

Gombafajok DNS alapú azonosítása

2012. május 8.

Az Amerikai Tudományos Akadémia folyóirata, a Proceedings of National Academy of Sciences (PNAS) [április 17-i száma](#) címlapfotója a nemzetközi „Fungal Barcoding Consortium” közleményére hívja fel a figyelmet. A cikk szerzői között vannak a SZTE TTIK Mikrobiológiai Tanszék kutatói is.

A nemzetközi összefogással megvalósult kutatásban, melynek célja a gombafajok azonosítására általánosan, mintegy „vonalkódként” használható DNS szakaszok meghatározása volt, Magyarországról a SZTE TTIK Mikrobiológiai Tanszék öt (Nagy László, Nyilasi Ildikó, Papp Tamás, Petkovits Tamás és Vágvölgyi Csaba), valamint az ELTE TTK Biológiai Intézet Növény szervezettani Tanszék két kutatója (Kovács M. Gábor és Knapp G. Dániel) vett részt.

A kutatás jelentőségét átfogó volta adja. A valódi gombákat szinte teljesen felölelő vizsgálat számos gén, illetve lókuszt (az egyes gének fizikai helye a kromoszómán) összehasonlításával a gombák univerzális vonalkódként a sejtmagi riboszómális RNS-t kódoló komplex ITS régióját jelölte meg. A szegedi kutatók két nagyobb gombacsoport, az *Agricales* és a *Mucoromycotina* elemzésében vettek részt.



Coprinellus micaceus (Nagy László felvétele)

A kutatócsoport az utóbbi időben több jelentős eredményt ért el a molekuláris filogenetika és evolúció területén. Elsőként írtak le robbanásszerű adaptív radiációt (fajképződést) gombákban (Nagy és mtsai., 2012), melyet a hasonlóan rangos Systematic Biology folyóiratban közöltek. Egy nemrég lezárt, az OTKA és a német DFG kutatási alap által is támogatott nemzetközi együttműködés keretében elvégezték a Mucoromycotina egyik legnagyobb csoportjának átfogó filogenetikai elemzését (Petkovits és mtsai., 2011). A létrehozott adatsorok általános érvényű biológiai kérdések tanulmányozását is lehetővé tették, pl. a létező, de még le nem írt fajok számának becslésére vonatkozóan (Nagy és mtsai., 2011).

További információk:

Dr. Papp Tamás egyetemi docens (SZTE TTIK Mikrobiológiai Tanszék)

E-mail: pappt@bio.u-szeged.hu

Kapcsolódó publikációk:

Nagy GL, Házi J, Szappanos B, Kocsubé S, Bálint B, Rákhely G, Vágvolgyi Cs, Papp T (2012) The evolution of defense mechanisms correlate with the explosive diversification of Coprinellus mushrooms (Agaricales, Fungi). *Syst. Biol.* doi: 10.1093/sysbio/sys002 **IF: 9.532**
<http://sysbio.oxfordjournals.org/content/early/2012/01/31/sysbio.sys002.short?rss=1>

Nagy GL, Petkovits T, Kovács MG, Voigt K, Vágvolgyi Cs, Papp T (2011) Where is the unseen fungal diversity hidden? A study of Mortierella reveals a large contribution of reference collections to the identification of fungal environmental sequences. *New Phytologist* 191, 789-794 **IF: 6.516**
<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1469-8137.2011.03707.x/abstract>

Petkovits T, Nagy GL, Hoffmann K, Wagner L, Nyilasi I, Griebel T, Schnabelrauch D, Vogel H, Voigt K, Vagvolgyi Cs, Papp T (2011) Data partitions, Bayesian analysis and phylogeny of the zygomycetous fungal family Mortierellaceae, inferred from nuclear ribosomal DNA sequences. *PLoS One* 6(11): e27507. **IF: 4.411** **<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0027507>**