

TÉZISEK

Új prokarióta taxonok leírása és módszerfejlesztések alkalmazott mikrobiológiai és mikrobiális ökológiai kutatások során

Dr. Tóth Erika
ELTE Mikrobiológiai Tanszék
Budapest, 2020

A baktériumok sajátos helyet képviselnek az élővilág körében, rendszerezésük komoly kihívás a kutatók előtt, hatalmas taxonómiai diverzitásuk jelentős része azonban a „nem tenyésztetőség” szűrőjén fennakad. Így számos kérdésre csak molekuláris biológiai eszközökkel adhatunk választ.

Az elmúlt 20 évben, laboratóriumomban, az ELTE Mikrobiológiai Tanszékén gyakran a taxonómia és a diverzitás kutatás eszközeivel válaszoltunk meg fontos, környezetbiológiai és ipari szempontból jelentős kérdéseket. Dolgozatomban ezt foglalom össze, mindamelllett, hogy számos baktériumtaxon polifázikus leírását is bemutatom.

A munkák során **alkalmazott módszerek** igen sokrétűek: klasszikus és speciális tenyésztést (táptalaj fejlesztés is), mikroszkópos technikákat (fény és elektronmikroszkópos eljárásokat egyaránt) kemotaxonómiai módszereket (baktériumtörzseknél és mikroba közösségekre vonatkozóan is), valamint molekuláris biológiai eszközök széles tárházát is felhasználtuk (16S rRNS és egyéb háztartási gének bázissorrend elemzése, T-RFLP - terminális restrikciós fragmenthossz polimorfizmus, DGGE - denaturáló gradiens gél elektroforézis - vizsgálatok, klónkönyvtárak feldolgozása, teljes genom elemzések). Több esetben szembesültünk módszertani problémákkal, ezen esetekben új technikákat/táptalajokat fejlesztettünk.

Vizsgálataink során az alábbi témakörökkel foglalkoztunk, miközben számos taxonómiai leírást is megvalósítottunk:

1. Miázisos sebek bakteriológiai vizsgálata, légy csapdázó anyag összeállítása és a témához kapcsolódó taxonómiai leírások.

Miázis alatt a gerincesek, köztük az ember lágylárva okozta azon bántalmait értjük, amikor a lárva (legalábbis egyedfejlődésük egy meghatározott periódusában) az élő gazda szövetéből, szöveti folyadékából vagy béltraktusából táplálkoznak. Korábban megállapítottuk, hogy az egészséges és légylárvával fertőzött állatok bőrfelületi mikrobiótája jelentős különbségeket mutat, volatilis végtermékeikre teszteltük az első sorban miázisos sebekben jelentős mennyiségben előforduló aktinobaktériumok tenyészeit. A bakteriális „szag”anyagokat GC-MS segítségével analizáltuk (HP-5780, VG-12-250 MS detektor), és az alábbi vegyületeket mutattuk ki: metántiol, dimetil-szulfid, dimetil diszulfid. A két leginkább vonzó hatást mutató baktérium (*Rhodococcus fascians* és *Mycobacterium aurum*) szűrletéből emellett dimetil triszulfidot, ként és benzolt is azonosítottunk.

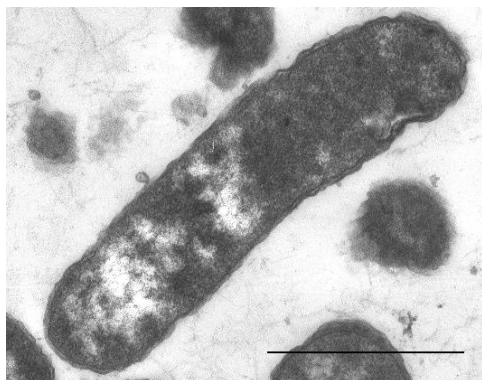
Megállapítottuk tehát, hogy mely baktériumok által termelt illékony anyagok felelősek a légy vonzásáért.

A vizsgálatokhoz 2 fontos taxonómiai leírás is kapcsolható:

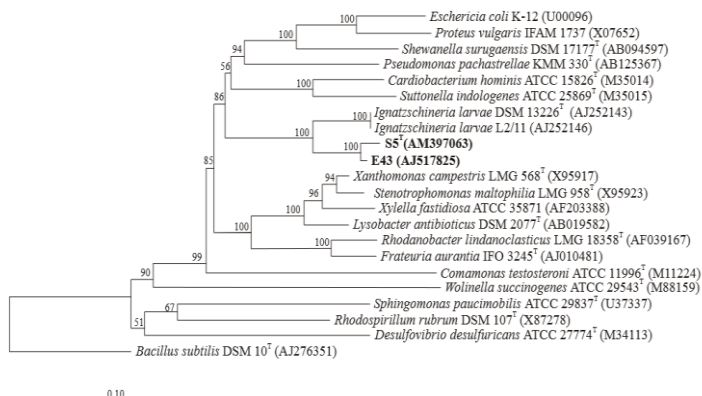
Schineria larvae (később nevezéktani revízióval ***Ignatzschineria larvae***) **gen. nov. sp. nov.** (Tóth és mtsai, 2001, 2007), a doktori értekezésben ezen baktérium nevezéktani revíziójával foglalkoztunk részletesen: kiderült, hogy tévedtünk a baktériumunk névválasztásakor, az általunk adott név „*Schineria*” a Bacteriological Code (2/51b(4) pontja szerint illegitim, mert egy ritka Diptera rovarnak is ez a nemzetség neve: *Schineria* Rondani, 1857 (Animalia: Arthropoda: Insecta: Diptera: Brachycera: Cyclorrhapha: Tachinidae) [Index to Organism Names (Thomson BIOSIS) at <http://www.organismnames.com/query.htm>].

A másik új baktériumtaxon: ***Wohlfahrtiimonas chitiniclastica*** **gen. nov. sp. nov.** (Tóth és mtsai, 2008)

Gram negatív festődésű, szigorúan aerob baktérium (1. kép, 1. ábra). Az izolált két baktériumtörzs 16S rRNS génjükben egymáshoz 98,4%-os hasonlóságot mutatott, legközelebbi rokonuk az általunk korábban leírt *Ignatzschineria larvae* (DSM 13226^T): az S5^T 93.8 %, míg az E43 94,4%-os hasonlósággal.



1. kép. *W. chitiniclastica* S5^T törzsének transzmissziós elektronmikroszkóppal készült képe. Bar: 1 µm.



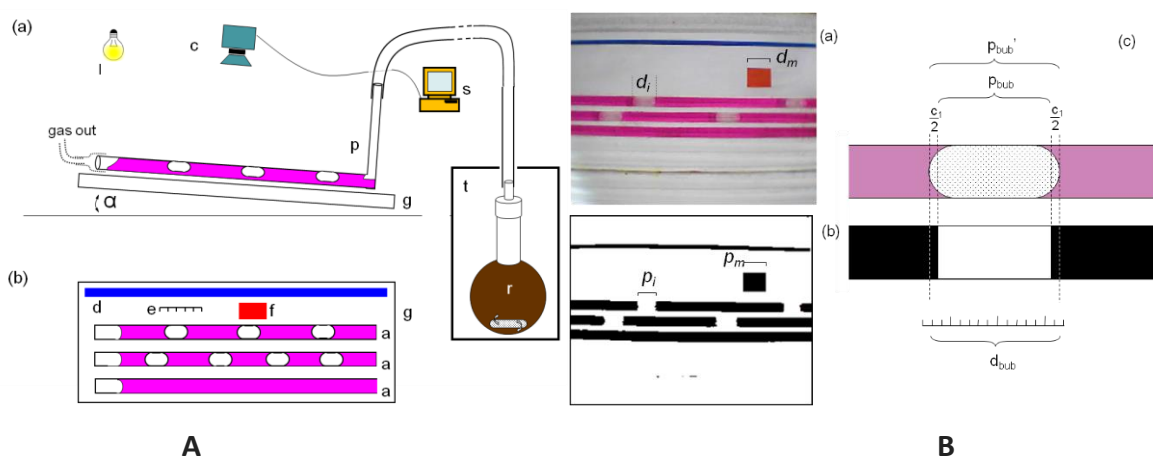
1. ábra. Az E43 és S5^T baktériumtörzsek filogenetikai helyzetét mutató, 16S rRNS gének alapján készült neighbour-joining filogenetikai törzsfá. Csak az 50%-nál magasabb bootstrap értékeket mutatjuk, bar: 100 nt.

Az új baktériumtaxont a *Wohlfahrtia magnifica* légyfajból izoláltuk, könnyen tenyészthető, jól növekedő baktérium, véres agaron nem mutatott hemolízist, ezért munkánk során Risk 1 fokozatú baktériumként deponáltuk a törzsgyűjteményekben. Azonban a *Wohlfahrtiimonas chitiniclastica* baktériumot egyre gyakrabban írták le humán kórokozóként, időnként fatális kimenetelű szepsziseket okozva. Bár az esetek többségében légylárvá fertőzöttség is kísérte

az eseteket, mindenképp érdemes megjegyezni, hogy a baktériummal a továbbiakban Risk 2-ként szükséges dolgozni.

