

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

HORVÁTH NÁNDOR

MOSONMAGYARÓVÁR
2020

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

SZÉCHENYI ISTVÁN EGYETEM
MEZŐGAZDASÁG- ÉS ÉLELMISZERTUDOMÁNYI KAR
MOSONMAGYARÓVÁR
Növénytudományi Tanszék

Wittmann Antal Növény-, Állat- és Élelmiszer-tudományi
Multidiszciplináris Doktori Iskola

Doktori Iskola vezetője: Prof. Dr. Ördög Vince egyetemi
tanár, az MTA doktora

Készült a „Haberlandt Gottlieb Növénytudományi Doktori Program”
keretében

Programvezető: Prof. Dr. Ördög Vince egyetemi tanár, az MTA
doktora

Témavezetők:

Prof. Dr. Ördög Vince egyetemi tanár, az MTA doktora
Dr. habil. Molnár Zoltán, PhD, egyetemi docens

A MOSONMAGYARÓVÁRI ALGAGYŰJTEMÉNY (MACC) KORÁBBAN ALAKTANI SZEMPONTBÓL ANABAENA CIANOBAKTÉRIUM NEMZETSÉGBE SOROLT TÖRZSEINEK MOLEKULÁRIS TAXONÓMIAI JELLEMZÉSE

KÉSZÍTETTE:

HORVÁTH NÁNDOR

MOSONMAGYARÓVÁR

2020

1. BEVEZETÉS, CÉLKITŰZÉS

A cianobaktériumok alaktanilag változatos, oxigéntermelő, fotoszintetizáló élőlények, amelyek a környezeti hatásokkal szemben jelentős ellenálló képességgel rendelkeznek és a Föld legtöbb élőhelyén megtalálhatók. A taxonokat hagyományosan alaktani jellemzők alapján azonosították, de mára a molekuláris eljárások egyre inkább beépültek a tanulmányozásukba. A molekuláris markerek (pl. 16S rRNS, ITS, rbcL, rpoC1), valamint az alaktani és ökológiai jellemzők kombinációja (az úgynevezett "polifázikus megközelítés") a cianobakteriális taxonómia arany szabályává vált.

A heterocitás cianobaktériumok nehezen jellemezhetők, mivel számos alaktanilag jól meghatározott nemzetség tűnik polifiletikusnak, vagyis egy taxont több őszármazottai alkotnak. Az egyik ilyen példa az *Anabaena* nemzetség, melyet több kutató polifiletikusnak talált és jelenleg is több nemzetséget képvisel. Számos új nemzetséget írtak le és különítettek el az eredeti nemzetségtől és sok taxont áthelyeztek a *Dolichospermum*, a *Trichormus*, a *Chrysoosporum* és a *Sphaerospermopsis* nemzetségekbe. Az eredeti *Anabaena* nemzetség, a típusfaj szerint, közelebb áll egy, a *Trichormus*, *Nostoc*, *Cylindrospermum* és *Wollea* nemzetségeket magába foglaló csoporthoz.

A nemzetségek, különösen az *Anabaena* alapos vizsgálata elengedhetetlen toxikológiájuk és vízvirágzásokban való előfordulásuk iránti növekvő érdeklődés miatt. Az *Anabaena* nemzetség fontosságát az adja, hogy fajai számos biológiailag aktív vegyületet tudnak előállítani. Bizonyos *Anabaena* fajok káros hatású mérgezőanyagokat termelnek és az előrejelzések azt mutatják, hogy ez a környezeti változásokkal egyre

gyakoribbá fog válni. Számos olyan *Anabaena* törzs található az MACC-ben (Mosonmagyaróvári Algagyűjtemény), mint az *Anabaena sphaerica* (Bornet és Flahault), az *Anabaena constricta* (Szafer Geitler) és az *Anabaena miniata* (Skuja), amelyek másodlagos anyagcseretermékei fungicid hatásúnak bizonyultak illetve a káposztalégy tojásrakását gátolták. Az MACC-izolátumok bioaktív anyagainak további feltárásához és a cianobakteriális vízvirágzás gyakoriságának vizsgálatához a fajok azonosítása és taxonómiai kapcsolatuk szorosságának a megállapítása hasznos információkkal szolgál.

Az MACC gyűjteményben jelenleg 280 cianobaktérium törzset tartanak nyilván. A szerző kutatásai során a korábban alaktani szempontból *Anabaena* nemzetség néven azonosított 82 MACC törzs filogenetikai meghatározására összpontosított. Ezt korábban még nem vizsgálták az MACC *Anabaena* törzseknél, ezért újnak tekinthető. Molekuláris vizsgálatok alkalmazásával értékelte a filogenetikájukat és a törzseket a részleges 16S rRNS gén használatával újraosztályozta.

