

DOKTORI ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

***PSEUDOMONAS* IZOLÁTUMOK ÉS *ASPERGILLUS FLAVUS* KÖZÖTTI
ANTAGONISTA KÖLCSÖNHATÁSOK VIZSGÁLATA**

PAPP DÓRA ANNA

TÉMAVEZETŐK

DR. VARGA MÓNICA

DR. HAMARI ZSUZSANNA

BIOLÓGIA DOKTORI ISKOLA



SZEGEDI TUDOMÁNYEGYETEM

**TERMÉSZETTUDOMÁNYI ÉS INFORMATIKAI KAR
BIOTECHNOLÓGIAI ÉS MIKROBIOLÓGIAI TANSZÉK**

SZEGED

2025

Bevezetés

A mikroorganizmusok a bioszféra alapvető részei, melyek a talajban, vízben, levegőben, valamint az eukarióták szervezetében egyaránt megtalálhatók. A természetben a mikroorganizmusok egymással, illetve magasabbrendű eukariótákkal összetett közösségeket alkotnak, és egymással kölcsönhatva komplex ökoszisztémát alakítanak ki. A kölcsönható organizmusok különböző mértékben befolyásolják a környezetükben élő más organizmusok növekedését, szaporodását, táplálkozását, mozgását, stresszel szembeni ellenálló képességét, patogenitását. A parazita mikrobák közül a fitopatogén gombák nem csak termés kieséshez vezető kórfolyamatot váltanak ki a növényekben, hanem mikotoxinokkal (pl. *Aspergillus flavus* által termelt aflatoxin B1 – AFB1) szennyezik a termést a szántóföldön, illetve a termés raktározása során. Mivel a gombakártevők ellen alkalmazott növényvédőszer hatóanyagok az emberi gyógyászatban is használatosak, ezért herbicidként való használatuk során a környezetbe kijutva a humánpatogén fajok körében is rezisztens törzsek kialakulását generálja. Fontos ezért, hogy a fungicid hatóanyag felhasználást más megközelítési módszerekkel kiváltsuk, pl. vetésforgó, rezisztens fajok nemesítése és termesztése, és biokontroll baktérium, illetve gomba törzsek használata. Jelenleg kiterjedten kutatott terület a gomba-baktérium kölcsönhatások vizsgálata, ideális biokontroll törzsek azonosítása, a kölcsönhatások mechanizmusainak vizsgálata és új bioaktív hatóanyagok keresése. Mivel a rizoszféra-talajban intenzív mikrobiális interakciók zajlanak, ezért a rizoszférából izolált mikrobák tanulmányozásával nyílik a legjobb lehetőségünk kiemelkedő biokontroll potenciállal rendelkező mikrobák izolálására. Az értekezésben bemutatott PhD kutatás a fitopatogén és raktári kártevő *Aspergillus flavus* gomba elleni hatékony biológiai védekezés lehetőségét keresve a metabolikusan sokoldalú *Pseudomonas* nemzetségbe tartozó fajok izolálását, és a gomba-baktérium kölcsönhatások vizsgálatát célozza.

Célkitűzések

Munkánk során célul tűztük ki, hogy új *Pseudomonas* törzseket izoláljunk és fajsztinon azonosítsunk kukorica rizoszférából, majd konfrontációs kísérleteket követő metabolomikai elemzéssel feltárjuk az izolált *Pseudomonas* törzsek és az *A. flavus* közötti kölcsönhatások jellegét, és a konfrontálódó partnerekben keletkezett válaszreakciókat, különös tekintettel az AFB1 toxin termelésének modulálására. A konfrontációs kísérleteket mind szilárd- (külön volatilis vegyületekre és külön oldható vegyületekre fókuszáló), mind pedig folyadékfázisú konfrontációs kísérletekben is meg kívántuk vizsgálni. A metabolomikai vizsgálatokhoz HPLC-HRMS mérésekkel terveztük a metabolitok detektálását, majd összehasonlító elemzésekkel kívántuk azonosítani a konfrontációban keletkező metabolitokat. Úgy gondoltuk, hogy a konfrontációkban megjelenő metabolitok között találhatunk értékes, akár eddig még nem azonosított bioaktív vegyületeket is, melyek az *A. flavus* elleni biológiai védekezésben hasznosíthatóak lehetnek a szántóföldön, vagy a termények raktározásakor. Célkitűzésünkkor reméltük, hogy a konfrontációkor fellépő metabolikus válaszreakciók majd megvilágíthatják a konfrontáció kimenetelét meghatározó molekuláris mechanizmust is, melyek alapkutatás szinten bővíthetik ismereteinket a mikrobiális interakciók területén.

