

B3643

**RAKTÁRI KÁRTEVŐ JÁROMSPÓRÁS GOMBÁK
GENETIKAI ÉS FIZIOLÓGIAI VARIABILITÁSÁNAK VIZSGÁLATA**

Doktori (Ph.D.) Értekezés Tézisei

Készítette:

Papp Tamás



Témavezető:

Dr. Vágvölgyi Csaba

Dr. Ferenczy Lajos

JATE Mikrobiológiai Tanszék

Szeged

1999

BEVEZETÉS

A növénykárosító járomspórás gombák döntő többsége a Mucorales rendbe, a Zygomycetes osztály legtöbb fajt magában foglaló csoportjába tartozik. Annak ellenére, hogy többségük szaprofita szervezet, bizonyos körülmények között néhány faj komoly gazdasági károkat okozhat, elsősorban lédús zöldségfélék és gyümölcsök tönkretételével. Az ilyen másodlagos növénypatogén, vagy raktári kártevő (*postharvest*) szervezetek között kiemelkedő jelentőségűek a *Rhizopus*, a *Mucor* és a *Gilbertella* nemzetségek egyes tagjai. Ilyen a *M. piriformis*, amely alacsony hőmérsékleten is rövid idő alatt nagykiterjedésű léziókat tud okozni a fertőzött gyümölcsökön. A védekezést nehezíti, hogy a csonthéjas gyümölcsök esetében alkalmazható fungicidek hatástalanok a *M. piriformisszal* szemben. A *Gilbertella persicaria*, amely szintén csonthéjas gyümölcsök raktári kártevőjeként bír gyakorlati jelentőséggel, elsőként *Choanephora persicaria* (Choanephoraceae, Mucorales) néven írták le, a sporangiospórák e csoportra jellemző morfológiája alapján. A későbbiekben létrehozott *Gilbertella* nemzetséget, már a Mucoraceae családban (a további vizsgálatok során *Mucor*-típusú zigospórákat figyeltek meg), végül egy teljesen új családban (Gilbertellaceae) helyezték el. A *Rhizopus* nemzetség képviselői közül elsősorban a *Rh. stolonifer* növénykárosító szerepét tartják meghatározónak. Ez a fertőzés általában lágy rothadást okoz, amelyet nagyon könnyű összetéveszteni a *Mucor* fajok (különösen a *M. piriformis*) által kiváltott tünetekkel. A nemzetségen belül, kizárólag morfológiai alapon három fajcsoportot különböztetnek meg; az ezeket alkotó, mindössze öt fajba vonták össze a korábban szinte áttekinthetetlenül nagyszámú fajként leírt izolátumokat.

A KUTATÁSI TÉMA ELŐZMÉNYEINEK ÖSSZEFOGLALÁSA

Annak ellenére, hogy talán a *Rhizopus* nemzetség tagjai alkotják az egyik legalaposabban vizsgált járomspórás gombacsoportot, molekuláris módszerekkel történő átfogó jellemzésük ezidáig még nem történt meg. A fent bemutatott másik két faj esetében pedig gyakorlatilag semmilyen adat nem került publikálásra a kromoszómális és extrakromoszómális genetikai rendszerre és genetikai diverzitásukra vonatkozóan.

Minden genetikai vizsgálathoz szükséges, hogy jól meghatározható, stabil markerek álljanak rendelkezésünkre. A főként nemzetségen belüli taxonómiai problémák tisztázására használatos izoenzim analízis a gomba taxonómia és genetika évtizedek óta sikeresen alkalmazott módszere. A néhány korábbi (különböző *Mucor* és *Mortierella* fajokkal végzett) izoenzim technikán alapuló vizsgálat során, az izoenzim markerek igen nagymértékű inter- és intraspecifikus polimorfizmusát észlelték. Az is általános tapasztalat volt, hogy ezen vizsgálatok eredményeit nehezen lehetett összhangba hozni a morfológiai alapon történő rendszertani besorolással.

A genetikai variabilitás vizsgálatára biztosít hatékony eljárást a RAPD (*random amplified polymorphic DNA*) analízis is, amely abban tér el a többi általánosan használt PCR technikától, hogy itt egyetlen random primer alkalmazása is elegendő. A RAPD technikát, mint az RFLP analízis alternatív módszerét, széles körben alkalmazzák. A RAPD termékek közvetlenül szekvenálhatók, felhasználhatók hibridizációs próbaként, de a módszer szegregációs analízisre, genetikai térképezésre is lehetőséget kínál. Mindezek ellenére, genetikai vagy rendszertani célú RAPD analízist csak egy-két esetben végeztek járomspórás gombákkal.