2. Szennyvíziszap vizsgálatok.

A munka a Dél-Pesti Szennyvíztisztító Telep közreműködésével zajlott és célja a biogáz termelésének optimalizálása volt a biogáz termelésre. A gázhozam mérésére egy buborék számláláson alapuló technikát fejlesztettünk ki, amely a digitális képfelismerésen alapuló buborékmérés és -számlálás elvén működik (2. ábra): amikor egy buborék áthalad a csőben, ez egy szürke szakaszként jelenik meg egy színes háttérben. A buborék hosszát egy pontos méretjelölővel (f) lehet meghatározni: a buborék hossza korrelál a buborék térfogatával, megfelelő egyenlet alkalmazásával ez a térfogat, így a termelt gáz mennyisége meghatározható.



2. A. A buborék számláló eszköz. a) oldalnézet: p: L alakú üvegcsövek festett folyadék- és gázbuborékokkal (fehér ellipszisek); g: fehér hordozó tálca; c: kamera; l: fényforrás; b) fentről: d: kiindulási vonal (kék) az automatikus csőészleléshez; e: mm-es skála a buborékméret kézi javításához; f: referencia marker az automatikus buborékméret kiszámításához; r: reaktor (keverve); s: számítógép; t: termosztát; α : dőlésszög (3° - 10°)

2. B. Az elemzett kép és a buborék geometriája. a) és b): a 3 csővel ellátott buborékos készülék tényleges és pixelizált látványa d_i az i buborék mérete, d_m a referencia marker mérete, $[d] = \text{mm}$; p_i az i buborék kimutatott hossza, p_m a referencia marker észlelt hossza, $[p] = \text{pixelek száma}$. c) A buborék valós és észlelt hossza közötti különbséget kell használni a c_1 korrekciós tényező megállapításához. d_{bub} a kiválasztott buborék vizuálisan meghatározott mérete, p_{bub} az észlelt hossz pixeleiben, p_{bub}' a korrigált hossza pixeleiben, az egyenlő a valós mérettel. $c_1 = p_{\text{bub}}' - p_{\text{bub}}$

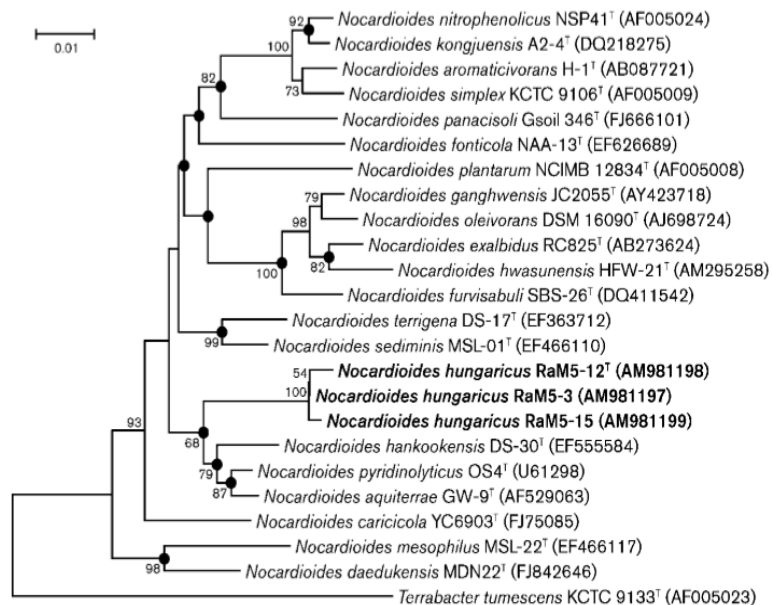
3. Parti szűrésű ivóvíz vizsgálata során talált új baktérium taxonómiai leírása.

A munkálatokat a Vízmű Zrt-vel történt megállapodás alapján végeztük. Célja az volt, hogy a víz minőségét a kúttól a fogyasztóig meghatározzuk. Eredményeink szerint az intenzív

klórozást követően a tenyészthető baktériumok jelentős része elpusztult, és bár a későbbi szakaszokon újradúsulás volt megfigyelhető, megállapítottuk, hogy a klórozás nagy mértékben eltolta az eredeti mikrobiális közösség összetételét. Az ivóvízhálózatból több új baktériumtaxont izoláltunk, dolgozatomban a következőt ismertetem részletesen:

***Nocardioides hungaricus* sp. nov. (Tóth és mtsai., 2012) taxonómiai leírása.**

Az új taxonként leírt baktériumtörzsek Gram pozitív, szabályos pálcá alakú baktériumok 0,4-0,6x0,9-1,7 µm mérettel. Típustörzsük (1RaM5-12^T) legközelebbi rokonai: *N. pyridinolyticus* OS4^T (96,06%), *N. aquiterrae* GW-9^T (95,72%), *N. sediminis* MSL-01^T (95,43%) és a *N. hankookensis* DS-30^T (95,37%) hasonlóságokkal 16S rRNS génjeik alapján. Filogenetikai pozícióját az 3. ábra mutatja.



