás tesztelése	Spóraszám meghatározása
<i>Δsnb1</i> törzs	Spóraszegény/spóramentes törzsek										
Szinkronizált termőtestképzés											
Micélium növekedési ráta és tömeg meghatározása	Termőtestképzés szulfátos táptalajon										
<i>Dark stipe</i> -képzés vizsgálata	Bazídiumok vizsgálata fény- és fluoreszcens mikroszkóppal										
LiCl-kezelés okozta termőtestképzésgátlás tesztelése	Spóraszám meghatározása										
<b><i>C. cinerea</i> mutáns fenotipizálás</b>											

### ***C. cinerea* mintázása RNS-szekvenáláshoz és transzkriptomikai kiértékelése**

<b>Vizsgálatba bevont termőtest fejlődési stádiumok</b>	
<b><i>Δsnb1</i> törzs</b>	<b>Spóraszegény/spóramentes törzsek</b>
A fényindukciót követő 24. órában megjelenő másodlagos hifacsomók és a 48. órában megjelenő első stádiumú primordiumok	A fényciklus 7., 8. és 9. órájában járó lemezek

A fenti stádiumok mintázása

RNS-kivonás és szekvenálás

Az RNS-szekvenálási eredmények előkészítése<sup>2</sup>

<b>Transzkriptomikai eredmények kiértékelése</b>	
<b><i>Δsnb1</i> törzs</b>	<b>Spóraszegény/spóramentes törzsek</b>
Génontológiai kifejezések dúsulási analízise <sup>3</sup>	
Szövetspecifikus gének meghatározása <sup>4</sup>	
Vizsgált gének funkcionális annotációja (InterPro, WoLF PSORT, DeepTMHMM, SignalP6.0)	
Termőtest iniciációban résztvevő gének meghatározása <sup>4</sup>	Eukarióta ortológ csoportok (KOG) annotációja és KOG-osztályok dúsulása
DEG-ek jellemzése a konzervált funkcionális kategóriák <sup>5</sup> alapján	Expressziós profilok meghatározása (STEM)

❖ SNB1 homológkeresés<sup>3</sup>

❖ Fajfa-génfa rekonziliáció<sup>3</sup>

<sup>2</sup> Az RNS-szekvenálási adatok előkészítését Hegedüs Botond és Merényi Zsolt végezték (HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biokémia Intézet)

<sup>3</sup> Az analízist Merényi Zsolt végezte

<sup>4</sup> Krizsán és mtsai. (2019) eredményei alapján

<sup>5</sup> A konzervált funkcionális kategóriákat Nagy és mtsai. (2023) határozták meg.

## Főbb eredmények és új megállapítások

---

❖ **A bazídiumos gombák százas nagyságrendű p7TMP repertoárral bírhatnak, aminek egy jelentős hányada felülexpresszálódik a komplex soksejtű termőtestképzés során**

A *C. cinerea* bazídiumos modellgombában szerkezetet előre jelző eszközökkel 289 p7TMP-t tudunk azonosítani, amik közül 115 mutatott legalább kétszeres expressziószint-emelkedést a termőtestképzés során a vegetatív micéliumhoz képest. Ezekből 14 p7TMP konzervált.

❖ **A p7TMP-k szerepet játszanak a termőtestképzésben**

A géndeléciós vizsgálatra kiválasztott három konzervált p7TMP-k közül kettő hiánya fejlődésbeli defektusokat okozott a termőtestképzés során.

A p7TMP06 mutáns esetében a primordiumok seregeseen növekedtek. Ebben a mutánsban feltehetően nem érvényesült az a gátló mechanizmus, ami lehetővé tenné, hogy csupán pár primordium fejlődhessen tovább. Ennek következményeképpen ez a törzs nem tudott érett termőtesteket létrehozni, feltehetően a tápanyagok primordiumok közti elaprózódása miatt.

A p7TMP79 deléciós mutáns törzs a szakirodalomban eddig le nem írt morfológiai jellegekkel rendelkező termőtesteket hozott létre. A fehér, szférikus primordiumokban a differenciáció szinte teljes egészében elmaradt. A deléciós mutáns hógolyó-szerű fenotípusa miatt a kiütött gént az angol *snowball* (hógolyó) után *snb1*-nek neveztük el.