Az extrakromoszómális genetikai elemek vizsgálata (pl. mikovírusok, plazmidok, transzpozonok, a mitokondriális genom), elsősorban ezek esetleges

génexpresszióra gyakorolt hatása, illetve a kérdés evolúciós jelentősége miatt a fonalas gombák esetében is erősen kutatott terület. A legtöbb gombacsoporttal szemben, a járomspórás gombák mitokondriális genetikai rendszere alig ismert. Ezen hiányosság, főként a gombák és a gomba mitokondriális genom evolúciójára vonatkozó vizsgálatok eredményeinek áttekintésekor feltűnő. Az első jellemzett járomspórás mitokondriális genom a *M. racemosus* mtDNS-e volt. Ez a cirkuláris DNS molekula rendelkezik két– a kis és a nagy riboszómális RNS gént tartalmazó – invertált ismétlődő szekvenciával, amelyek által határolt szakasz orientációja intramolekuláris homológ rekombinációval megfordulhat, így a mitokondriális genom két izomer formában létezik. A másik ismert járomspórás mitokondriális genom a *Rh. stoloniferé*; teljes szekvenciáját meghatározták és elkészítették részletes genetikai térképét. Ez a cirkuláris DNS a tipikus mitokondriális géneket hordozza, köztük az ATP-áz 3 és a NADH dehidrogenáz 7 alegységét. A *M. racemosus* mitokondriális genomjához hasonló szerveződést ennél a gombánál nem észlelték.

Egyre növekvő számban detektálnak mikovírusokat a különböző rendszertani csoportokba tartozó gombákból, mégis csak nagyon kevés publikáció számol be ezen genetikai elemek előfordulásáról a Zygomycota törzs tagjainak esetében. Elektronmikroszkópos vizsgálatok vírusszerű partikulumok jelenlétét tárták fel a *Strongwellsea magna* és az *Entomophaga aulicae*, valamint a *Paramoebium arcuatum* fajokban. Ezen VLP-k (*virus-like particle*) egyikét sem izolálták és jellemezték biokémiai vagy molekuláris módszerekkel. Újabban két, a Mucorales rendbe tartozó nemzetség tagjaiban sikerült mikovírusok jelenlétét igazolni: dsRNS molekulákat és izometrikus partikulumokat detektáltak 4 *Mucor* faj és a *Mortierella ramanniana* izolátumaiban.

A járomspórás gombák ivaros folyamatait, öröklődését is régóta tanulmányozzák, mégis e folyamatok genetikai hátterét, szabályozását alig

ismerjük. E gombák többsége heterotallikus szervezet, azaz két eltérő párosodási típusú partnertörzs vesz részt a zigospóráképzésben. A zigospóra jelenléte ugyanakkor nem feltétlenül utal ivaros reprodukcióra, a Mucorales rendre ugyanis jellemzők az ún. *azigospórák* és ezek partenogenetikusan jönnek létre. A meiózis a zigospórában vagy a csírázás során játszódik le. Amennyiben a meiózis még a germospórák képződése előtt játszódik le, azt várnánk, hogy mindkét párosodási típus 1:1 arányban van jelen az egy zigospórából származó utódok közt, azonban sok esetben nem ez történik. Egyelőre nem tisztáztott, hogy mi okozza a párosodási típus ezen sajátos szegregációját.

CÉLKITŰZÉSEK

A *M. piriformis*, a *G. persicaria*, valamint a *Rh. stolonifer* és a *Rh. oryzae*, a Mucorales rendbe tartozó gombák közül a legjelentősebb másodlagos növénykártevők. Vizsgálataink ezekre a járomspórás gombákra irányultak a következő konkrét célkitűzésekkel:

1. A *M. piriformis*, a *G. persicaria* valamint egyes *Rhizopus* fajok intraspecifikus genetikai variabilitása mértékének és jellegének feltárása.
2. Különböző fiziológiai és molekuláris technikákkal – a további genetikai analízisekben (pl. kromoszómák markerezése, szegregációs kísérletek) felhasználható – nagyszámú marker azonosítása.
3. Ezen vizsgálatok alapján, elsősorban a *Rhizopus* nemzetség esetében, taxonómiai következtetések levonása, valamint a gyakorlat számára hasznos törzstipizálási eljárások kidolgozása.
4. A molekuláris módszerekkel meghatározott markerek és a gomba valamely fiziológiai, biológiai sajátossága (pl. párosodási típus, fertőzőképesség, virulencia) között esetlegesen fennálló korreláció feltárása.