3. ábra. 16S rRNA génszekvenciák alapján készült neighbour joining filogenetikai fa, amely az 1RaM5-12^T, 1RaM5-3 és 1RaM5-15 baktériumtörzsek filogenetikai pozícióját mutatja rokonaik körében. A filogenetikai fán csak a >50%-nál magasabb bootstrap értékeket tüntettük fel, nóduszok jelölik azon lágzásokat, amelyek a "minimum evolution" és "parsimony" algoritmusokkal is ugyanilyen leágazásokat mjelezték. Bar, 1 bázispárnyi szubsztitúciót jelöl 100 bázispáronként.

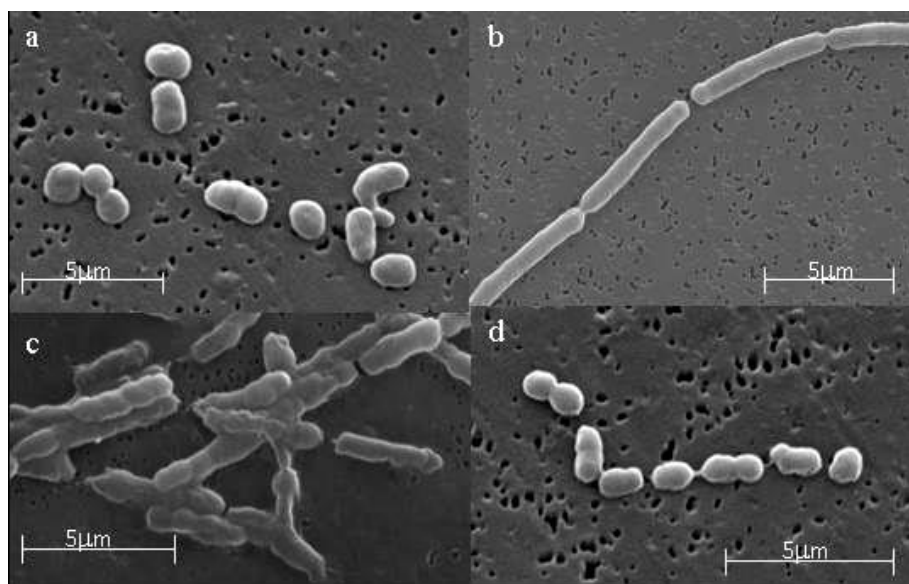
4. Egy magyarországi erőmű víztisztító rendszerénekvizsgálata során végzett táptalajfejlesztés valamint a munkához kapcsolódó taxonómiai leírás.

Egy általunk vizsgált magyarországi erőmű pótvízelőkészítő üzemében, valamint az erőmű különböző vízköreiben mikrobák által indukált (MIC) korróziót figyeltek meg annak ellenére, hogy elvileg az előállított víz kémiai szempontból ultratiszta vízként (UPW) volt jellemezhető. Eredeti feladatunk a rendszer mikrobiális állapotának feltérképezése, a fertőződés szempontjából kritikus pontok megállapítása, és a lehetséges problémák kiküszöbölése volt.

Általánosan megállapítottuk, és a megbízó felé továbbítottuk, hogy több általunk azonosított baktériumnak szerepe lehet korróziós folyamatok indukálásában, esetleg felgyorsításában (pl. savas anyagcsere végtermékek termelése révén, H₂ autotrófia, stb.). A nitrogénkötő szervezetek (*Mesorhizobium*, *Bradyrhizobium*) kulcsszerepet játszhatnak a közösségek tápanyagellátásában ilyen alacsony szervesanyag tartalmú környezetekben. Hogy a későbbiekben alkalmazni kívánt biocidokat minél több, a rendszerből kitenyészthető baktériumon tesztelni tudjuk, speciális, alacsony szervesanyag tartalmú táptalajokat fejlesztettünk, amelyek közül több, a rendszerből származó baktérium kivonatát is tartalmazta.