Célkitűzések:

- A Mosonmagyaróvári Algagyűjtemény (MACC) *Anabaena* törzseinek filogenetikai csoportokba sorolása, azonosítása a részleges 16S rRNS génszekvenciájuk alapján. Ezzel bemutatható az MACC *Anabaena* törzsek mai tudásunk szerinti helye a cianobaktérium törzsfa egy szakaszán.
- Az akinéta képződés elősegítése, ami megalapozza a további sikeres taxonómiai vizsgálatok lehetőségét.

- Az MACC korábban alaktani szempontból *Anabaena* nemzetségbe sorolt antimikrobiális törzseihez rendszertanilag közel álló törzsek kiválasztása, amelyek bevonása javasolható további tesztelésbe.

2. ANYAG ÉS MÓDSZER

2.1. A törzsek szaporítása

A törzstenyészeteket az izoláláshoz használt tápoldatban vagy leginkább táptalajon tartják fenn a Széchenyi István Egyetem Növénytudományi Tanszékén (1. ábra).



1. ábra. Törzstenyészetek fenntartása agarral szilárdított táptalajon a Mosonmagyaróvári Algagyűjteményben.

A szerző 82 törzset választott ki a Széchenyi István Egyetem Mosonmagyaróvári Algagyűjteményéből (MACC). 60 törzs Szerbiából (Újvidéki Egyetem – Novi Sad), 12 törzs Magyarországról, 3 törzs Oroszországból (IPPAS), 2 törzs Angliából (CCAP), 2 törzs Csehországból (CCALA), 2 törzs Ukrajnából és egy törzs Brazíliából

származott. A törzstenyészetekből vett mintákat 500 mL-es Erlenmeyer-lombikokban lévő 250 ml módosított Zehnder-8 tápközegbe oltotta és azokat 24-26 °C-os hőmérsékleten $130 \mu\text{mol foton m}^{-2} \text{s}^{-1}$ fényintenzitás mellett, hideg fehér fénynél (14 h / 10 h világos / sötét ciklus) tenyésztette. A tenyészeteket 20 L h^{-1} (= 1,33 L levegő L^{-1} tápközeg percenként) steril, párasított levegővel buborékoltatta át, amit a fényszakasban 1,5% széndioxiddal dúsított (2. ábra). A buborékoltatásra használt levegőt steril egyedi vattaszűrőn át juttatta be a tenyészetekbe. A kiülepedés megakadályozására a tenyészeteket naponta kétszer manuálisan is felkeverte.



2. ábra. Mikroalga tenyésztő laboratórium az MACC törzsek szaporítására.

2.2. Alaktan

A szerző a törzsek alaktanát Olympus BX60 mikroszkóppal vizsgálta. Az MACC törzseinek rendszertani besorolásánál az interneten megtalálható és folyamatosan frissített AlgaeBase (www.algaebase.org) adatbázist használta. Törzsenként legalább 30 fonalat örökített meg

digitális fényképezőgéppel (Olympus DP 70, nagyítás 400x). A vegetatív sejtek és a heterociták méreteit képalkotó szoftver segítségével (Olympus DP Soft 3.2) mérte. A fotók kontrasztját az Adobe Lightroom szoftverrel fokozta.

A törzsek alaktani összehasonlítását hét paraméter alapján végezte el: 1. vegetatív sejt szélesség, 2. vegetatív sejt hosszúság, 3. heterocita szélesség, 4. heterocita hosszúság, 5. vegetatív sejt alakja, 6. heterocita alakja, 7. heterocita elhelyezkedése a fonalon belül. Ezek nem helyettesíthetik a cianobaktérium taxonómiában diakritikusnak (megkülönböztetőnek) minősített akinéták jelenlétét, fonalon belüli elhelyezkedését, mintázatát, azonban kiindulópontot jelentenek a törzsek behatárolására.

2.3. DNS kivonás, PCR, szekvencia elemzés

A DNS elemzéshez 82 MACC törzs részleges 16S rRNS génszekvenciáját használta. A szekvenálást és azok adatainak értékelését Dr. Maróti Gergely és munkatársai végezték (Seqomics Kft., Mórahalom). A teljes genomi DNS-t a GeneJET genomi DNS tisztító készlet (Thermo Fisher Scientific) alkalmazásával vonta ki.