5. Az extrakromoszómális genetikai rendszer tanulmányozása: a mitokondriális genom jellemzése *M. piriformis*ban.
6. Az extrakromoszómális genetikai rendszer tanulmányozása: mikovírusok kimutatása és jellemzése a vizsgált gombákban.
7. A *G. persicaria* genetikájának vizsgálata. RAPD markerek szegregációján alapuló kísérleti rendszer kidolgozása a járomspórás gombák öröklődésmenetének jobb megértése céljából.
8. A *G. persicaria* taxonómiai helyzetének tanulmányozása a *gpd* gén egy részletének szekvencia elemzésével.

ALKALMAZOTT MÓDSZEREK

Az intraspecifikus genetikai variabilitás tanulmányozása:

1. Szénasszimilációs spektrum vizsgálata
2. Izoenzim analízis
3. RAPD analízis

Az extrakromoszómális genetikai elemek tanulmányozása:

1. A mitokondriális DNS restrikciós analízise
2. DNS elektronmikroszkópia
3. Kettősszálú RNS molekulák izolálása és kimutatása
4. VLP izolálás, kimutatása elektroforézissel és elektronmikroszkópia

A *G. persicaria* öröklődésmenetének tanulmányozása:

1. Az izolátumok keresztezése, zigospóra és utód izolálás
2. RAPD markerek szegregációjának vizsgálata
3. RAPD amplikonok klónozása, a nukleotid és aminosav szekvenciák analízise

A *gpd* gén egy szakaszának amplifikálása polimeráz lánreakcióval, specifikus primer alkalmazásával; a felszaporított fragmentek szekvenciáinak elemzése és összehasonlítása.

ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK ÉS KÖVETKEZTETÉSEK

1. **A *Mucor piriformis* intraspecifikus variabilitásának vizsgálata.**
Nagyszámú *M. piriformis* izolátum izoenzim és RAPD analízisét végeztük el. A két módszerrel nagymértékben egyező eredményeket kaptunk. Különbséget tudtunk tenni izoenzim, illetve amplifikációs mintázat alapján az eltérő földrajzi helyről izolált törzsek között. Mindkét módszerrel viszonylag alacsony variabilitást lehetett detektálni. Ez megerősíteni látszik azokat a populációdinamikai vizsgálatokat, amelyek a hidegtűrő *M. piriformis* egy speciális túlélési stratégiáját feltételezik: a gomba az év nagy részében (spóráival) tulajdonképpencsak passzívan van jelen a talajban; micéliumképzés és sporuláció csak megfelelő szubsztráton a hűvösebb őszi időszakban figyelhető meg. A viszonylag homogén környezet szerepet játszhat az alacsony izoenzim és RAPD polimorfizmus fennmaradásában. Sikerült korrelációt kimutatni a párosodási képesség megléte vagy hiánya és egyes izoenzim, illetve RAPD markerek között; ílymódon kizárólag molekuláris markerekkel a szexuális és neutrális izolátumok elkülöníthetővé váltak. Az egy helyről származó, párosodásra képes izolátumok genetikailag igen homogén csoportokat alkotnak; ez egy közös génkészlet (*gene pool*) létezését sugallja. Eredményeink ezáltal bizonyítékot szolgáltatnak azokhoz az újabb megfigyelésekhez, amelyek szerint (a korábbi általános nézettel szemben) az ivaros folyamatoknak fontos szerepük van a járomspórás gombák hosszabbtávú túlélésének biztosításában, mivel a természetben is számottevő gyakorisággal játszódnak le. Vizsgálataink során mindkét

módszer mind a *M. piriformis* intraspecifikus variabilitásának tanulmányozására, mind törzsidentifikálásra alkalmasnak bizonyult.