Alkalmazott módszerek

Mikrobiológiai módszerek

Baktériumtörzsek izolálása szelektív táptalajon. Gomba és baktérium izolátumok tenyésztése és hosszú távú fenntartása.

Baktérium törzsek jellemzése: másodlagos metabolittermelés vizsgálata különböző tápoldatokban, hidrogén-cianid termelő képesség vizsgálata, aflatoxin B1-bontó képesség tesztelése, növekedési és biokémiai tesztek.

Szilárd- és folyadékfázisú konfrontációs tesztek végrehajtása *A. flavus* gombával szemben. Illékony komponensek vizsgálata szilárd fázisú konfrontációs tesztek során.

Mikroszkópia (fénymikroszkópia, pásztázó elektronmikroszkópia)

A baktérium izolátumok morfológiájának tanulmányozása.

Molekuláris módszerek

DNS izolálás baktérium sejtekből, PCR, gélelektroforézis.

Méréstechnikai módszerek

Gázkromatográfia, folyadékkromatográfia-nagyfelbontású tömegspektrometria (HPLC-HRMS).

Elért eredmények

1. Kukorica rizoszférából **51 *Pseudomonas* baktériumot izoláltunk és *rpoD* génszekvenciájuk alapján végzett összehasonlító filogenetikai vizsgálattal faj szinten azonosítottuk őket.** Az izolátumokat **hat kivételével** a *P. fluorescens*, *P. putida*, *P. koreensis*, *P. jessenii* és *P. pohangensis* csoportokba tartozó fajokként határoztuk meg. A hat izolátum izogenikus volt az *rpoD* génre nézve, és egyetlen ismert *Pseudomonas* csoportba sem lehetett besorolni. Hogy megerősítsük taxonómiai elkülönülésüket, kiegészítettük az *rpoD* génre végzett filogenetikai analízist az *rpoB* gén és a 16S rRNS gén szekvenciájával, és újra vizsgáltuk az izolátumok taxonómiai pozícióját. A három génes vizsgálat is ugyanazt eredményezte, **a hat izolátum a Mandelii kládhoz közel rokonságban álló, de elkülönülő fajnak tűnő csoportot alkotott. Ezért random módon kiválasztottuk az egyik izolátumot (Ps_91) és megszekvenáltuk és annotáltuk annak teljes genomját.** Ezt követően 1343 különböző fehérjét kiválasztottunk és azok 85 *Pseudomonas* fajban elérhető ortológjaival összehasonlító filogenetikai elemzést végeztünk, és egyrészt posztosítottuk a törzs filogenetikai pozícióját (a Corrugata és a Jessenii kládok között egy különálló kládot képez), valamint **bizonyítottuk, hogy a Ps_91 izolátum egy eddig ismeretlen új *Pseudomonas* faj képviselője.**

2. Az új *Pseudomonas* faj genomvizsgálata során 4 NRPS, 3 RiPP, 1 PKS és 4 egyéb kategóriába sorolható másodlagos metabolit génklasztert azonosítottunk. A másodlagos metabolitok tekintetében HPLC-HRMS módszer segítségével **ektoin**, **N-acetil-glutaminil-glutamin amid (NAGGN)**, **aril-polién**, valamint biokémiai teszt segítségével **HCN termelését igazoltunk** az izolátumban, ami alapján az izolátum vélhetően jó ozmotikus-, és oxidatív stressztűrő képességgel rendelkezik, valamint (a HCN termelés okán) ígéretes alany a mezőgazdasági felhasználhatóság terén. **Az új fajt fenotipizáltuk**, és megállapítottuk optimális növekedési paramétereit (28 °C; 3-4% NaCl (w/v), pH= 6,0), pásztázó elektronmikroszkópos képe alapján a méretét (1,1-1,9 µm hosszú, 0,2-0,5 µm széles), valamint számos biokémiai jellemzőjét (pozitív eszkulin hidrolízis, N-acetil-glükózamin-, kálium-glükonát-, kaprinsav-, trinátrium-citrát és adipinsav asszimiláció, levántermelés, β-hemolízis és kataláz aktivitás). A *Pseudomonas*-ok fajazonosítására is felhasználható zsírsavprofil is meghatároztuk, melyben legnagyobb mennyiségben C16:0-t detektáltunk, és emelet C12:0, C14:0, C16:0, C18:0, C10:0 3-OH, C12:0 2-OH, C12:0 3-OH és C17:0 ciklo zsírsavakat. A detektált fő poláris lipidek a