Mindeközben több új baktériumtaxont izoláltunk, amelyek közül az *Aquipuribacter hungaricus* gen. nov., sp. nov. (Tóth és mtsai, 2012) a dolgozatban is megtalálható:

Eleinte azt gondoltuk, nem lehetséges a baktériumot tiszta tenyészetben előállítani, mert a mikroszkópos felvételeken többször, többféle morfológiai típust is megfigyelhettünk (2. kép). Végül sikerült megfejteni a rejtélyt: a baktérium különleges morfológiai sejtciklussal rendelkezik és minden más szempontból is különbözik minden eddig leírt taxontól. 16S rRNS génje alapján legközelebbi rokona az *Arsenicococcus bolidensis* CCUG 47306^T (94.3%) volt.



2. kép. A IV-75^T baktériumtörzs morfológiai sejtciklusa, Fotó: Makk Judit

A baktériumtörzset nehéz volt besorolni bármely taxonómiai egységbe, minden jelenleg létező nemzetségtől jól elkülöníthető volt, ezt mutatja a 1. táblázat is.

Taxon	Sejt morfológia	Peptidoglikán diaminosav	G+C (mol%)	Fő menakinon	Poláris lipid	Peptidoglikán típus§
IV-75 ^T	pálca-kokkuszt sejtciklus	<i>meso</i> -Dpm	75	MK-10(H ₄)	PG, DPG, Pls, Gl	A1gamma (A31)
<i>Arsenicococcus</i> *	kokkuszt	LL-Dpm	71-72	MK-8(H ₄)	ND	A3gamma (A41.1)
<i>Ornithinimicrobium</i> †	szabálytalan pálcák és kokkusztok	L-Orn, [L-Lys]	69-71	MK-8(H ₄)	PI, PG, DPG, PLs, GLs	ND
<i>Serinicoccus</i> ‡	kokkoid formák	L-Orn, [<i>meso</i> -Dpm]	72-73.5	MK-8(H ₄)	PI, PG, DPG, GL, [PC]	ND [A1gamma (A31)]

1. táblázat. A IV-75^T baktériumtörzs és a rokon nemzetségek elkülönítése. Rövidítések: Dpm, 2,6-diaminopimelinsav; Lys, lizin; Orn, ornitin; példa izoprenoid kinonra: MK-8(H₄), részlegesen telített láncú menakinon, amelyben a 8 izoprén egységből 2 telített; DPG, difoszfátidil-glicerol; PG, foszfátidil-glicerol; PI, foszfátidil-inozitol; PL(s), azonosítatlan foszfolipid(ek); GL(s), azonosítatlan glikolipid(ek); ND, nincs elérhető adat. A szögletes zárójelben lévő adatokat csupán néhány faj esetén publikálták.

*Adatok Collins és mtsai. (2004) és Hamada és mtsai. (2009).

† Adatok Groth és mtsai. (2001), Mayilraj és mtsai. (2006) and Liu és mtsai. (2008)

‡ Adatok Yi és mtsai. (2004), Traiwan és mtsai. (2011) and Xiao és mtsai. (2011)

§Schleifer & Kandler (1972) és (http://www.dsmz.de/microorganisms/main.php?content_id=35) nyomán.

Megállapítottuk, hogy az új baktériumtörzsszignatúra nukleotidjai 3-5 pozícióban eltérést mutattak minden rokonuktól a vizsgált családok körében, így baktériumunkat egyik családba sem sikerült egyértelműen besorolni. Azonban a törzs egyértelműen az *Arsenicococcus* és az *Ornithinimicrobium* nemzetségek típusfajainak típusörzseivel csoportosult, és mindkettő az Intrasporangiaceae család tagja, ezért jelen esetben IV-75^T baktériumtörzset az Intrasporangiaceae családhoz soroltuk.

5. Fürdő és természetes vizek vizsgálata és a kapcsolódó taxonómiai leírások

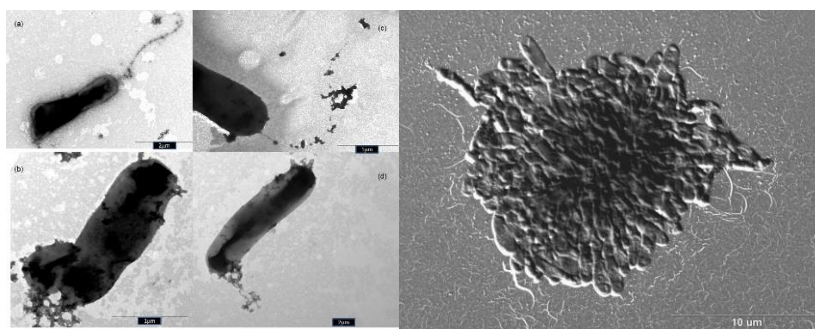
Az utóbbi években fürdővizek és természetes vízbázisok mikrobiális közösségeinek feltárásában is részt vettünk. Budapesti fürdővizekben határoztuk meg az emberi és külső környezeti tényezők (pl. a víztisztítás típusa) hatását az eredeti rétegvíz mikroba közösségeire, megállapítottuk, hogy higiénés szempontból a vizsgált vizek ugyan megfelelőek, de az eltérő víztisztítási módszerek különbözőképpen befolyásolhatják a mikrobák szaporodását.