2. *A Gilbertella persicaria* intraspecifikus variabilitásának vizsgálata.

Ugyanezen módszerekkel vizsgáltunk 16 független helyről izolált *G. persicaria* izolátumot is. Izoenzim analízissel csak igen alacsony fajon belüli variabilitást lehetett detektálni, a RAPD vizsgálatok viszont szinte törzsszintű különbségeket tártak fel. Két primerrel az egyes párosodási típusokra (+ és -) specifikus amplifikációs termékeket azonosítottunk. Ezen primerekkel nyert RAPD mintázatok alapján a kétféle párosodási típus egyértelműen elkülöníthető. Számos olyan RAPD markert határoztunk meg, amely a későbbi genetikai vizsgálatokban is jól alkalmazható. Tanulmányoztuk 80 egyedi szubsztrát hasznosítását, valamint 35 szénforrás zigospóráképzésre gyakorolt hatását is.

3. *Rhizopus* izolátumok variabilitásának vizsgálata.

Elvégeztük 25 *Rhizopus* izolátum RAPD analízisét és szénforrás hasznosításának vizsgálatát. Az irodalmi adatokkal összhangban a vizsgált karakterek nagymértékű intra- és interspecifikus polimorfizmusát tapasztaltuk, ennek ellenére három fajszintű csoportot (*Rh. stolonifer*, *Rh. circinans*, *Rh. oryzae*) egyértelműen sikerült elkülönítenünk. Eredményeink alapján, indokoltnak látszik – az eredetileg önálló fajként leírt, de ma sem fajként sem változatként a *Rh. stolonifertől* meg nem különböztetett – *Rh. circinans*t külön fajként kezelni. Viszonylag egységes csoportot alkottak a *Rh. oryzae* izolátumok, az eltérő helyekről (különböző földrészekről) izolált törzsek RAPD mintázatai és szénasszimilációs spektruma is nagyon hasonló volt. Ezek az adatok cáfolják azt a megállapítást, mely szerint a *Rh. oryzae* egy heterogén, rosszul definiált gyűjtőfaj lenne. A *Rhizopus*ok rendszerezésére korábban felhasznált (főként morfológiai) karakterek túl nagy variabilitást mutatnak ahhoz, hogy egy időtálló taxonómiai felosztást lehetne rájuk alapozni, továbbá, az

ezekkel a módszerekkel végzett fajmeghatározás igen gyakran tévesnek bizonyul. Ezért olyan specifikus szénasszimilációs és RAPD markereket azonosítottunk, amelyek alkalmasak az általunk vizsgált 3 faj izolátumainak azonosítására.

- 4. A *M. piriformis* és a *G. persicaria* mitokondriális genetikai szerveződésének tanulmányozása.** Elektronmikroszkópos és restrikciónalémekkel végzett vizsgálatok eredményeként meghatároztuk a *M. piriformis* mitokondriális genom méretét (33,5 kb), elkészítettük cirkuláris fizikai térképét, amelyen sikerült egyes géneket lokalizálni. Eredményeink elsőként engednek betekintést a raktári kártevő *M. piriformis* mitokondriális genetikai rendszerébe, amely a harmadik ismert járomspórás gomba mtDNS. Ezen vizsgálatainkkal párhuzamosan megkezdtük a *G. persicaria* mitokondriális genomjának analízisét, amelynek során eddig meghatároztuk a restrikciónalémekkel nyert fragmentek és a mtDNS méretét (40,3 kb).
- 5. Mikovírusok kimutatása és jellemzése.** Mindhárom vizsgált csoportban elsőként sikerült mikovírusok előfordulását kimutatni. Két *G. persicaria* izolátum esetében ugyanazon nagyméretű (mintegy 15 kb) kétszálú RNS molekulát azonosítottuk. Nukleoproteidek gélelektroforézisével bizonyítottuk, hogy ezek az izolátumok nukleokapszidot is hordoznak. Kimutattuk, hogy a dsRNS elem a mitokondriális frakcióban lokalizált. Tanulmányoztuk a dsRNS elemeknek a zigospórákon keresztül történő transzmisszióját és azt tapasztaltuk, hogy ha a (+) párosodási típusú szülői izolátum (vagy mindkettő) vírus-hordozó volt, akkor a vírusátvitel 50 %-os volt; míg ha csak a (-) párosodási típusú szülő volt fertőzött, akkor a vírus nem jelent meg az utódizolátumokban. A transzmissziós kísérletek eredményei a mitokondriumok uniparentális öröklődését és egy olyan szelekciós mechanizmus létezését sugallják, amely akadályozza a vírus-hordozó mitokondriumok bejutását az utódokba. A vizsgált *Rhizopus*

izolátumok közül ötben mutattunk ki virális genomként azonosított, eltérő méretű kettőszálú RNS szegmenseket. Elektroforézissel, illetve elektronmikroszkópos vizsgálatokkal ezekben is VLP-ket azonosítottunk és jellemeztünk.