foszfatidil-kolin, a foszfatidil-etanolamin, a foszfatidil-glicerol, a lizofoszfatidil-etanolamin és a lizofoszfatidil-glicerol és izoprenoid kinonok (ubikinon 9, 8, 4 és 2) voltak. Mind a biokémiai jellegek, mind a zsírsavmetabolit-profil megerősítette a Ps_91 izolátum az eddig megismert fajoktól történő elkülönülését.

3. Az 51 *Pseudomonas* izolátum bioaktív metabolittermelését LB, King és PDB tápoldatokban történő tenyésztés után vizsgáltuk. Megállapítottuk, hogy a PDB tápoldatban több olyan bioaktív metabolit is képződik, ami alkalmassá teheti az adott izolátumot biokontroll célú felhasználásra. **Számos antibiotikumot** (fenazin-1-karbonsav, 2-hidroxi-fenazin), **CLP-vegyületet** (massetolid E, H), **homoszerin-laktont** (etil-homoszerin lakton, N-oktanoil homoszerin lakton, N-hexanoil homoszerin lakton, N-dekanoil homoszerin lakton) és **ciklodipeptidet** (ciklo-Pro-Met, ciklo-Tyr-Pro, ciklo-Pro-Val, ciklo-Tyr-Pro) **azonosítottunk**, melyek mindegyike különböző hatásmechanizmusokon keresztül befolyásolni tudja a gombapatogének növekedését.

4. Szilárd és folyadékfázisban történő konfrontációs kísérletek során vizsgáltuk a *Pseudomonas* izolátumok és az *A. flavus* közötti kölcsönhatást. AFB1 adagolásával kimutattuk, hogy a *Pseudomonas* izolátumaink PDB –ben nevelt önálló tenyészetek nem képesek az AFB1 bontására. Tehát ha konfrontációs kísérletekben tapasztalunk AFB1-szint csökkenést, az nem a baktérium AFB1 jelenlétére adott válasznak köszönhető, hanem a baktérium és gomba közötti más interakció eredménye.

4.1. A szilárd fázisú konfrontációban elsőként az illékony vegyületeken keresztül történő kölcsönhatást vizsgáltuk. Öt esetben szignifikánsan megnőtt, 5 esetben pedig szinte teljesen megszűnt a gomba toxintermelése. Megvizsgáltuk a baktérium HCN volatilis metabolit termelő képessége és az interakciós partnergomba AFB1 termelésének megemelkedése, illetve visszaszorítása közötti összefüggés lehetőségét. Nem találtunk korrelációt a HCN termelőképeség és a gombapartner AFB1 termelése között. Az a tény, hogy a Ps_70, 29, 39, 60 és 38 izolátumok volatilis metabolitja képes az *A. flavus* toxintermelését visszaszorítani, a jövőben arra ösztönöz minket, hogy azonosítsuk ezen *Pseudomonas* izolátumok interakció során termelt volatilis metabolitjait.

4.2. A szilárd fázisú agardiffúziós konfrontációs tesztek során a *Pseudomonas* izolátumok 78%-a képes volt befolyásolni a gomba AFB1 termelését, de csak 3 izolátum tudta szinte teljesen gátolni azt.

4.3. A folyadékfázisú konfrontációkban az izolátumok 72%-a tudta szinte teljesen gátolni a toxin képződését és emellett legalább 39,3%-os micéliumtömeg csökkenést is előidézték.

A szilárd- és folyadékfázisú konfrontációs tesztek eredményei között mutatkozó eltérések magyarázata a bioaktív hatóanyag oldatban történő hatékony diffúziója lehet. Az AFB1 és az AFB1-hez kapcsolható prekursor vagy downstream transzformációs származékok HPLC-HRMS mérésekkel történő azonosítása alapján feltételeztük, hogy a különböző *Pseudomonas* izolátumok több mechanizmussal is tudják modulálni az *A. flavus* toxintermelését.