Természetes vízként (NKFIH 116275) a Fertő mikrobiális közösségeit tanulmányoztuk, kérdésként feltéve, hogyan befolyásolja a makrofiton borítottság a mikrobiális közösségek összetételét. Ehhez három különböző mintavételi pontunk volt: az osztrák-magyar határon található nyílt vízi terület, a Kis-Herlakni belső tó vize és a nádállományban futó, Külső-övcatorna vize. Újgenerációs DNS-szekvenálás segítségével nem csak víz, hanem üledék mintákat is vizsgáltunk. Az üledék- és a vízminták baktériumközösségei jelentős eltéréseket

mutattak, bár minden mintában jellemzően magas volt a proteobaktériumok aránya. A nyílt vízben az Actinobacteria phylumba sorolható édesvízi hgcl klád, a 'CI500-29 marine group' és a Synechococcus nemzetség volt domináns. A belső tó és a nádas vizének baktériumközössége egymáshoz sok szempontból hasonlított: más magyarországi szikes tavakban is jelen lévő Flavobacterium, Fluviicola (Bacteroidetes) nemzetségeket, a 'Candidatus Aquiluna' csoportot (Actinobacteria) és a Comamonadaceae családba (Betaproteobacteria) tartozótaxonot mutattuk ki nagy számban. Mindkét víztípusból izoláltunk a tudományra nézve új baktérium taxonokat.

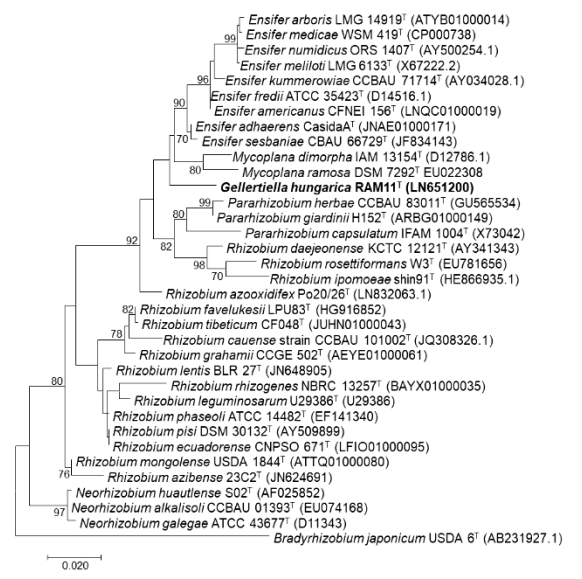
***Gellertiella hungarica* gen. nov. sp. nov.**

A RAM11^T baktériumtörzs Gram negatív sejtfalszerkezetű, bimbózásra és folyékony táplevesben rozetta képzésre volt képes. Poláris flagellummal aktívan mozgó baktérium (3-4. képek), sejtjeinek mérete: 0.4-0.6x1.1-2.1 μm. R2A táptalajon kisméretű, fényes, áttetsző fehér kolóniákat képezett.



3-4. kép. *Gellertiella hungarica* gen. nov. sp. nov.

A filogenetikai elemzés eredményei az újonnan izolált baktériumot egyértelműen a Rhizobiaceae családnak mutatta. Legközelebbi rokonai: *Ensifer adhaerens* Casida A 97.44%, *Ensifer (syn Sinorhizobium) americanus* CFNEI 156^T 96.87% és *Rhizobium azooxidifex* Po 20/26^T 96.76%, tehát különböző nemzetségekhez mutatott közel azonos mértékű hasonlóságot (mindegyikhez közel azonos mértékben), emellett a 16S rRNS génjük alapján készült filogenetikai fán is távoli csoportosulást mutatott ugyan az *Ensifer*, *Mycoplana* nemzetség tagjaival, de *Rhizobium* nemzetségtől egészen távol helyezkedett el (6. ábra).