❖ **A termőtest szöveti differenciációjában feltehetően szerepet játszó gének azonosítása**

A  $\Delta snb1$  törzs belső szövetekkel nem rendelkező termőtesteinek lehetővé tették a számunkra a szöveti differenciációban résztvevő gének azonosítását. Ehhez a vad típusú és a  $\Delta snb1$  törzsek korai termőtestfejlődési stádiumait, a szöveti differenciáció előtt álló másodlagos hifacsomókat és a vad típusú törzsben a differenciáció kezdeti lépéseinek átesett első stádiumú



primordiumok transzkriptómjait hasonlítottuk össze. Ezernél is több szignifikánsan különböző expressziót mutató gént (*Differentially Expressed Gene*, DEG) tudtunk azonosítani, amik közül több mint 200-nak az ortológja más bazídiumos gomba fajokban is megtalálható és felülexpresszálódik a termőtestképzés során. A  $\Delta snb1$ -ben alulexpresszált DEG-ek egy jelentős része a termőtestiniciációban vett részt, és egy részük termőtestfejlődésben betöltött szerepét szakirodalmi eredmények is alátámasztották. A DEG-ek vizsgálatával számos olyan gént tudtunk azonosítani, amiknek jelentős szerepe lehet a termőtestképzés során lejátszódó biológiai folyamatokban vagy azok szabályozásában.

#### ❖ **Az SNB géncsalád meghatározása**

Filogenetikai vizsgálatok eredményeképpen azt figyeltük meg, hogy az SNB1 magas szinten konzervált más termőtestet képző bazídiumos gombafajokban is, és az SNB1 ortocsoport egy eddig nem ismert, új géncsaládot alkot. Az *snb* géncsalád más tagjai is nagyon hasonló expressziós dinamikát mutattak más bazídiumos gombafajok termőtestfejlődése során, ami alapján feltételezzük, hogy elengedhetetlen szereppel bírhatnak a bazídiumos gombák termőtestképzésének iniciációjában és differenciációjában.

#### ❖ **A *C. cinerea* spóráképzés meiotikus és posztmeiotikus stádiumainak transzkriptóm-alapú vizsgálata**

Összesen három fejlődési stádiumot vontunk be a transzkriptomikai analízisbe, a meiózis I. fázisának végétől egészen a spórakezdemények felfűvódásáig. Ezáltal le tudtuk fedni a meiózis folyamatának egy részét és betekintést nyerhettünk az azt követő posztmeiotikus molekuláris eseményekbe is. A magas dúsulást mutató génfunkciók alapján azt figyeltük meg, hogy a sterigmaképződés és spórafelfűvódás során intenzív sejtfal-szintézis és -átszervezés történik. Számos transzportert kódoló DEG-et azonosítottunk, amik valószínűleg a bazídiumon belül növekvő vakuólum

létrehozásában vesznek részt, amiből származó folyadék a spórákat mechanikailag leválasztó Buller-cseppet fogja létrehozni. Transzkriptóm szinten is meg tudtuk erősíteni azt a korábbi megfigyelést, miszerint a spórákban nagy mennyiségű vas-ion halmozódik fel, amit feltehetően a hem-kofaktorral rendelkező enzimek használnak fel a csírázás során.

❖ **A spóráképzésben résztvevő konzervált, annotálatlan és funkcionálisan nem ismert gének azonosítása és reverz genetikai analízise**