A 16S rRNS gént a 8F (AGAGTTTGATCCTGGCTCAG) és az S8 (TCTACGCATTTACCGCTAC) primerek alkalmazásával sokszorozította. A PCR keverék 10 µl Phusion Flash High-Fidelity PCR Master Mix-et (Thermo Fisher Scientific), 7 µl dH₂O-t, 1 µl-t minden primerből és 1 µl tisztított DNS-t (50-100 ng) tartalmazott. A kezdeti denaturáció 98 °C volt 30 másodpercig tartott, majd 98 °C-on 10 másodpercig a PCR készülék újból denaturálta a mintát, ezután 58 °C-on 20 másodpercig temperálta. A meghosszabbítás 72 °C-on 30 másodpercig

tartott. A végső meghosszabbítást a készülék 72 °C-on 1 percig végezte és ez 40-szer ismétlődött. A PCR reakcióoldat végső térfogata 20 µL, amely primerenként 0,5 µmol végkoncentrációt tartalmazott. A PCR termék hossza 510-660 bázispár között változott. A DNS-amplifikáció után a termékeket 1,5% -os agaróz gélen futtatta. A PCR termékeket a GeneJET gélextraháló készlet (Thermo Fisher Scientific) segítségével tisztította. A PCR-termék tisztaságát a Nanodrop™ 260/280 nm-en vizsgálta. A szekvenáláshoz a LifeTech 3500 Genetic Analyzer (Thermo Fisher Scientific) kapilláris szekvenálót használta.

A 8F forward primer kapcsolódási pozíciója 8-27, míg az S8 reverse primer kapcsolódási pozíciója 649-630. A primerek kapcsolódási pozíciójának megállapítása az *Anabaena sp.* PCC 7120 törzs 16S rRNS szekvenciája alapján történt. A szekvenciáknak csak minimális, néhány bázispáros, minőségileg nem megfelelő eleje került törlésre a quality trimmelés részeként. Mivel méretükből adódóan az MACC szekvenciák nem nyúltak túl a hosszabb referenciaszekvenciákon, így ilyen okból nem kellett vágni belőlük. Az NCBI adatbázisába történő felhasználáshoz vágott szekvenciák kerültek feltöltésre. A szekvenálás során kapott szekvenciákat az NCBI GenBank adatbázisában lévő szekvenciákhoz illesztette, hogy megtalálja, az adatbázis mely szekvenciáival mutatják a legnagyobb hasonlóságot. A keresést a nukleotid adatbázisban (Nucleotide collection database, nr/nt) Standard Nucleotide BLAST programmal, megablast (highly similar sequences) algoritmussal végezte az alapbeállítás mellett.

A Nostocaceae törzsek (*Anabaena*, *Cylindrospermopsis*, *Desmonostoc*, *Nostoc*, *Roholtiella*, *Trichormus* és *Wollea*) referencia szekvenciáit a GenBank-ból töltötte le és a *Chroococcidiopsis thermalis*

PCC 7203-at, mint nem heterocitás szereplőt, külső csoportként szintén hozzáadta az adathalmazhoz. A teljes mátrix 147 szekvenciát tartalmazott. A szekvenciákat a MUSCLE algoritmus segítségével a MEGA 7 programmal illesztette össze. A jModelTest 2 módszert alkalmazta, hogy szubsztitúciós modelleket határozhasson meg a nukleotid evolúció bemutatására. A TIM2+G+I modellt a legjobb illeszkedés elérése miatt alkalmazta (1000 bootstrap iteráció). A szekvenciák közötti filogenetikai összefüggéseket a Geneious 10.2.3 program segítségével számolta ki. A Maximum Likelihood (ML) elemzést az RAxML program segítségével végezte. A Bayes-analízis során négy Markov-láncot futtatott le kétszer a MrBayes v. 3.1.2 program alkalmazásával $2,5 \times 10^7$ generációra alapértelmezett paraméterekkel, minden 100 generációnkénti mintavételezéssel (a végső átlag szórása az osztott frekvenciáknak alacsonyabb volt, mint 0,01). A mintavételezett fák első 25%-át eltávolította, a fennmaradó részeket az ágak poszterior valószínűségeinek kiszámításához használta fel.

A szerző a végső filogenetikai fát úgy hozta létre, hogy a bayesi következtetést alkalmazta a MrBayes 3.1.2 programmal és a maximális likelihood elemzést használta az RAxML 7.3.2 programban. A filogenetikai fákat az Adobe Illustrator CC Version 2014.01 verziójával rajzolta és szerkesztette. A 16S rRNS-gén részleges szekvenciáit összehasonlító MACC-törzsek hasonlósági mátrixát (százalékban) a Geneious 10.2.3-ban számította ki, míg a p-távolságokat a MEGA 7-tel.

2.4. Akinétaképzés előidézése

Foszfor- és vashiányos tápoldat előállítása: A szerző a törzstenyészetekből 500 mL-es Erlenmeyer-lombikokban lévő 250 ml módosított Zehnder-8 tápközegbe oltott, amelynek a 2. törzsoldatából a 9,3 g K_2HPO_4 alkotót kicserélte KNO_3 -ra. Az 1,3515 g $FeCl_3 \cdot 6H_2O$ helyett pedig ugyanennyi Mili-Q[®] vizet mért be a tápközegbe. A törzseket a korábban említett módon szaporította.