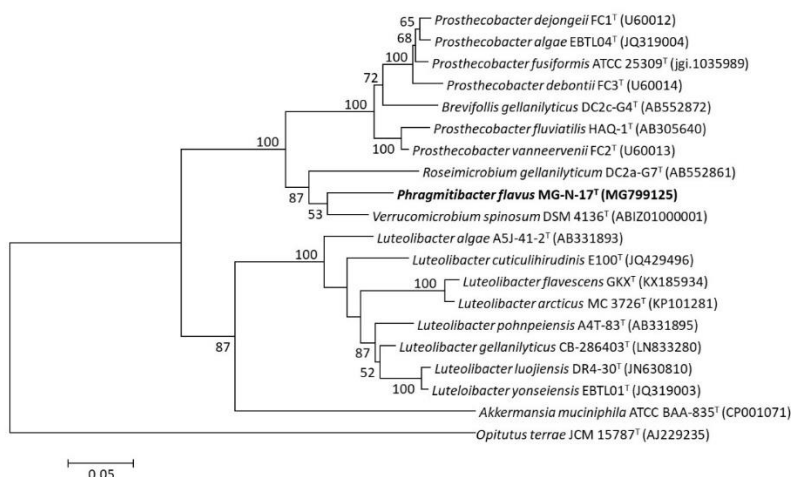
4. ábra. A RAM11^T baktériumtörzs és rokonai 16S rRNS génje alapján készült ML filogenetikai törzsfa. Az ábrán csak a 70% fölötti bootstrap értékeket mutatjuk. Bar: 0,01 szubsztitúció nukleotidonként.

Háztartási génjeinek (*atpD*, *glnII*, *recA*) szekvenálása után a baktérium Rhizobiaceae családba egyértelműen besorolódott.

***Phragmitibacter flavus* gen. nov. sp. nov.**

16S rRNS génje szekvenciájának GenBank/EMBL/DDBJ azonosító száma: MG799125. Teljes genomjának DDBJ/ENA/GenBank azonosítója: VAUV00000000.

16S rRNS génje alapján az MG-N-17^T baktériumtörzs legközelebbi rokonai a *Verrucomicrobiaceae* család tagjai. Legmagasabb szekvencia hasonlóságot az alábbi baktériumokkal mutatja (bár mind alacsony): *Verrucomicrobium spinosum* DSM 4136^T (94,38%), *Roseimicrobium gellanilyticum* DC2a-G7^T (91,55%), *Prostheco bacter fluviatilis* HAQ-1^T (90,82%) *Prostheco bacter fusiformis* ATCC 25309^T (90,47%) *Prostheco bacter vanneervanii* FC1^T (90,45%) és *Prostheco bacter dejongeii* FC2^T (90,32%). Az ML filogenetikai fán *V. spinosum* DSM 4136^T and *R. gellanilyticum* DC2a-G7^T törzsekkel csoportosul együtt (5. ábra), bár azokkal is csak 53 illetve 54% bootstrap értékekkel.



5. ábra. MG-N-17^T baktériumtörzs rokonsági viszonyait szemléltető maximum likelihood filogenetikai fa. Az ábrán a 50%-nál nagyobb bootstrap értékeket tüntettük fel, bar 0,05 szubsztitúciót jelöl bázispáronként.

MG-N-17^T baktériumtörzs teljes genomja mintegy 44 kontigot tartalmaz, N50 értéke 348255 nukleotid, 56,5x lefedettségű értékkel. A genomiális adatok alapján flagelláris géneket a MG-N-17^T baktériumtörzs genomja nem tartalmaz. Piridoxin lebontási útvonal, sziderofór atracelin (sziderofór bioszintézis operon) de novo purin bioszintézis gének és bifenil lebontási útvonal génjei a mi baktériumtörzsünkbenben nem voltak jelen, azonban az alábbi géneket megtaláltuk MG-N-17^T benne: cink rezisztenciáért felelős gének, ABC transzporter, fehérje deglikoziláció, kardiolipin szintézis, nitrit szintáz, terminális citokróm C oxidáz, aromás amin katabolizmus, poliamin metabolizmus, arginine buioszintézis, szerin-glioxalát ciklus, vegyes savas fermentáció génjei.

Taxonómiai kutatásaink eredményei általában azt mutatták, hogy a rejtett diverzitás nagyon nagy százaléka feltáráásra vár, tenyésztéses vizsgálataink, a kifejlesztett új táptalajok és alkalmazott új tenyésztési technikák gyakran vezettek új baktériumtaxonok felfedezéséhez. Bár a prokarióta taxonómia maga alap kutatás jellegű, eredményei nélkülözhetetlenek a modern mikrobiális ökológia és alkalmazott mikrobiológia területén. 2001 óta összesen 40 taxonómiai leírás készült a közreműködéssel.

