

DOKTORI ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

An Investigation of the Phylogeny and Evolutionary Processes of Deliquescent Fruiting Bodies in the Mushroom Family Psathyrellaceae (Agaricales)

NAGY LÁSZLÓ

Témavezetők:

DR. VÁGVÖLGYI CSABA
egyetemi tanár

DR. PAPP TAMÁS
egyetemi docens

Biológia Doktori Iskola

Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar,
Mikrobiológiai Tanszék

Szeged

2011

1 BEVEZETÉS

A gombák evolúciójával foglalkozó kutatások egyik központi témája a nagygombák termőtesteinek fejlődése. A ma élő termőtestet képező nagygombafajok (Ascomycota és Basidiomycota) ezen reproduktív struktúrák rendkívüli diverzitását hozták létre, beleértve a jól ismert kalapos-, tapló-, pöfeteg-, tinóru- formákat, valamint számos korall- csésze-, vagy kéregszerű, és egyéb alakú termőtesteket, azonban az ezeket generáló evolúciós tényezők gyakorlatilag ismeretlenek (Hibbett, 2004, Binder és Hibbett 2002). A gombatermőtestek, mint a talaj feletti külvilágnak legjobban kitett struktúrák, amellet, hogy elsődleges célpontjai a természetes szelekciónak, makroszkópos kiterjedésüknél fogva rendkívül alkalmasak a gombák fenotípus-evolúciójának tanulmányozására. Mivel a gombák életének nagy része – beleértve az ivaros és táplálkozási folyamatokat – rejtve, illetve mikroszkópos skálán zajlik, nehéz olyan, jól megfogható modellrendszert találni, amely alkalmas nagyléptékű evolúciós folyamatok vizsgálatára, ugyanakkor információt szolgáltat más, nehezen megfogható fenotipikus bélyegek evolúciójára vonatkozóan. Ellentétben könnyebben vizsgálható növényi és állati csoportokkal, gombák esetében nagyon kevés információval rendelkezünk olyan általános evolúciós kérdésekről, mint pl. hogyan változik az élőlények komplexitása időben, vagy hogy a környezet milyen hatással van a fiziológiai, morfológiai vagy faj-szintű diverzifikációra. Ezen okok miatt a gombatermőtestek evolúciója régóta az érdeklődés középpontjában áll, aminek következtében számos olyan elmélet látott napvilágot, ami a termőtestek ma észlelt hatalmas diverzitását próbálja megmagyarázni. Ugyanakkor ezek statisztikailag alapos tesztelésének gyakran gátat vetett a megfelelő adatsorok hiánya, különös tekintettel a taxon-mintavételi hiányosságokra.

Az elfolyósodó termőtestek nevüket az ontogenezis utolsó, megnövekedett

kitináz és glukanáz aktivitást mutató szakaszáról kapták, amikor a gombasejtfalak enzimatis roncsolásának következtében a termőtestek kollabálnak és/vagy tintaszerű folyadékká emésztődnek. Az elfolyósodó termőtestekkel rendelkező fajok jó része az Agaricales rend Psathyrellaceae családjában (Tintagombafélék) található, azonban mind korábbi, morfológiai alapú, mind újabb filogenetikai klasszifikációkból jól ismert, hogy az elfolyósodó termőtestek megtalálhatók más gombacsaládokban is. Az eddigi filogenetikai eredmények arra utalnak, hogy az elfolyósodó termőtestű fajok nem alkotnak monofiletikus csoportot és a Psathyrellaceae családon kívül az Agaricaceae és a Bolbitiaceae családban is előfordulnak. Arra vonatkozóan nincs bizonyíték, hogy az elfolyósodó termőtesteket magukba foglaló gombacsoportok közös őseinek milyen termőtesttípusa volt. Munkánk során a Psathyrellaceae családban vizsgáltuk a termőtestek evolúciós folyamatait, mivel ez a család tartalmaz az eddig ismert hét elfolyósodó fejlődési vonal közül négyet, továbbá a Psathyrellaceae család jelenleg alkalmazott filogenetikai módszerekkel technikailag lefedhető nagyságrendű fajszámmal rendelkezik.

2 CÉLKITÚZÉSEK

Munkánk során a Psathyrellaceae családban az elfolyósodó termőtestek evolúciójának integratív vizsgálatát tűztük ki célul, törekedve az alábbi specifikus kérdések megválaszolására:

1. Egy átfogó taxon-mintavétellel végrehajtott filogenetikai analízis megerősíti-e az elfolyósodó termőtestű fajok polifiletikus eredetét?
2. Hogyan oszlanak el az elfolyósodó fejlődési vonalak az Agaricales rendben? Milyen nagyobb csoportokban jelentek meg?