4.4. A különböző *Pseudomonas* izolátumokkal végzett *A. flavus* konfrontációk során bekövetkező AFB1 szint változásból, illetve AFB1 prekursor vagy downstream származékok megjelenéséből az alábbi három fő mechanizmust azonosítottuk az AFB1 szint modulálásának hátterében.

- Azokban a konfrontációkban, ahol sem az AFB1-et, sem az AFB1 valamilyen prekursorát, vagy downstream származékát nem mutattuk ki, feltételezzük, hogy az AFB1 bioszintézisének gátlása történt, feltehetően a gombatoxin bioszintetikus útvonalának regulátorain keresztül. Csak három izolátum (*P. paracarnis* és két *P. chlororaphis* törzs) volt képes teljes mértékben megszüntetni a gomba AFB1 termelését mind szilárd-, mind folyadékfázisú konfrontációs kísérletekben anélkül, hogy bioszintetikus prekursor molekulák vagy downstream transzformációs termékek keletkeztek volna. A *P. paracarnis* izolátum dipeptideket (ciklo-Pro-Val, ciklo-Tyr-Pro) és két QS molekulát (2-amino-acetofenon és az etil-homoszerin-lakton) termelt, míg a *P. chlororaphis* izolátumok N-hexanoil-HSL-t állítottak elő, melyek hozzájárulhatnak a baktériumok biokontroll képességéhez. Az AFB1 bioszintézis gátlást kiváltó hatóanyag azonosítására csak az ezt követő vizsgálataink során fogunk fényt deríteni.
- Azokban a konfrontációkban, ahol bioszintetikus prekursor molekulák felhalmozódását találtuk, feltehetően az AFB1 bioszintézisében kulcsszerepet játszó OrdA oxidoreduktáz enzim aktivitásának túlzott megnövekedése történt. Az, hogy milyen *Pseudomonas* metabolit megjelenése váltja ki ezt a választ a gombában, a jövőben kerül tisztázásra.
- Azokban a konfrontációkban, ahol downstream AFB1 származékokat (degradációs vagy transzformált származékokat) mutattunk ki, valószínűleg citokróm P-450 oxidoreduktázok vagy lakkázok játszhattak szerepet az AFB1 szint modulálásában, valamint nem enzimatis módon is átalakulhatott az AFB1 (pl. nitrogénéhezésre bekövetkező tápközeg savanyodása hatására az AFB1 furofurán gyűrű kettős kötésének hidratációja).

4.5. A *P. paracarnis*-ként azonosított Ps_4 izolátummal olyan folyadékfázisú *A. flavus* konfrontációs kísérletet hajtottunk végre, amely lehetővé tette számunkra a metabolitok eredetének (bakteriális vs. fungális) nyomon követését, valamint a konfrontációval kiváltott metabolikus válaszok vizsgálatát. 492 szignifikáns metabolitot detektáltunk, melyből az *A. flavus* esetén 12, a *P. paracarnis* esetén 4, a szakirodalomban fellelhető bioaktív metabolitot azonosítottunk. A konfrontációs kölcsönhatás során a baktérium szinte teljes metabolitkészlete, a gombametabolitoknak pedig alig 7%-a jelent meg. **A kölcsönhatás során nyolc olyan metabolitot detektáltunk, amelyeket sem a gomba, sem a baktérium sem önmagában, sem a partner organizmus sejtmentes felülúszójában, sem az inaktivált partner micélium/sejt jelenlétében nem termelt.** A nyolc metabolitból **négy metabolit foszfatidil-etanolamin volt, mely bakteriális vezikulumok kibocsájtásával, illetve gombasejt pusztulást kísérő membrán törmelék kiszabadulásával magyarázható.** A másik **négy metabolit közül az egyik egy egyértelműen beazonosítható gomba sziderofór, az N,N',N''-triacetil-fuzarinin, ezért valószínű, hogy a konfrontációban az *A. flavus* termeli.** A **maradék három N-acetil-fuzarinin tartalmú metabolit, melynek eredete nem ismert, de szerepe feltételezhetően sziderofór.** Jelentősége a tápanyagokért, pontosabban a vasért folytatott versengésben van.