6. **A *G. persicaria* öröklődésének vizsgálata.** Alkalmos módszert dolgoztunk ki a *G. persicaria* izolátumok keresztezésére, a zigospórák izolálására és csíráztatására, valamint az utódok elkülönítésére. RAPD markerek felhasználásával megkezdtük a gomba öröklődésmenetének tanulmányozását. Kísérleteink során a következőket állapítottuk meg: az egy zigospórából származó utódok azonos párosodási típusúak; a vizsgált zigospórákban több (legalább 3) meiózisnak kellett lejárniuk (ellentétben a *Phycomyces*-szel, ahol azt figyelték meg, hogy a zigospórák 80 %-ában egyetlen meiózis történik); a RAPD markerek megoszlása az utódizolátumokban eltér a várt mendeli arányoktól; a zigospórából csírázó micélium heterokariotikusnak bizonyult (szemben a *M. hiemalis* esetével, ahol a germosporangiumok 98 %-a azonos genotípusú spórákat tartalmaz). A rendelkezésünkre álló markerekkel kapcsoltsági analízist is végeztünk, amelynek eredményeként 2 kapcsoltsági csoportot különítettünk el.
7. **Mating specifikus RAPD termék azonosítása.** A RAPD analízis során több párosodási típus specifikus amplifikációs terméket azonosítottunk. Az egyik (+) izolátumokra karakterisztikus sávot izoláltunk és plazmidvektorba klónoztuk, majd szekvenciáját meghatároztuk. Az amplicon a sejtciklus szabályozásában is fontos szerepet játszó szerin/tryptophan kinázok katalitikus doménjével mutat homológiát, ami felveti azt a lehetőséget, hogy az első járomspórák gombából származó (reményeink szerint a mating-folyamattal kapcsolatos) kináz gén egy részletét sikerült azonosítani.

8. 4.2.4. A *G. persicaria* rendszertani helyének vizsgálata a glicerinaldehid-3-foszfát dehidrogenáz gén egy szakaszának szekvencia elemzése alapján. A *G. persicaria* egy izolátumának és a Mucoraceae, illetve a Choanephoraceae család 3–3 fajt reprezentáló törzseinek DNS mintáiból specifikus primerekkel felszaporítottuk a *gpd* gén egy 240 bázispáros szakaszát és az így kapott fragmentek nukleotid-, illetve a feltételezett proteinek aminosavsorrendjét összehasonlítottuk. A *G. persicaria*, a szekvenciák filogenetikai analízise alapján jelentősen eltér mind a Mucoraceae, mind a Choanephoraceae családot képviselő izolátumoktól, ezáltal eredményeink molekuláris eszközökkel is megerősítetik a Gilbertellaceae család (elméleti megfontolásból történt) létrehozásának indokolt voltát. A termofil *R. miehei* és *A. elegans* a többi Mucoraceaebe tartozó izolátumtól erősen elkülönült klaszterben helyezkedik el (meglepő módon a *B. trisporaval* együtt); intronmentes szekvenciáik hasonlósága mellett, mindegyikük *gpd* fragmentjei ugyanazon a helyen tartalmaztak nagyfokú homológiát mutató intronokat is – ezek a többi vizsgált fajban nem fordultak elő.

A) AZ ÉRTEKEZÉS TÁRGYKÖRÉHEZ TARTOZÓ KÖZLEMÉNYEK

FOLYÓIRATBAN MEGJELENT KÖZLEMÉNYEK

1. Vágvölgyi, Cs., Papp, T., Palágyi, Zs., and Michailides, T. J. (1996) Isozyme variation among isolates of *Mucor piriformis*. *Mycologia* 88, 602-607.
2. Papp, T., Vágvölgyi, Cs., Kerényi, Z., Nagy, Á., and Michailides, T. J. (1997) DNA amplification polymorphisms of *Mucor piriformis*. *Ant. Leeuwenhoek* 72, 167-173.