3. Kimutatható-e szignifikáns trend a termőtesttípusok evolúciójában? Ha igen, milyen irányultságú?
4. Különböző filogenetikai komparatív módszerekkel kapott eredmények milyen mértékben fednek át egymással?
5. A termőtesttípusok evolúciója korrelál-e, vagy hatással lehet-e más fenotipikus bélyegek evolúciójára? Ha igen, milyen jellegűek ezek a karakterek, és milyen a korrelált karakterállapotváltozások időbeli eloszlása?
6. Megegyezik-e az elfolyósodó fejlődési vonalak evolúciós kora? Ha igen, milyen nagyobb földtörténeti korhoz köthető?
7. Az *Archaeomarasmius leggetti* és a *Protomyцена electra* nevű fossziliák milyen mértékben alkalmasak nagyomba molekuláris órák kalibrálására?
8. A termőtesttípusok közötti váltások hatással vannak-e az adott fejlődési vonal diverzifikációjának sebességére? Ha igen, a fajképződési vagy a kihalási ráták érintettek-e jobban?

A fenti kérdések megválaszolásán keresztül arra kerestünk választ, milyen környezeti és/vagy intrinsic feltételek mellett jelenthet evolúciós előnyt az elfolyósodás ezen gombafajok számára, valamint hogy az elfolyósodó termőtestekkel kapott eredmények mennyire általánosíthatók más gombacsoportokra és termőtesttípusokra?

3. ALKALMAZOTT MÓDSZEREK

- Nukleinsav preparálás, Polimeráz Láncreakció, DNS szekvenálás
- DNS és aminosav szekvencia illesztés, progresszív és probabilisztikus illesztőalgoritmusok, indel kódolás
- Maximum Parsimónia, Maximum Likelihood, Bayes-féle filogenetikai analízis, nem-korreláló, lognormal molekuláris óra
- Komparatív filogenetikai módszerek: ML, empirikus és hierarchikus Bayes-féle becslés, diszkrét változók modellezése, Korrelált evolúció modellezése
- Diverzifikáció becslése: MEDUSA, NETRATE,
- Újjonnan kidolgozott módszerek: Politómia analízis, 'evolutionary pathway test'

3 EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

3.1 TAXON-MINTAVÉTEL ÉS A FILOGENETIKAI ADATSOR OPTIMALIZÁLÁSA

Felmértük a Psathyrellaceae család nemzetközi szekvencia-adatbázisokban való reprezentáltságát, valamint kollaboráló laborokkal egyeztettünk a filogenetikai analízisbe bevonandó markereket illetően. Ez alapján a magi riboszómális ITS és nagy alegység (LSU) szakaszait valamint a translációs-elongációs faktor 1-alfa egy szakaszát (ef-1 α) és a β -tubulin (b-tub) gén egy szakaszát választottuk ki filogenetikai analízisre. A taxon mintavételt a család morfológiai alapon becsült diverzitása alapján végeztük, párhuzamosan maximalizálva az egyes alcsoportok fajszámok szerinti reprezentáltságát és az egész adatsor morfológiai diverzitását. A filogenetikai analízisekhez 242 taxont választottunk ki, amelyek szinte mindegyikére megszekvenáltuk az ITS és LSU géneket, valamint kb. 160-ra a két említett fehérje-kódoló gént is.

3.2 FILOGENETIKAI ANALÍZIS

A kapott szekvenciákból ClustalW, illetve PRANK programokkal többszörös illesztést végeztünk, az indel-gazdag régiókban a kapott indeleket a 'simple indel coding' algoritlussal egy bináris mátrixszá alakítottuk. Az így kapott négy nukleotid illesztést valamint a bináris indel-mátrixot egy szupermátrix analízisnek vetettük alá, aminek során törzsfákat becsültünk Maximum Likelihood, Bayes-féle MCMC és Maximum Parszimónia módszerekkel. Az illesztésben található evolúciós mintázatok és a gének közötti ráta-heterogenitás kiaknázására és potenciális negatív hatásainak csökkentésére az illesztéseket particionáltuk. Az optimális particionálási séma meghatározásához Bayes-Factor alapú tesztekkel végeztünk, ahol több particionálási sémával kapott Bayes-féle MCMC analízisek futási eredményeit páronként összehasonlítottuk. A vizsgálatba bevontunk ún. keverék modelleket is. Vizsgálataink