A dolgozathoz az alábbi publikációk kapcsolódnak:

- Bohus, V., **Tóth, EM.**, Székely, AJ., Makk, J., Baranyi, K., Patek, G., Schunk, J., Márialigeti, K. (2010). Microbiological investigation of an industrial ultra pure supply water plant using cultivation-based and cultivation-independent methods. *Wat Res* 44, 6124-6132.
- Homonnay, ZG., Török, G., Makk, J., Brumbauer, A., Major, E., Márialigeti, K., **Tóth, E.** (2014). Bacterial communities in the collection and chlorinated distribution sections of a drinking water system in Budapest, Hungary. *J Basic Microbiol* 54, 729-738.
- Kéki, Z., Grébnér, K., Bohus, V., Márialigeti, K., **Tóth, E.** (2013). Application of special oligotrophic media for cultivation of bacterial communities originated from ultrapure water. *Acta Microbiol Immunol Hung* 60, 345-357.
- Khoga, JM., **Tóth, E.**, Márialigeti, K., Borossay, J. (2002). Fly-attracting volatiles produced by *Rhodococcus fascians* and *Mycobacterium aurum* isolated from myiatic lesions of sheep. *J Microbiol Meth* 48, 281-287.
- Lippai, A., Káli, Sz., Vajna, B., Szuróczki, S., **Tóth, E.** (2017) A Dandár fürdő mikrobiológiai vizsgálata. *Hidr Közl* 97, 9-14.
- Szuróczki, S., Abbasszade, G., Szabó, A., Bóka, K., Schumann, P., **Tóth, E.** (2020). *Phragmitibacter flavus* gen. nov., sp. nov. a new member of the family Verrucomicrobiaceae *Int J Syst Evol Microbiol* doi.org/10.1099/ijsem.0.004025
- Szuróczki, S., Keki, Z., Kali, S., Lippai, A., Márialigeti, K., **Tóth, E.** (2016). Microbiological investigations on the water of a thermal bath at Budapest. *Acta Microbiol Immunol Hung* 63, 229-241.
- Szuróczki, S., Korponai, K., Sári, E., Tugyi, N., Felföldi, T., Somogyi, B., Márialigeti, K., **Tóth, E.** (2017). Planktonikus baktériumközösségek vizsgálata a Fertő vizében (nyílt víz, belső tó, nádas). *Hidr Közl* 97, 40-47.
- Szuróczki, S., Szabó, A., Korponai, K., Felföldi, T., Márialigeti, K., Tóth, E. (2018). A Fertő vizét és üledékét alkotó baktériumközösségek vizsgálata újgenerációs DNS-szekvenálással. *Hidr Közl* 98, 78-85.
- Tauber, T., Berta, B., Szabó, Zs., Kovács, J., Márialigeti, K., **Tóth, EM.** (2011). A simple and novel volumetric method to metre low gas flows from laboratory-scale bioreactors and its application on laboratory sludge digesters. *Appl Microbiol Biotechnol* 90, 1453-1461.
- Tóth, EM.**, Schumann, P., Borsodi, AK., Kéki, Zs., Kovács, AL.K., Márialigeti, K. (2008). *Wohlfahrtiimonas chitiniclastica* gen. nov., sp. nov. a new gammaproteobacterium isolated from *Wohlfahrtia magnifica* (Diptera: Sarcophagidae). *Int J Syst Evol Microbiol* 58, 976-981.
- Tóth, EM.**, Kéki, Zs., Makk, J., Homonnay, ZG., Márialigeti, K., Schumann, P. (2011). *Nocardioides hungaricus* sp. nov., isolated from the drinking water supply system of Budapest (Hungary). *Int J Syst Evol Microbiol* 61, 549-553.
- Tóth, EM.**, Kéki, Zs., Bohus, V., Borsodi, AK., Márialigeti, K., Schumann, P. (2012). *Aquipuribacter hungaricus* gen. nov., sp. nov., a novel actinobacterium isolated from the ultra-pure water system of a Hungarian power plant. *Int J Syst Evol Microbiol* 62, 556–562.
- Tóth, E.**, Szuróczki, S., Kéki, Zs., Bóka, K., Szili-Kovács, T., Schumann, P. (2017). *Gellertiella hungarica* gen. nov., sp. nov., a novel bacterium of the family Rhizobiaceae isolated from a spa in Budapest. *Int J Syst Evol Microbiol* 67, 4565-4571.
- Tóth, EM.**, Kéki, Zs., Bohus, V., Borsodi, AK., Márialigeti, K., Schumann, P. (2012). *Aquipuribacter hungaricus* gen. nov., sp. nov., a novel actinobacterium isolated from the ultra-pure water system of a Hungarian power plant. *Int J Syst Evol Microbiol* 62, 556–562.