Alacsonyabb hőmérséklet: A fent említett hiányos tápoldatból agarral szilárdított (1,5%) táptalajt készített és töltött Petri-csészékbe. A dúsító tenyészetből a mikroalga szuszpenziót 10^5 – 10^7 -szeresére hígította tápoldattal. A hígított szuszpenziót a Petri csészében lévő szilárd táptalaj felszínén szélesztette. A mintákat hűtőben tárolta 10 °C-on. A képződött akinétákat Olympus BX60 mikroszkóppal vizsgálta, a sejtszámot Bürker kamrában határozta meg a tenyésztés 10., 20. és 30. napján. A kísérletet minden törzs esetében három ismétlésben végezte el.

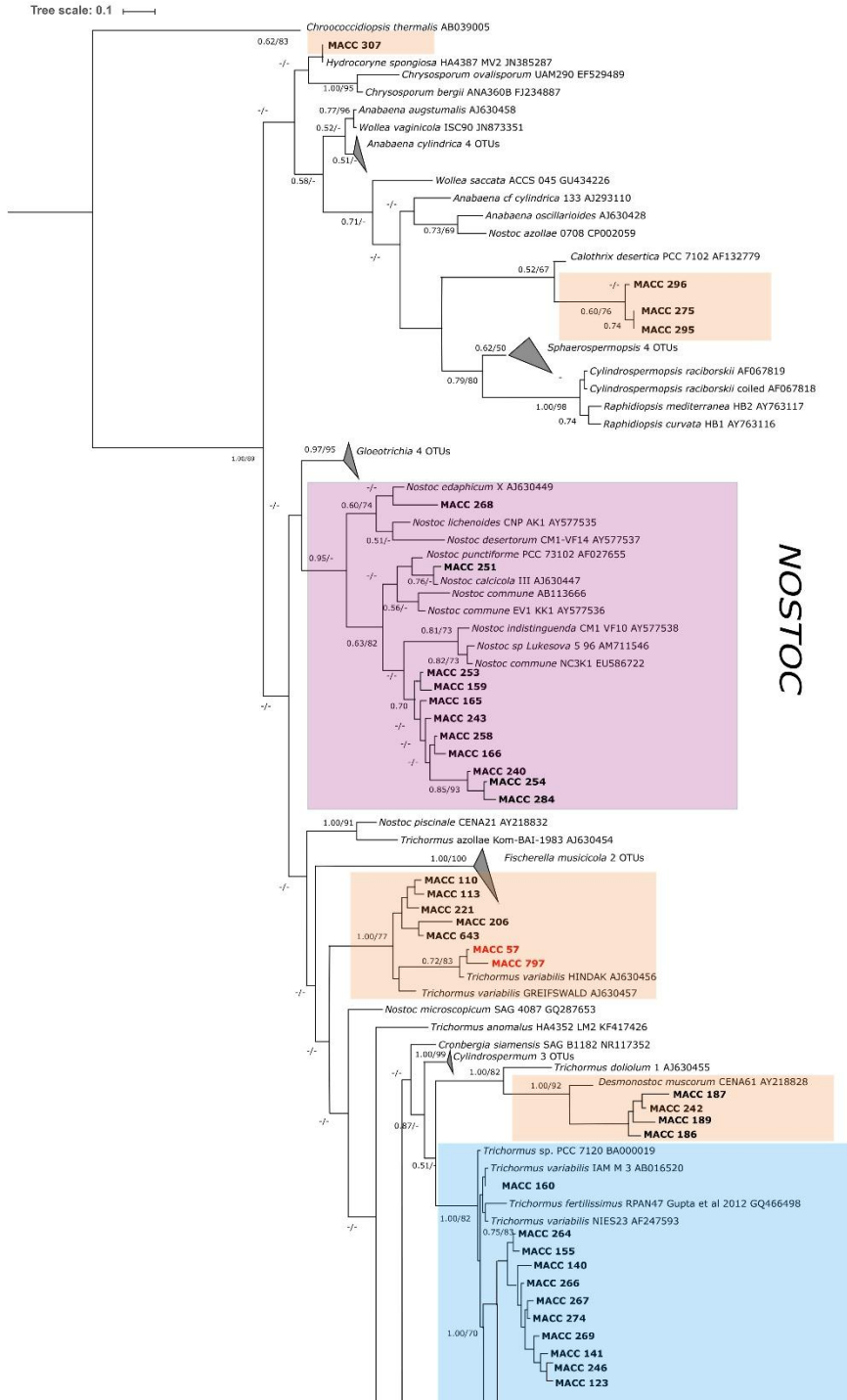
3. EREDMÉNYEK ÉS KÖVETKEZTETÉSEK

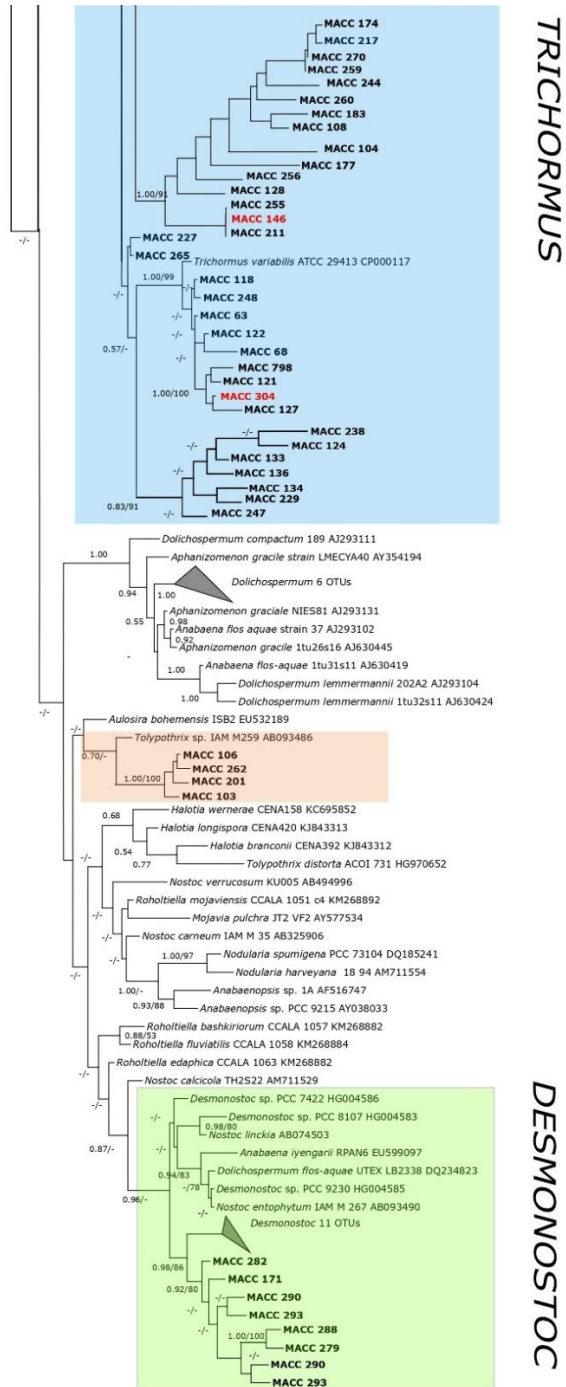
3.1. Nyolcvankét MACC törzs molekuláris biológiai vizsgálata

A szerző a 82 vizsgált törzset 147, a szakirodalomban már korábban vizsgált törzs segítségével helyezte el a cianobaktériumok fáján (3. ábra). Az MACC törzsek kódjait félkövérrrel emelte ki, pirossal pedig a tanszék által korábban már vizsgált, bizonyítottan értékes törzseket jelölte meg. Az értekezésben az értékes szó azt jelenti, hogy másodlagos

anyagcsere terméket állítanak elő, és növényi gombabetegségek ellen fungicid hatású cianobaktérium törzseknek bizonyulnak vagy rovarrepellens hatásúak.