alapján az ideális partíciónálási séma és az ez alapján felállított partíciónált időfolytonos Markov modell szerkezete a következő volt: ITS1 (GTR+G), 5.8S rRNS (JC+G), ITS2 (GTR+G), nLSU (GTR+G), valamint mindkét fehérje-kódoló gén (b-tub és ef-1a) mindhárom kodon pozíciójára egymástól független GTR+G modellek, és végül az indel-mátrixra egy egyparaméteres Markov modell. A filogenetikai analízisben kapott fák megbízhatóságát bootstrap gyakoriságokkal és Bayes-féle poszterior valószínűségekkel jellemeztük. A gén-kombinálhatósági tesztek nem mutattak ki szignifikáns inkongruenciát az egyes illesztések között. A kapott konszenzus filogramok jó feloldóképességűek, az eddig a Psathyrellaceae családra publikált filogramokkal jó egyezést mutatnak. A filogenetikai analízisek igazolták, hogy az elfolyósodó termőtestű fajok nem alkotnak monofiletikus egységet a Psathyrellaceae családon belül.

3.3 A TERMŐTEST-EVOLÚCIÓ IRÁNYULTSÁGÁNAK VIZSGÁLATA A PSATHYRELLACEAE CSALÁDBAN

A filogenetikai analízisekben kapott törzsfákat arra használtuk, hogy evolúciós komparatív módszerekkel vizsgáljuk az elfolyósodó termőtestek megjelenésének és elveszésének gyakoriságát. Ehhez az egyes fajok termőtesttípusait bináris mátrixként kódoltuk. A számolásokat BayesTraits programmal végeztük, valamint összehasonlítottuk a Maximum Likelihood és egy hierarchikus Bayes-féle MCMC módszer eredményeit. Eredményeink arra utalnak, hogy a Psathyrellaceae családban egymástól függetlenül minimum négyszer jelent meg az elfolyósodásra való képesség, és hogy az elfolyósodó termőtestekből nem-elfolyósodóvá történő reverzió nem valószínű. Ez arra utal, hogy az elfolyósodó termőtestek komoly evolúciós előnyt jelentenek a fajoknak és/vagy, hogy az elfolyósodás megjelenése beszűkítheti a

termőtest-evolúció lehetséges további útvonalait, a reverziót lehetővé tevő feltételezett ontogenetikus/biokémiai útvonalak elveszésén keresztül.

3.4 A TERMŐTEST EVOLÚCIÓ HATÁSA/ÖSSZEFÜGGÉSE MÁS FENOTIPIKUS JELLEGEK

EVOLÚCIÓJÁVAL

Korrelált evolúciót leíró modellek segítségével vizsgáltuk, hogy kimutatható-e, hogy az elfolyósodó termőtestek megjelenése hatással van, vagy függ más jellegek evolúciójára vagy jelenlétére. Az általunk vizsgált karakterek közül 4 olyat találtunk, amelyek evolúciója korrelációt mutat termőtesttípusok közti váltással. Ezen karakterek a következők: a bazídiumok anatómiája, pszeudoparafízisek jelenléte, himeniális cisztidák típusa illetve a kalapfelszín struktúrája. A korreláló karakterek karakterállapot-változásai között eltelt relatív idő becslésére kidolgoztuk az ún. „evolutionary pathway test”-et, amely következtetni enged arra, hogy a korreláló karakterek közül melyik esett át először karakterállapot-változáson és ezt milyen tempóban követte a karakter-pár másik tagjának megváltozása. A számolások azt mutatják, hogy a termőtesttípusok közti váltáskor a korreláló karakterek evolúciója erősen felgyorsul, ami arra enged következtetni, hogy a termőtest-evolúciónak ezen szakaszai kitüntetettek. Hasonlóan egy másik sokat kutatott folyamathoz, a pöfetegesedéshez, az elfolyósodó termőtestek megjelenésére és az azt követő fenotipikus változásokra javasoljuk a „coprinoidization” kifejezést.