3. Vágvölgyi, Cs., Magyar, K., **Papp, T.**, Vastag, M., Ferenczy, L., Hornok, L., and Fekete, Cs. (1998) Detection of double-stranded RNA molecules and virus-like particles in different *Mucor* species. *Antonie van Leeuwenhoek* 73, 207-210.
4. **Papp, T.**, Palágyi, Zs., Ferenczy, L., and Vágvölgyi, Cs. (1998) The mitochondrial genome of *M. piriformis*. *FEMS Microbiol. Lett.* 171, 67-72.
5. **Papp, T.**, Vastag, M., Nagy, Á., Michailides, T.J. és Vágvölgyi, Cs. (1999) Genetic variability of the postharvest pathogen *Gilbertella persicaria*. *Phytopathology* (előkészítve)
6. **Papp, T.**, Fekete, Cs., Ferenczy, L. és Vágvölgyi, Cs. (1999) Presence of double-stranded RNA and virus-like particles in *Rhizopus* isolates. *FEMS Microbiology Letters* (előkészítve)

FOLYÓIRATBAN MEGJELENT POSZTER- ÉS ELŐADÁSKIVONATOK

1. Vágvölgyi, Cs., **Papp, T.**, and Ferenczy, L. (1995) Intraspecific variation in isozyme patterns of *Mucor piriformis* isolates. *Acta Microbiol. Hung.* 42, 127-128.
2. Vágvölgyi, Cs., Magyar, K., **Papp, T.**, Nagy, Á., and Ferenczy, L. (1997) Application of carbon utilization tests in *Mucor* systematics. *Acta Microbiol. Hung.* 44, 74.
3. Vágvölgyi, Cs., Fekete, Cs., Magyar, K., **Papp, T.**, Palágyi, Zs. és Nagy, Á. (1997) Detection of double-stranded RNA molecules in different *Mucor* species. *Acta Microbiol. Hung.* 44, 74-75.
4. **Papp, T.**, Nagy, Á., Palágyi, Zs., Ferenczy, L., and Vágvölgyi, Cs. (1999) Analysis of the mitochondrial DNA of the postharvest pathogen *Mucor piriformis*. *Acta Microbiol. Hung.* 46, 135.

5. **Papp, T.**, Vastag, M., and Vágvölgyi, Cs. (1999) Genetic variability of the postharvest pathogen *Gilbertella persicaria*. Acta Microbiol. Hung. 46, 343-344.

EGYÉB KONGRESSZUSI SZEREPLÉSEK

1. Vágvölgyi, Cs., **Papp, T.**, Nagy, Á., Palágyi, Zs., Michailides, T. J. and Ferenczy, L. (1996) Comparison the isolates of the postharvest pathogen *Mucor piriformis* using molecular markers. ECFG-3, Münster, Germany, Abstracts 204.
2. **Papp, T.**, Kasza, Zs., and Vágvölgyi, Cs. (1998) The mitochondrial genome of *Mucor piriformis*. ECFG-4, León, Abstracts 129.
3. **Papp, T.**, Palágyi, Zs., Ferenczy, L., Nagy, Á., és Vágvölgyi, Cs. (1999) A *Mucor piriformis* mitokondriális DNS térképe. IV. Magyar Genetikai Kongresszus, Siófok, Abstracts 208.
4. **Papp T.**, Nagy, Á., Palágyi, Zs., Vastag, M. és Vágvölgyi, Cs. (1999) Genetic studies on sexual processes of *Gilbertella persicaria*. 13th. International Congress of the Hungarian Society for Microbiology, Budapest, Abstracts 75.
5. **Papp, T.**, Fekete, Cs., Ferenczy, L. és Vágvölgyi, Cs. (1999) Presence of double-stranded RNA and virus-like particles in *Rhizopus* isolates. 13th. International Congress of the Hungarian Society for Microbiology, Budapest, Abstracts 75.