A szerző 3, filogenetikai elemzéssel jól alátámasztott csoportot alakított ki a Nostocales renden belül, amelyekből kettő monofiletikus volt. A szerző vizsgálatai feltárták, hogy az MACC *Anabaena* nemzetségen belüli törzsek közötti kapcsolatok nem egyeznek meg a korábbi alaktani osztályozással, következésképp a törzsek legalább három különböző nemzetséghez tartoznak. Eszerint a *Trichormus* nemzetséghez 44, a *Nostoc* nemzetséghez 11, a *Desmonostoc* nemzetséghez pedig 8 törzs tartozik. A 82 MACC törzsből 19 törzset pasztell barack színnel különített el a fán, mert azok a három nagy csoporthoz képest nem jól alátámasztottak és a pontos meghatározásukhoz további gének vizsgálata szükséges.





3. ábra. A 16S rRNS filogenetikai elemzése.

Bioaktív törzsek

Az MACC 146 törzset (3. ábra) a Széchenyi István Egyetem Növénytudományi Tanszékén korábban már vizsgálták és közepesen rovarrepellens hatású cianobaktérium törzsnek bizonyult. A szerző javasolja a filogenetikai fán hozzá közel eső MACC 211 és 255 törzsek további vizsgálatát a repellens hatásuk bizonyítására.

Az MACC 304 törzset (3. ábra) a tanszéken korábban szintén vizsgálták és növényi gombabetegségek ellen fungicid hatású (az *Alternaria*, a *Fusarium*, a *Rhizoctonia*, a *Pythium*, a *Phaeoramularia*, a *Botrytis* és a *Sclerotinia* kórokozók ellen) cianobaktérium törzsnek bizonyult. A szerző javasolja a filogenetikai fán hozzá közel eső MACC 127 törzs fungicid hatásának vizsgálatát.