3.5 ELFOLYÓSODÓ TERMŐTESTEK MEGJELENÉSÉNEK IDŐBELI ELOSZLÁSA

Relaxált molekuláris óra becsléssel meghatároztuk azokat a földtörténeti korokat, amelyekben az elfolyósodó termőtestű fejlődési vonalak megjelenhettek. Ehhez a

gomba molekuláris órák kalibrálásának nehézségei miatt hat különböző direkt és indirekt kalibrációt használtunk. A hat kalibrációban használtunk a nagyon kevés elérhető nagygomba fosszília közül kettőt, az *Archaeomarasmius*-t és a *Protomyccena*-t. A hat kalibráció az elfolyósodó kládok megjelenésére disszonáns eredményeket adott, abban azonban megegyeztek, hogy a négy elfolyósodó klád más és más földtörténeti korokban kellett hogy megjelenjenek. Így valószínűsíthető, hogy ezt a típusú termőtest-evolúciós folyamatot nem nagyobb földtörténeti események befolyásolják, hanem véletlenszerű, egyedi események.

3.6 FAJKÉPZŐDÉSI RÁTA-HETEROGENITÁS TESZTELÉSE

A fentiekben kapott időkalibrált kronogramok, valamint a Geiger R programcsomagban található MEDUSA módszer segítségével olyan pontokat kerestünk a törzsfákon, amelyekben feltételezhetően a fajképződési ráta megváltozott. Ezzel arra kerestünk választ, hogy a termőtest-evolúció befolyásolja-e a Psathyrellaceae családban a fajok diverzifikációját. A 242 fajt magába foglaló fán csupán egy szignifikánsan támogatott töréspontot találtunk ahol a diverzifikáció változik, ami azonban nem hozható összefüggésbe a termőtesttípusok közötti váltással.

4 A KUTATÁS EDDIGI EREDMÉNYEINEK ÖSSZEFOGLALÁSA

Munkánk során tisztáztuk a Psathyrellaceae családon belüli rokoni viszonyokat, ami felhasználható lesz később a család klasszifikációjában. Több oldalról vizsgáltuk az elfolyósodó termőtestek evolúcióját, ami modellként szolgálhat a gombák más makroevolúciós folyamatainak vizsgálatához is. Megállapítottuk, hogy a Psathyrellaceae családban a termőtest-evolúciót egyedi, véletlenszerű események befolyásolják. Eredményeink arra utalnak, hogy az elfolyósodó termőtestek

evolúciója irreverzibilis folyamat, valamint hogy a termőtesttípusok közötti váltás kitüntetett folyamat, amelyet több más fenotipikus jellegben bekövetkező változás is követ.

PUBLIKÁCIÓS LISTA

A disszertáció alapjául szolgáló közlemények:

Nagy GL, Házi J, Szappanos B, Kocsubé S, Bálint B, Rákhely G, Vágvölgyi Cs, Papp T. (2011) The Evolution of Defense Mechanisms Correlate with the Explosive Diversification of Autodigesting Coprinellus Mushrooms (Agaricales, Fungi) - *Systematic Biology*, közlésre elfogadva IF(2010): 9.532

Nagy GL., Walther G., Vágvölgyi Cs., Papp T. (2011) Understanding the Evolutionary Processes of Fungal Fruiting Bodies: Correlated Evolution and Divergence Times in the *Psathyrellaceae*. – *Systematic Biology*, in press IF(2010): 9.532

Nagy GL., Urban A., Örstadius L., Larsson E., Papp T., Vágvölgyi Cs. (2010) The evolution of autodigestion in the mushroom family Psathyrellaceae (Agaricales) inferred from Maximum Likelihood and Bayesian methods – *Mol. Phylogenet. Evol.* 57(3):1037-48. IF: 3.556

Egyéb, referált folyóiratokban megjelent közlemények:

Petkovits T, **Nagy GL**, Hoffmann K, Wagner L, Nyilasi I, Griebel T, Schnabelrauch D, Vogel H, Voigt K, Vágvölgyi Cs, Papp T. Phylogeny of the zygomycetous family Mortierellaceae inferred from nuclear ribosomal DNA nucleotide sequences. Plos One 6(11): e27507. doi:10.1371/journal.pone.0027507. IF: 4.411

Nagy GL, Házi J, Vágvölgyi Cs, Papp T. (2011) Phylogeny and Species Delimitation in the Genus Coprinellus with Special Emphasis on the Haired Species. Mycologia accepted. IF: 1.635

Nagy GL, Petkovits T, Kovács GM, Vágvölgyi Cs, Papp T, (2011) Where is the hidden fungal diversity hiding? In dusty herbaria or in the dust out there? *New Phytologist* 191: 789-794 IF: 6.033