B) EGYÉB KÖZLEMÉNYEK

FOLYÓIRATBAN MEGJELENT KÖZLEMÉNYEK

1. Vágvölgyi, Cs., Magyar, K., **Papp, T.**, Palágyi, Zs., Ferenczy, L., and Nagy, Á. (1996) Value of substrate utilization data for characterization of *Mucor* isolates. *Can. J. Microbiol.* 42, 613-615.
2. Palágyi, Zs., Nagy, Á., **Papp, T.**, Ferenczy, L., and Vágvölgyi, Cs. (1996) Chromosomal DNA preparation from yeasts of biotechnological importance. *Biotechnol. Tech.* 10, 565-568.
3. Somogyvári, F., Vágvölgyi, Cs., **Papp, T.**, and Ferenczy, L. (1996) Electrofusion of *Mucor circinelloides* protoplasts. *Biotechnol. Tech.* 10, 607-610.
4. Vastag, M., **Papp, T.**, Kasza, Zs., and Vágvölgyi, Cs. (1998) Differentiation of *Rhizomucor* species by means of carbon source utilization and isoenzyme analysis. *J. Clin. Microbiol.* 36, 2153-2156.
5. Vágvölgyi, Cs., Vastag, M., Ács, K., and **Papp, T.** (1999) *Rhizomucor tauricus*: a questionable species of the genus. *Mycol. Res.* 103, 612-618.

FOLYÓIRATBAN MEGJELENT POSZTER- ÉS ELŐADÁSKIVONATOK

1. Nagy, Á., Palágyi, Zs., Vágvölgyi, Cs., **Papp, T.**, and Ferenczy, L. (1996) Chromosomal rearrangements observed in auxotrophic and hybrid strains of *Phaffia rhodozyma*. *Acta Microbiol. Hung.* 43, 242.
2. Vastag, M., **Papp, T.**, Nagy, Á., Palágyi, Zs., Ferenczy, L., and Vágvölgyi, Cs. (1997) Delimitation of *Rhizomucor* species on the basis of genetic and physiological markers. *Acta Microbiol. Hung.* 44, 430-431.
3. Vastag, M., Nagy, Á., **Papp, T.**, Ács, K., and Vágvölgyi, Cs. (1999) Investigation of the taxonomic position of *Rhizomucor tauricus*. *Acta Microbiol. Hung.* 46, 134-135.

4. Vágvölgyi, Cs., Vastag, M., **Papp, T.**, and Kasza, Zs. (1999) Isoenzyme and random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis of the homothallic *Mucor genevensis*. Acta Microbiol. Hung. 46, 352.
5. Vastag, M., **Papp, T.**, Ács, K., and Vágvölgyi, Cs. (1999) Intraspecific variability of thermophilic *Rhizomucor* species as assessed by randomly amplified polymorphic DNA. Acta Microbiol. Hung. 46, 351.

EGYÉB KONGRESSZUSI SZEREPLÉSEK

1. Nagy, Á., Vágvölgyi, Cs., Palágyi, Zs., **Papp, T.** és Ferenczy, L. (1996) *Mucor* fajok kromoszóma polimorfizmusának vizsgálata elektroforetikus kariotipizálással. MBE Mol. Biol. Szakoszt. 1. Munkaértekezlete, Seregélyes, Abstracts 134.
2. Pesti, M., Czakó-Vér, K., Pintér, I., **Papp, T.**, Nagy, Á., Ferenczy, L., and Vágvölgyi, Cs. (1997) Variation of colony ultrastructure, isoenzyme pattern and RAPD products in *Candida albicans* morphological mutants. 13th ISHAM, 1997, Parma, Italy, Abstracts 128.
3. Vágvölgyi, Cs., Vastag, M., **Papp, T.**, Nagy, Á., and Ferenczy, L. (1997) Physiological and molecular markers to differentiate *Rhizomucor* species. 13th ISHAM, Parma, Abstracts 101.
4. Vágvölgyi, Cs., **Papp, T.**, and Kasza, Zs. (1998) Intraspecific variability of *Mucor genevensis* assessed by isoenzyme analysis and Random Amplification of Polymorphic DNA. IMC-6, Jerusalem, Abstracts.
5. Vastag, M. Garas, K., **Papp, T.**, Ács, K. és Vágvölgyi, Cs. (1999) The antifungal activity of lovastatin against *Rhizomucor* strains. 13th. International Congress of the Hungarian Society for Microbiology, Budapest, Abstracts 109.