A transzkriptomikai adatsorunk alkalmasnak bizonyult olyan génjelöltek azonosítására, amik deléciójával a spóráképzés elakadhat. Ezt az elképzelésünket kísérletesen bizonyítottuk, ami során három olyan ismeretlen funkciójú vagy annotálatlan gént azonosítottunk (pSL20, pSL23, pSL51), amik jelentős expressziószint-növekedést mutattak a posztmeiotikus stádiumokban és konzerváltak más bazídiumos gombákban is. Ezek deléciójával spóraszegény és teljesen spóramentes *C. cinerea* törzseket tudtunk előállítani, amik nem szenvedtek egyéb a termőtestet érintő és szemmel látható morfológiai defektusoktól. A mikroszkópos vizsgálatok bizonyították, hogy a mutációk nem érintették a meiózist. Az egyik mutáns törzs esetében jelentősen kevesebb spóra termelődött, míg a másik két deléciós törzs esetében megkezdődött a spórák felfúvódása, de végül nem tudták befejezni az érésüket és a kalap autolízisét követően nem lehetett spórákat kimutatni a lemezben.

## Összefoglaló

---

Doktori munkám során bizonyítottam, hogy a komplex morfológiájú termőtestet képző bazídiumos gombák több száz p7TMP-vel rendelkeznek, ami nagyságrendileg összemérhető a komplex soksejtű állatok GPCR-repertoárjával. A konzervált p7TMP-k reverz genetikai analízise alátámasztotta, hogy valóban szerepük lehet a differenciációban. Ezek egyike, az *snbl* deléciója olyan *Coprinopsis cinerea* mutáns törzset eredményezett, ami belső struktúrák nélküli termőtesteket képzett. Ez a fenotípus kivételes lehetőséget jelentett a szöveti differenciálódásban résztvevő gének transzkriptóm-alapú vizsgálatára. Több, mint kétezer gént azonosítottunk, amik közül több száz mutatott szöveti specifitást. Ezek a gének értékes jelöltjeik lehetnek a jövőbeni, fejlődés-genetikai vizsgálatoknak.

A spóráképzés vizsgálata során nyert transzkriptóm adatsor hiánypótló, mivel a már részletesen feltárt meiotikus lépések mellett külön hangsúlyt fektettünk az ezt követő, posztmeiotikus stádiumokra is. Ezáltal több mint ezer gént azonosítottunk, amik a meiózist követő folyamatokban játszhatnak szerepet. Ezen túlmenően reverz genetikai analízissel karakterizáltunk három, annotálatlan vagy funkcionálisan ismeretlen gént, amik hiánya defektust okozott a sporulációban. Ezeknek a géneknek az ortológjai jelen vannak olyan más, ipari termesztésbe bevont bazídiumos gombafajok genomjában is, mint pl. a kései laska. Ezért, a spóramentes *C. cinerea* törzsek előállításához választott gének ortológjai ígéretes jelöltek lehetnek ipari spóramentes gombatörzsek létrehozásához.

## Summary

---

During my doctoral research, I showed that basidiomycete fungi forming complex morphological fruiting bodies possess several hundred p7TMPs, which is roughly comparable to the GPCR repertoire of complex multicellular animals. Reverse genetic analyses of conserved p7TMPs supported their possible role in differentiation. One of these deletions, the *snb1* deletion, resulted in a *Coprinopsis cinerea* mutant strain that forms fruiting bodies without internal structures. This phenotype provided an exceptional opportunity for the transcriptomic study of genes involved in tissue differentiation. We identified over two thousand genes, of which several hundred showed tissue specificity. These genes could serve as valuable candidates for future developmental genetic studies.

The transcriptomic dataset obtained from the study of sporulation fills a crucial gap, as we focused not only on the well-documented meiotic steps, but also on the subsequent post-meiotic stages. This allowed us to identify over a thousand genes potentially involved in processes after following meiosis. In addition, through reverse genetic analyzes, we characterized three previously unannotated or functionally unknown genes whose absence leads to defects in sporulation. Orthologs of these genes are present in the genomes of other basidiomycetes that occur in industrial cultivation, such as late blight. Therefore, orthologs of the genes selected for the generation of sporeless *C. cinerea* strains could serve as promising candidates for creating industrial sporeless fungal strains.