Házi J, **Nagy GL**, Vágvölgyi Cs, Papp T. (2010) *Coprinellus radicellus*, a new species with northern distribution. Mycol Progress. DOI 10.1007/s11557-010-0709-y IF: 1.082

Nagy GL, Vágvölgyi Cs., Papp T. (2010): Type studies and nomenclatural revisions in Parasola (Psathyrellaceae) and related taxa - *Mycotaxon* 112:103-114. IF: 0.574

Nagy GL, Kocsubé S., Papp T., Vágvölgyi Cs. (2009): Phylogeny and character evolution of the coprinoid mushroom genus *Parasola* as inferred from LSU and ITS nrDNA sequence data – *Persoonia* 22:28-37. IF: 1.345

Takó M, Tóth A, **Nagy GL**, Krisch J, Vágvölgyi Cs, Papp T. (2010) A new bglucosidase gene from the zygomycete fungus *Rhizomucor miehei*. *Antonie van Leeuwenhoek* 97:1–10. IF: 1.983

Kredics L, Kocsubé S, **Nagy GL**, Komon-Telazowska M, Manczinger L, Nagy A, Vágvölgyi Cs, Kubicek CP, Druzhinina IS, Hatvani L. (2009) Molecular identification of *Trichoderma* species associated with *Pleurotus ostreatus* and natural substrates of the oyster mushroom. *FEMS Microbiol Lett* DOI:10.1111/j.1574-6968.2009.01765.x IF: 2.199

Papp T*, Nyilasi I, Takó M, **Nagy GL**, Vágvölgyi Cs (2010) *Rhizomucor*. In: *Molecular Detection of Human Fungal Pathogens* (ed. Liu D), Taylor and Francis (invited contributor, accepted)

- Nagy GL**, Gorliczai Zs. (2007) Novel data to the knowledge of the fungi of the Great Hungarian Plain. *Clusiana* 46:67-113.
- Hausknecht A, **Nagy GL**. (2007) Notes on some taxa on *Conocybe* from Hungary. *Austr. J. Mycol.* 16:147-156.
- Nagy GL** (2006) *Coprinus doverii* sp. nov., a unique new species of subsection Setulosi from central and southern Europe. *Mycotaxon* 98:147–151. IF: 0.580
- Nagy GL**, Knutsson T, Jeppson M (2006) Contribution to the knowledge of Ölandic *Coprinus* species. *Svensk Mykologisk Tidskrift* 28:9-18.
- Révay Á, **Nagy GL** (2005) Myxomycetes data from the Danube – Tisza interfluve and some other parts of Hungary. *Studia Bot. Hung.* 36:117-121.
- Nagy GL** (2007 /2005/) Additions to the Hungarian mycobiota I: *Coprinus*. *Clusiana* 46:65-90.
- Nagy GL** (2005) Additions to the Hungarian mycobiota II: *Coprinus* and *Tricholoma*. *Austr. J. Mycol.* 14:291-301.
- Nagy GL** (2004) Fungistical investigations on the Great Hungarian Plain from 1997 to 2003. *Clusiana* 43:15-46.

Konferencia előadások és poszterek:

- Nagy GL**, Petkovits T, Kovács GM, Voigt K, Vágvölgyi Cs, Papp T. How type strain sequencing affects the identifiability of environmental ITS sequences – an in silico modeling approach using *Mortierella*. 16th International Congress of the Hungarian Society for Microbiology 20-20 July 2011, Plenary Lecture
- Nyilasi I, **Nagy GL**, Petkovits T, Kovács SA, Hoffmann K, Voigt K, Vágvölgyi Cs., Papp T. A molecular phylogeny of the Mortierellales 16th International Congress of the Hungarian Society for Microbiology 20-20 July 2011, Poster presentation
- Körmöczy P, Oláh Sz, Zargarzadeh S, Czifra D, Urbán P, **Nagy GL**, Manczinger L, Hatvani L, Mohammadi G.E., Rezaa D.Y., Nagy A, Vágvölgyi Cs., Kredics L. Occurrence of *Trichoderma peluroticola* in shiitake cultivation material, *Agaricus* compost and the natural substrate of wild-growing *Agaricus* species. 16th International Congress of the Hungarian Society for Microbiology 20-20 July 2011, Poster presentation
- Nagy GL**, Örstadius L, Larsson E, Walther GW, Vágvölgyi Cs, Papp T. A multi-gene phylogeny of the Psathyrellaceae: implications for a classification. International Mycological Congress IX. Edinburgh, 1-6. August 2010.
- Kovacs GM, Hobbie E, **Nagy GL**, Trappe JM, Spatafora JA, Healy RA. Truffles connecting continents - an update on the genus *Mattirolomyces*. International Mycological Congress IX. Edinburgh, 1-6. August 2010.
- Nagy GL**, Vágvölgyi Cs, Papp T. Evolutionary processes of fungal fruiting bodies. XIX Nordic Mycological Congress, Norway, Steinkjer, 1-6. September 2009.
- Házi J, **Nagy GL**, Papp T, Vágvölgyi Cs. Increased rate of diversification in the genus *Coprinellus*? XIX Nordic Mycological Congress, Norway, Steinkjer, 1-6. September 2009.
- Nagy GL**, Vágvölgyi Cs, Papp T. Evolutionary processes of fungal fruiting bodies. Annual Meeting of the Swedish Mycological Society. 14-20. September 2009.
- Házi J, **Nagy GL**, Papp T, Vágvölgyi Cs. Increased rate of diversification in the genus *Coprinellus*? Annual Meeting of the Swedish Mycological Society. 14-20. September 2009.
- Nagy GL**, Vágvölgyi Cs, Papp T. Evolutionary processes of fungal fruiting bodies. 2nd Central European Forum for Microbiology, Hungary, Keszthely 12-15. October. 2009.
- Papp T, Nyilasi I., Petkovits T, **Nagy GL**, Voigt K, Hoffmann K, Vágvölgyi Cs.

Molecular identification and phylogeny of *Mortierella wolfii*. 2nd Central European Forum for Microbiology, Hungary, Keszthely 12-15. October. 2009.

Nyilasi I, Petkovits T, **Nagy GL**, Voigt K, Hoffmann K, Merva L, Vágvölgyi Cs, Papp T. Phylogenetic and physiological characterization of filamentous fungi belonging to the order Mortierellales. 2nd Central European Forum for Microbiology, Hungary, Keszthely 12-15. October. 2009.

Krizsán K, **Nagy GL**, Fürtön H, Manikandan P, Narendran V, Revathi R, Raghavan A, Madhavan B, Vágvölgyi Cs, Papp T. Characterization of *Bipolaris* isolates using molecular and biochemical markers. 2nd Central European Forum for Microbiology, Hungary, Keszthely 12-15. October. 2009.

Kredics L, Kocsubé S, **Nagy GL**, Komon-Zelazowska, Manczinger L, Cseh T, Körmöczi P, Antal Zs, Nagy A, Druzhinina IS, Kubicek CP, Vágvölgyi Cs, Hatvani L. New agricultural pests emerging: the green mould disease of cultivated oyster mushroom. 2nd Central European Forum for Microbiology, Hungary, Keszthely 12-15. October. 2009.

Házi J, **Nagy GL**, Papp T, Vágvölgyi Cs. Increased rate of diversification in the genus *Coprinellus*? 2nd Central European Forum for Microbiology, Hungary, Keszthely 12-15. October 2009.

Nagy GL, Kocsubé S, Papp T, Vágvölgyi Cs. Species concept in *Coprinus* section *Glabri* and *Auricomi* as inferred from morphological and molecular data. International Congress of the German Mycological Society, Tübingen 2006.

Nagy GL, Kocsubé S, Papp T, Vágvölgyi Cs. Phylogenetic relationships among species of *Coprinus*, sections *Glabri* and *Auricomi* based on nrDNA ITS regions. Annual Meeting of the Hungarian Society for Microbiology, Keszthely, 2006.

Nagy GL, Gorliczai Zs, Papp T, Vágvölgyi Cs.: Fungal Diversity of Hungarian sandy regions. International Meeting of the Hungarian Society for Microbiology, Budapest, July 2007.

Nagy GL, Papp T, Vágvölgyi Cs. Evolutionary instability of fruitbody types among coprinoid Homobasidiomycetes. International Meeting of the Hungarian Society for Microbiology, Budapest, July 2007.

Nagy GL, Papp T, Vágvölgyi Cs. What are phylogenetic comparative methods and what can microbiologists use them for? 2nd Central European Forum for Microbiology, Hungary, Keszthely 12-15. October. 2009

Nagy GL, Vágvölgyi Cs, Papp T, Kocsubé S. Phylogeny and species delimitation of the *Coprinus patouillardii* complex based on molecular and morphological traits. 4th Hungarian Conference of Mycology Debrecen, 29-31. May 2008.