Kísérleteink egy nagyívű projekt kezdetét jelentik, mely során a jövőben mélyebben megérthetjük a *Pseudomonas* vs. *A. flavus* interakciók kimenetelét meghatározó metabolikus mozgatórugókat és metabolikus válaszokat.

Summary

1. Isolation and identification of *Pseudomonas* strains.

We isolated 51 *Pseudomonas* bacteria from the maize rhizosphere and identified them at the species level using comparative phylogenetic analysis based on *rpoD* gene sequences. Except for six isolates, they were classified into the *P. fluorescens*, *P. putida*, *P. koreensis*, *P. jessenii*, and *P. pohangensis* groups. The six remaining isolates were isogenic for the *rpoD* gene and could not be assigned to any known *Pseudomonas* group. To confirm their taxonomic distinction, we expanded the phylogenetic analysis to include the *rpoB* and 16S rRNA gene sequences and re-evaluated their taxonomic position. This three-gene analysis confirmed that these six isolates formed a distinct group closely related to the *Mandelii*

clade but separate from previously described species. We randomly selected one isolate (Ps_91), sequenced its whole genome, and annotated it. Subsequently, we performed a comparative phylogenetic analysis using 1,343 proteins and their orthologs from 85 *Pseudomonas* species. This analysis refined the phylogenetic placement of Ps_91, revealing that it forms a distinct clade between the *Corrugata* and *Jessenii* clades. These findings confirmed that Ps_91 represents a novel *Pseudomonas* species.

2. Genomic and phenotypic characterization of the new *Pseudomonas* species.

Genome analysis of the new *Pseudomonas* species identified four NRPS, three RiPP, one PKS, and four other secondary metabolite gene clusters. Using HPLC-HRMS, we confirmed the production of ectoine, N-acetylglutaminyl glutamine amid (NAAGN), aryl-polyene, and HCN, suggesting that the isolate has strong osmotic and oxidative stress tolerance and potential agricultural applications due to its HCN production.

Phenotypic characterization revealed its optimal growth conditions (28 °C, 3–4% NaCl (w/v), pH 6.0) and morphology (1.1–1.9 µm in length, 0.2–0.5 µm in width) based on scanning electron microscopy. The strain exhibited various biochemical properties, including positive esculin hydrolysis, N-acetylglucosamine, potassium gluconate, capric acid, trisodium citrate, and adipic acid assimilation, levan production, β-hemolysis, and catalase activity.

We also determined its fatty acid profile, useful for *Pseudomonas* species identification. The most abundant fatty acid detected was C16:0, along with C12:0, C14:0, C16:0, C18:0, C10:0 3-OH, C12:0 2-OH, C12:0 3-OH, and C17:0 cyclo-fatty acids. The major detected polar lipids included phosphatidylcholine, phosphatidylethanolamine, phosphatidylglycerol, lysophosphatidylethanolamine, lysophosphatidylglycerol, and isoprenoid quinones (ubiquinone-9, 8, 4, and 2). Both its biochemical characteristics and fatty acid metabolite profile confirmed that Ps_91 is distinct from previously identified *Pseudomonas* species.

3. Bioactive metabolite production of *Pseudomonas* isolates.

We examined the bioactive metabolite production of the 51 *Pseudomonas* isolates after cultivation in LB, King, and PDB media. We found that PDB medium induced the production of bioactive metabolites that could enhance the biocontrol potential of certain isolates. Identified compounds included antibiotics (phenazine-1-carboxylic acid, 2-hydroxy-phenazine), CLP compounds (massetolid E, H), homoserine lactones (ethyl-homoserine lactone, N-octanoyl homoserine lactone, N-hexanoyl homoserine lactone, N-decanoyl homoserine lactone), and cyclodipeptides (cyclo-Pro-Met, cyclo-Tyr-Pro, cyclo-

Pro-Val, cyclo-Tyr-Pro), all of which influence fungal pathogen growth through different mechanisms.

4. Interaction between *Pseudomonas* isolates and *Aspergillus flavus*.

We investigated the *Pseudomonas*–*A. flavus* interactions using solid- and liquid-phase confrontation assays. Supplementing cultures with AFB1 confirmed that *Pseudomonas* isolates grown in PDB medium alone could not degrade AFB1. Thus, observed reductions in AFB1 levels in confrontation experiments resulted from bacteria-fungus interactions rather than direct AFB1 degradation by the bacteria.