## **A doktori eljárás alapját képező közlemények**

---

1. Földi, C., Merényi, Z., Bálint, B., ... Galgóczy, L., and Nagy, L. (2024). Snowball: a novel gene family required for developmental patterning of fruiting bodies of mushroom-forming fungi (Agaricomycetes). *mSystems*, **IF: 7,324**
2. Varga, T., Földi, C., Bense, V., és Nagy, L. G. (2022). Radiation of mushroom-forming fungi correlates with novel modes of protecting sexual fruiting bodies. *Fungal Biology*, 126(9), 556-565. **IF: 2,91**

### További, referált folyóiratban megjelent közlemények:

1. Varga, T., Krizsán, K., Földi, C., Dima, B., Sánchez-García, M., Sánchez-Ramírez, S., és Nagy, L. G. (2019). Megaphylogeny resolves global patterns of mushroom evolution. *Nature Ecology és Evolution*, 3(4), 668-678. **IF: 19,1**
2. Hernansaiz-Ballesteros, R. D., Földi, C., Cardelli, L., Nagy, L. G., és Csikász-Nagy, A. (2021). Evolution of opposing regulatory interactions underlies the emergence of eukaryotic cell cycle checkpoints. *Scientific Reports*, 11(1), 11122. **IF: 4,6**
3. Virágh, M., Merényi, Z., Csernetics, Á., Földi, C., Sahu, N., Liu, X. B., és Nagy, L. G. (2022). Evolutionary morphogenesis of sexual fruiting bodies in Basidiomycota: toward a new evo-devo synthesis. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 86(1), e00019-21. **IF: 13,044**
4. Nagy, L. G., Vonk, P. J., Künzler, M., Földi, C., Virágh, M., Ohm, R. A., és Merényi, Z. (2023). Lessons on fruiting body morphogenesis from genomes and transcriptomes of Agaricomycetes. *Studies in Mycology*. **IF: 25,731**
5. Bálint, B., Merényi, Z., Hegedüs, B., Grigoriev, I., Hou, Z., Földi, C., Nagy, L. G. (2024) ContScout: sensitive detection and removal of contamination from annotated genomes. *Nature Communication*. 15, 936. **IF: 16,6**

Kumulatív impakt faktor: **89,309**

## Konferencia előadások

- Csenge Földi, Zsolt Merényi, László Galgóczy, László G. Nagy:  
Sporeless white caps: identification of novel conserved unannotated genes regulating sporogenesis in Agaricomycetes  
Asian Mycological Congress 2023, 2023. 10. 10.-13., Dél-Korea, Szöul
- Csenge Földi, Zsolt Merényi, László Galgóczy, László G. Nagy:  
Prediktált kis szekretált fehérjék (SSP-k) és 7 transzmembrán receptorok szerepének vizsgálata a gomba soksejtűség kialakításában  
Tavaszi Szél Konferencia, 2020. 10. 16.

## Konferencia poszterek

- Csenge Földi, Zsolt Merényi, László Galgóczy, László G. Nagy:  
Snowball phenotype: what we can learn about fruiting body development of mushrooms by examining a conserved unannotated gene, *snb1* knock-out mutant in *Coprinopsis cinerea*?  
Asian Mycological Congress 2023, 2023. 10. 10.-13., Dél-Korea, Szöul
- Csenge Földi, Zsolt Merényi, László Galgóczy, László G. Nagy:  
Developmentally expressed unannotated genes regulate fruiting body morphogenesis of the Basidiomycota model organism *Coprinopsis cinerea*  
16. European Conference on Fungal Genetics, 2023. 03. 5.-8., Austria, Innsbruck
- Csenge Földi, Zsolt Merényi, László G. Nagy and László Galgóczi: Deciphering fungal putative 7 trans-membrane receptor repertoire that may underlie the development of complex multicellularity  
31. Fungal Genetics Conference, 2022. 03. 15.-20. USA, Asilomar (online)
- Földi Csenge, Nagy G. László, Galgóczi László, Merényi Zsolt: Kisméretű szekretált fehérjék (ssp) és újonnan annotált receptorok szerepének vizsgálata a termőtestképző gombák morfogenezisében és a soksejtűség kialakulásának szabályozásában  
VII. Magyar Mikológiai Konferencia (2020. 10.27.-29.) (online)