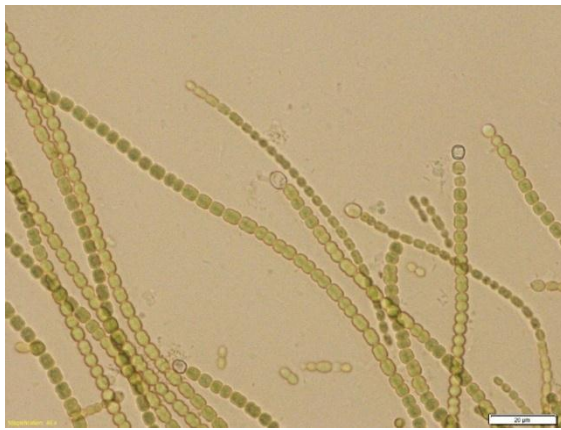
A szerző javasolja továbbá az MACC 57 és 797 törzsekhez közel elhelyezkedő MACC 110, 113, 206, 221 és 643 törzsek (3. ábra) vizsgálatát a káposzta gyökérlégy tojásrakásának kutatására irányuló tesztekben, ugyanis az MACC 57 és 797 tojásrakást csökkentő törzseknek bizonyultak.

3.2. Hatvanhárom MACC törzs alaktani vizsgálata

***Trichormus* csoport**

A csoport tagjai a katalógusban *Anabaena azollae*, *A. constricta*, *A. flos-aquae*, *A. hassalii*, *A. miniata*, *A. tenericualis*, *A. sp.*, *A. sphaerica* és *A. variabilis* néven szerepelnek, a genetikai vizsgálat alapján azonban a *Trichormus* nemzetség tagjainak bizonyultak, így a szerző javasolja a korábbi, alaktani vizsgálatokon alapuló elnevezés megváltoztatását és

helyette az új, filogenetikai vizsgálatokon alapuló elnevezések alkalmazását. Az elmúlt években az egyre szélesebb körben alkalmazott genetikai vizsgálatok hatására az *Anabaena* fajok jelentős része átkerült a *Trichormus* nemzetségbe. A sejtek jellegzetes hordó és gömb alakúak, a fonalakon gömbalakú és ovális heterociták találhatóak (4. ábra). A fajmeghatározás alaktani vizsgálattal nem lehetséges, mert tenyészetben a határozáshoz szükséges kitartósejtek (akinéta) nem jelennek meg.



4. ábra. A *Trichormus* csoport egy jellemző törzsének, az MACC 269 *Trichormus* sp. mikroszkópi képe 400-szoros nagyításban.

***Nostoc* csoport**

A szerző javasolja, hogy a csoport törzsei *Nostoc* sp. néven szerepeljenek a katalógusban, amint azt a filogenetika elemzés eredményei is alátámasztották. Jelenlegi megnevezésük: *Anabaena constricta*, *A. sp.* és *A. variabilis*. Ezek a törzsek jó példák arra, hogy a *Nostoc* és az *Anabaena* (*Trichormus*) nemzetség képviselői laboratóriumi tenyészetekben alaktani szempontból nem különböznek számottevően, így nehezen különböztethetők meg (5. ábra). Ebben az esetben is csak a

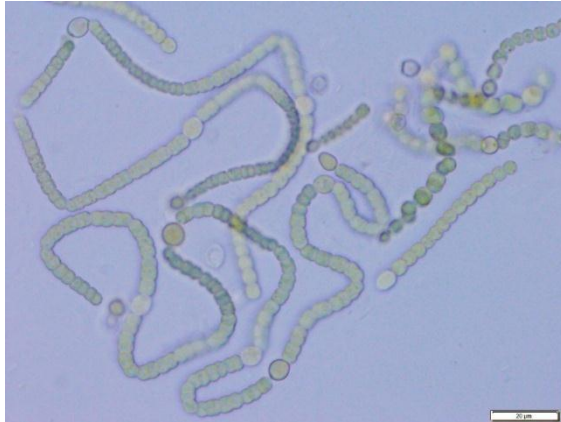
fonalak töredezettsége utal arra, hogy *Nostoc* fajról van szó. További molekuláris vizsgálatokra van szükség az izolátumok faji szinten történő meghatározásához.



5. ábra. A *Nostoc* csoport egy jellemző törzsének, az MACC 286 *Nostoc* sp. mikroszkópi képe 400-szoros nagyításban.