4.1. Volatile compound-mediated interactions.

In solid-phase confrontation assays, we first examined interactions mediated by volatile compounds. In five cases, *A. flavus* toxin production significantly increased, while in another five cases, it was nearly eliminated. We investigated whether a correlation existed between bacterial HCN production and the modulation of AFB1 production in *A. flavus*, but no significant correlation was found. However, the volatile metabolites of Ps_70, 29, 39, 60, and 38 suppressed *A. flavus* toxin production, warranting further studies to identify the responsible volatile metabolites.

4.2. Agar diffusion confrontation assays.

In solid-phase agar diffusion assays, 78% of the *Pseudomonas* isolates influenced AFB1 production, but only three isolates could completely inhibit it.

4.3. Liquid-phase confrontation assays.

In liquid-phase confrontation assays, 72% of the isolates almost completely suppressed AFB1 production and simultaneously reduced mycelial biomass by at least 39.3%. Differences between solid- and liquid-phase assays suggest that the effective diffusion of bioactive compounds in liquid media enhances antifungal activity.

4.4. Mechanisms of AFB1 modulation.

Based on AFB1 precursor and downstream transformation products, we identified three main mechanisms involved in AFB1 modulation by *Pseudomonas* isolates:

- Biosynthesis inhibition: In some interactions, neither AFB1 nor its precursors or downstream derivatives were detected, suggesting that AFB1 biosynthesis was inhibited, likely via fungal toxin biosynthesis regulators. Only three isolates (*P. paracarnis* and two *P. chlororaphis* strains) completely suppressed AFB1 production in both solid- and liquid-phase assays without precursor accumulation.
- Precursor accumulation: Some interactions resulted in AFB1 precursor accumulation, likely due to the overactivation of OrdA oxidoreductase, a key

enzyme in AFB1 biosynthesis. The bacterial metabolite responsible for triggering this response remains unknown.

- AFB1 degradation/transformation: In certain interactions, downstream AFB1 derivatives were detected, suggesting enzymatic modification via cytochrome P-450 oxidoreductases or laccases, or non-enzymatic degradation (e.g., acidification-induced AFB1 transformation).

4.5. Metabolic analysis of *P. paracarnis*–*A. flavus* interaction.

We performed liquid-phase confrontation assays with Ps_4 (*P. paracarnis*) to track the origin of bacterial vs. fungal metabolites. Among 492 detected metabolites, 12 from *A. flavus* and 4 from *P. paracarnis* were identified as bioactive compounds. During interaction, almost all bacterial metabolites and only 7% of fungal metabolites were detected. Notably, eight unique metabolites were identified, which were absent in both individual cultures and inactivated supernatants. Four of these were phosphatidylethanolamines, likely originating from bacterial vesicles or fungal membrane degradation, while the remaining included an *A. flavus* siderophore (N,N',N''-triacetyl-fusarinin) and three unknown N-acetyl-fusarinin derivatives involved in iron competition. Our findings mark the beginning of a larger project aimed at understanding the metabolic drivers of *Pseudomonas*–*A. flavus* interactions and their implications for biocontrol strategies.

Referált folyóiratban megjelent közlemények

Papp, D.A., Kocsubé, S., Farkas, Z., Szekeres, A., Vágvolgyi, Cs., Varga, M. (2024) Aflatoxin B1 Control by Various *Pseudomonas* Isolates. *Toxins*. 16 : 8 Paper: 367, 14 p. **IF (2024): 3,9**.

Kovács, T., **Papp, D.A.**, Varga, M., Szekeres, A., Palágyi, A., Vágvolgyi, Cs., Papp, T., Krisch, J., Takó, M. (2024) Influence of enzyme treatment approach on the phenolics content and antioxidant potential of sorghum grain samples. *LWT*. 200 Paper: 116199, 13 p. **IF (2024): 6,0**.

Kotogán, A., Furka, Zs. T., Kovács, T., Volford, B., **Papp, D.A.**, Varga, M., Huynh, T., Szekeres, A., Papp, T., Vágvolgyi, Cs., Takó, M. (2022) Hydrolysis of Edible Oils by Fungal Lipases: An Effective tool to Produce Bioactive Extracts with Antioxidant and Antimicrobial Potential. *Foods*. 11 : 12 Paper: 1711, 19 p. **IF (2022): 5,2**.