## Köszönetnyilvánítás

Mindenek előtt szeretnék köszönetet mondani témavezetőimnek, **Nagy Lászlónak** és **Galgóczi Lászlónak**, akik lehetőséget biztosítottak a doktori munkám elvégzésére. Együttes témavezetésüknek köszönhetően rálátást kaphattam, hogy ugyanazt a területet mennyire különböző aspektusból lehet megközelíteni és körbejárni. A biztos alapok mellett teret engedtek arra, hogy kipróbálhassak új dolgokat, ezáltal értékes tapasztalatokat szerezhsek. Mindig hálás leszek nekik, amiért bizalommal, türelemmel és folytonos támogatással mutattak utat a szakmai fejlődésem során és segítettek eljutni ehhez a mérföldkőhöz.

Nagy köszönettel tartozok a Gomba Genomika és Evolúció kutatócsoport valamennyi jelenlegi és volt tagjának, akik szakmai és baráti támogatására bármikor számíthattam.

Köszönettel tartozok **Merényi Zsoltnak**, **Bálint Balázsnak** és **Hegedüs Botondnak** a bioinformatikai analízisekben nyújtott munkájukért, valamint lelkes, készséges és türelmes tanítgatásukért.

Hálás vagyok iroda- és labortársaimnak, **Neha Sahunak**, **Xiao-Bin Liunak**, **Csernetics Árpádnak**, **Virágh Máténak** és **Zhihao Hounak**, amiért befogadtak, befűszerezték a mindennapokat és még a nehezebb időszakokban is mellettem ültek. Máténak külön köszönöm, hogy a csoporthoz csatlakozásomkor segített elsajátítani a kísérletes munkák alapjait és utána is számíthattam a tanácsaira. Zhihaonak köszönöm a *time-lapse* felvételek felállításában nyújtott segítségét, valamint neki és Neha-nak, hogy sorsközösséget vállaltak velem a doktoranduszi évek során.

Köszönöm **Ábrahám Editnek** a kedvességét és segítségét a fluoreszcens mikroszkópiás felvételek készítésénél.

Végezetül, nagy köszönettel tartozok **családomnak**, köztük Anyukámnak és Simonnak feltétlen szeretetükért és folyamatos biztatásukért, **barátaimnak**, amiért velem együtt lelkesedtek, valamint **Áron** páromnak, aki mindig végtelen kedvességgel és megértéssel kísért végig.

Több részből felépülő doktori kutatásom az innovációs és technológiai minisztérium Kooperatív Doktori Program doktori hallgatói ösztöndíj programjának és Új Nemzeti Kiválósági Programjának a nemzeti kutatási, fejlesztési és innovációs alapból finanszírozott szakmai támogatásával készült (KDP-17-4/PALY-2021, ÚNKP-19-3/2019).

## Társszerzői nyilatkozat

Kijelentem, hogy ismerem **Földi Csenge Anna** PhD fokozatra pályázó doktorjelölt „**Bazídiumos gombák termőtestfejlődésében szerepet játszó és biotechnológiai jelentőséggel bíró konzervált, annotálatlan gének azonosítása**” című disszertációját. Felelős szerzőként kijelentem, hogy **Földi Csenge Anna** jelentősen hozzájárult az alább felsorolt tudományos publikációk eredményéhez.

1. Földi, C., Merényi, Z., Balázs, B., Csernetics, Á., Miklovics, N., Wu, H., ... és Nagy, L. G. (2024). Snowball: a novel gene family required for developmental patterning of fruiting bodies of mushroom-forming fungi (Agaricomycetes). *mSystems*, e01208-23.

2. Varga, T., Földi, C., Bense, V., és Nagy, L. G. (2022). Radiation of mushroom-forming fungi correlates with novel modes of protecting sexual fruiting bodies. *Fungal Biology*, 126(9), 556-565.

Igazolom, hogy az ebben a dolgozatban bemutatott eredményeket egyetlen más PhD dolgozat sem mutatta be és a jövőben sem használják fel tudományos fokozat megszerzéséhez

Szeged, 2024.04.04.



Dr. Nagy G. László



Dr. Galgóczi László Norbert