***Desmonostoc* csoport**

A szerző *Desmonostoc* sp. törzsekként azonosította az alcsoport tagjait, amelyek a katalógusban eredetileg *Anabaena affinis*, *A. constricta* és *A. variabilis* néven szerepelnek. A genetikai vizsgálat alapján vált lehetővé nemzetség szintű újraosztályozásuk. A közelmúltban a *Nostoc* fajok egy része átkerült a *Desmonostoc* nemzetségbe. A szerző ez esetben is javasolja a korábbi, alaktani vizsgálatokon alapuló megnevezések helyett az új, filogenetikai vizsgálatokon alapuló megnevezések alkalmazását. A törzs tagjai jellegzetes hordóalakú és ovális sejtekkel, a fonalak gömbalakú és ovális, esetenként fonalvégi heterocitákkal bírnak (6. ábra).



6. ábra. A *Desmonostoc* csoport egy jellemző törzsének, az MACC 109 *Desmonostoc* sp. mikroszkópi képe 400-szoros nagyításban.

Akinétaképzés

Jóllehet foszfor- és vashiányos tápközeg alacsony hőmérsékleten csupán egy törzsnél, az MACC 110 esetében vezetett akinétaképzéshez. A szerző szerint nem zárható ki, hogy egyéb környezeti feltételek módosításával, vagy további ásványi anyagok elvonásával más MACC törzsek is mutathatnak még akinétaképzést, ami a faji szintű meghatározás alapfeltétele.

4. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. A Mosonmagyaróvári Algagyűjtemény (MACC) történetében elsőként izolálta, PCR módszerrel sokszorosította, ezt követően szekvenáltatta, majd rendszertanilag elemezte 82, az *Anabaena* nemzetség tagjainak vélt MACC cianobaktérium törzs genomi DNS-ét. Ennek alapjául a 16S rRNS a riboszómális gén egy bizonyos szakasza szolgált. Az említett gént a 8F (5'-AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG-3') és az S8 (5'-CTT CGA GCC CCC AAC TTT C-3') primerek segítségével sokszorosította. A PCR termék hossza 510-660 bázispár között változott.
2. Rámutatott arra, hogy a törzsek többsége, a cianobaktérium taxonómiában az elmúlt években bekövetkezett jelentős változások miatt, új nemzetségekbe sorolandó. Ehhez hozzájárult, hogy új lehetőség nyílt filogenetikai meghatározásukra a 16S rRNS marker gén segítségével. Ezen kívül, megállapította, hogy a törzsek többsége 3 filogenetikai csoportba sorolható a cianobaktérium filogenetikai fán. A molekuláris adatok szerint a 63 törzs közül nyolc a *Desmonostoc*, tizenegy a *Nostoc* nemzetség tagja, negyvennégy törzs pedig a *Trichormus* nemzetséggel mutat genetikai hasonlóságot. Tizenkilenc törzs pontos meghatározásához további gének vizsgálata szükséges.
3. Rávilágított arra, hogy a tanszéken korábban már vizsgált törzsekhez a filogenetikai fán közel eső törzsek szintén rendelkezhetnek a káposzta gyökérlégy tojásrakását csökkentő vagy növényi gombabetegségek ellen fungicid hatással, de ennek bizonyítására további vizsgálatokra van szükség. A következő törzsek sorolódtak a filogenetikai elemzés során bizonyítottan bioaktív törzsek mellé:

MACC 110, MACC 113, MACC 127, MACC 206, MACC 211, MACC 221, MACC 255, MACC 643.

4. Nyolcvankét törzs mikroszkópi módszerrel történő elemzését ugyancsak elvégezte. Rávilágított arra, hogy az alaktani meghatározást meg kell erősíteni a molekuláris biológiai eredményekkel, ugyanis a nagy mennyiségben keletkező filogenetikai adatok korában, már a nemzetség szintű azonosítás sem biztosított alaktani szinten. Akinéták hiányában a törzsek alaktani összehasonlítása hét paraméter alapján történt: 1. vegetatív sejt szélesség, 2. vegetatív sejt hosszúság, 3. heterocita szélesség, 4. heterocita hosszúság, 5. vegetatív sejt alakja, 6. heterocita alakja, 7. heterocita elhelyezkedése a fonalon belül.
5. A Mosonmagyaróvári Algagyűjteményben (MACC) elsőként vizsgálta akinéták jelenlétét. A foszfor- és vashiány előidézésével, ultratiszta (Mili-Q®) vízzel történő atmoszással és alacsony hőmérséklettel kombinálva az MACC 110 törzs esetében akinétaképződést figyelt meg. A 14-16 µm hosszú és 9-10 µm széles akinéták mellett egyes esetekben úgynevezett proakinéták (fiatal akinéták) is felfedezhetők voltak.

5. AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN MEGJELENT TUDOMÁNYOS KÖZLEMÉNYEK

Nemzetközi impakt faktoros folyóiratban megjelent publikációk:

1. **N. Horváth**, S. Katona, D.E. Berthold, Z. Molnár, P. Bálint, V. Ördög, B. Pap, G. Maróti, F. Bánáti, K. Szenthe, L. Vörös, C. Kilgore, H.D. Laughinghouse 2019: The reclassification of 37 strains from The Mosonmagyaróvár Algal Culture Collection, Hungary, which were previously identified as *Anabaena* (Cyanobacteria, Nostocaceae). South African Journal of Botany. 123, 333-340. Q2, **IF: 1.792**.
2. S. Katona, **N. Horváth**, D.E. Berthold, Z. Molnár, P. Bálint, V. Ördög, B. Pap, G. Maróti, F. Bánáti, K. Szenthe, L. Vörös, C. Kilgore, H.D. Laughinghouse 2019: Phylogenetic re-evaluation of previously identified *Chlamydomonas* (Chlorophyta, Chlamydomonadaceae) strains from The Mosonmagyaróvár Algal Culture Collection, Hungary, using molecular data. South African Journal of Botany. 125, 16-23. Q2, **IF: 1.792**.

Hazai tudományos folyóiratban megjelent publikáció:

3. S. Katona, **N. Horváth**, Z. Molnár, V. Ördög 2018: Extracellular polysaccharides in twenty *Chlamydomonas* strains of the Mosonmagyaróvár Algal Culture Collection. Acta agronomica Óváriensis. 59, 62-81.

4. **N. Horváth**, Z. Molnár, V. Ördög 2016: Az *Anabaena* cianobakterium nemzetség biotechnológiai felhasználása és taxonómiai áttekintése. Botanikai közlemények. 103, 135-152.

Nemzetközi konferencián tartott idegen nyelvű előadások:

5. **N. Horváth**, S. Katona, Z. Molnár, V. Ördög 2019: Extracellular polysaccharides in twenty *Chlamydomonas* strains of the Mosonmagyaróvár Algal Culture Collection. 9th Symposium on Microalgae and Seaweed Products. Mosonmagyaróvár, 25-26 June, 2019

Nemzetközi konferencián bemutatott poszterek:

6. S. Katona, **N. Horváth**, D.E. Berthold, Z. Molnár, P. Bálint, V. Ördög, B. Pap, G. Maróti, F. Bánáti, K. Szenthe, L. Vörös, C. Kilgore, IV H.D. Laughinghouse 2019: The reclassification of 37 strains from The Mosonmagyaróvár Algal Culture Collection, Hungary, which were previously identified as *Anabaena* (Cyanobacteria, Nostocaceae). 9th Symposium on Microalgae and Seaweed Products. Mosonmagyaróvár, 25-26 June, 2019.
7. **N. Horváth**, S. Katona, Z. Molnár, V. Ördög 2015: Review of the possible ways to enhance the akinete germination of the genus *Anabaena*. 7th Symposium on Microalgae and Seaweed Products. Mosonmagyaróvár, 29-30 June, 2015.
8. S. Katona, **N. Horváth**, Z. Molnár, V. Ördög 2015: Review of the biotechnological research results of the genus *Chlamydomonas*. 7th Symposium on Microalgae and Seaweed Products. Mosonmagyaróvár, 29-30 June, 2015.

9. **N. Horváth**, S. Katona, Z. Molnár, V. Ördög 2014: Taxonomic and phylogenetic analysis of *Anabaena* cyanobacterium strains. XXXV. Óvári Tudományos Nap. Mosonmagyaróvár, 13 November, 2014.
10. S. Katona, **N. Horváth**, Z. Molnár, V. Ördög 2014: Taxonomic and phylogenetic analysis of *Chlamydomonas* green alga strains. XXXV. Óvári Tudományos Nap. Mosonmagyaróvár, 13 November, 2014.
11. **N. Horváth**, S. Katona, Z. Molnár, V. Ördög 2014: Phylogenetic and taxonomic review of the *Anabaena* (Nostocales, Cyanobacteria) cyanobacteria strains. 11th Congress of the Hungarian Society of Plant Biology. Szeged, 27-29 August, 2014.
12. S. Katona, **N. Horváth**, Z. Molnár, V. Ördög 2014: Phylogenetic and taxonomic review of the *Chlamydomonas* (Volvocales, Chlorophyta) green algae strains. 11th Congress of the Hungarian Society of Plant Biology. Szeged, 27-29 August, 2014.
13. **N. Horváth**, S. Katona, N. Makra, Z. Molnár, V. Ördög 2013: Application of PCR methods on the algae strains of Mosonmagyaróvár Algae Culture Collection (MACC). 6th Symposium on “Microalgae and seaweed products in plant/soil-systems”. Mosonmagyaróvár, 24-25 June, 2013.
14. S. Katona, **N. Horváth**, Z. Molnár, V. Ördög 2012: Gibberellinsav és mikroalga kezelés hatása néhány fűszernövény magjának csírázására. XXXIV. Óvári Tudományos Nap. Mosonmagyaróvár, 2012. október 5.