Kulmány, Á., Frank, É., **Papp, D.A.**, Szekeres, A., Szebeni, G. J., Zupkó, I. (2021) Biological Evaluation of Antiproliferative and Anti-Invasive Properties of an Androstadiene Derivative on Human Cervical Cancer Cell Lines. *Journal of steroid biochemistry and molecular biology*. 214 Paper: 105990, 12 p. **IF (2021): 5,011**.

Összesített impakt faktor: 20,111.

Konferencia összefoglalók

Papp, D.A., Tari., K., Hamari, Zs., Szekeres, A., Vágvolgyi, Cs., Varga, M. Investigation of the metabolomic profile of *Pseudomonas* strains. In: Gyalai, I.M., Czóbel, Sz. 21st Wellmann International Scientific Conference: Book of abstracts. Hódmezővásárhely, Magyarország: University of Szeged, Faculty of Agriculture. (2024) 128 p. 60.

Papp, D.A., Hamari, Zs., Szekeres, A., Vágvolgyi, Cs., Varga, M. Inhibition of growth and aflatoxin B1 production in *Aspergillus flavus* by *Pseudomonas* strains. In: Universität Innsbruck, Department of Microbiology - Universität Innsbruck, Department of Microbiology (szerk.) 16th European Conference on Fungal Genetics: Programme & Abstracts. Innsbruck, Ausztria : Universität Innsbruck (2023) 1,001 p. p. 473.

Papp, D.A., Tari., K., Huynh, T., Kocsubé, S., Szekeres, A., Hamari, Zs., Vágvolgyi, Cs., Varga, M. Chemotaxonomic analysis of *Pseudomonas* species. In: Magyar Mikrobiológiai Társaság és a MMT Alapítványa - Magyar Mikrobiológiai Társaság és a MMT Alapítványa (szerk.) A Magyar Mikrobiológiai Társaság 2022. évi Nagygyűlése és a XV. Fermentációs Kollokvium : Absztraktfüzet. Budapest, Magyarország : Magyar Mikrobiológiai Társaság (MMT) (2022) 54 p. p. 40.

Papp, D.A., Kovács, T., Varga, A., Allaga, H., Vörös, M., Szekeres, A., Hamari, Zs., Vágvolgyi, Cs., Varga, M. Screening antagonistic effect of fluorescent *Pseudomonas* against *Aspergillus flavus*. *ACTA MICROBIOLOGICA ET IMMUNOLOGICA HUNGARICA* 68 : Supplement 1 pp. 103-104. , 2 p. (2021).

Papp, D.A., Endre, G., Fujkin, K., Varga, M., Vágvolgyi, Cs., Szekeres, A. Investigation of fatty acid profiles from *Aspergillus* strains. In: A Magyar Mikrobiológiai Társaság 2020.

évi Nagygyűlése és a XIV. Fermentációs Kollokvium: Absztraktfüzet. Budapest, Magyarország : Magyar Mikrobiológiai Társaság (MMT) (2020) pp. 26-27., 2 p.

Papp, D.A., Kecskeméti, A., Baranyi, N., Kocsubé, S., Shine, K., Alharbi, N.S., Khaled, J.M., Vágvolgyi, Cs. Investigation of fatty acids from *Aspergillus* strains. In: Department of Public Health Faculty of Medicine University of Szeged (szerk.) 19th DKMT Euroregional Conference on Environment and Health : Program and abstracts. Szeged, Magyarország : University of Szeged, Faculty of Medicine (2017) 65 p. pp. 50-50.,1 p.

MTMT azonosító: 10074157.

Témavezetői nyilatkozat

Igazolom, hogy Papp Dóra Anna szerepe meghatározó jelentőségű volt a

Papp, D.A., Kocsubé, S., Farkas, Z., Szekeres, A., Vágvölgyi, Cs., Varga, M. (2024) Aflatoxin B1 Control by Various *Pseudomonas* Isolates. *Toxins*. 16 : 8 Paper: 367, 14 p. címmel megjelent közleményben, így az értekezésben és a publikációban közölt eredményekett tudományos fokozat (Ph.D.) megszerzésére a társszerzők nem használták fel és ezt a jövőben sem teszik.

Szeged, 2025.03.06.

.....

Dr. Varga Mónika
Témavezető

.....

Dr. Hamari Zsuzsanna
Témavezető