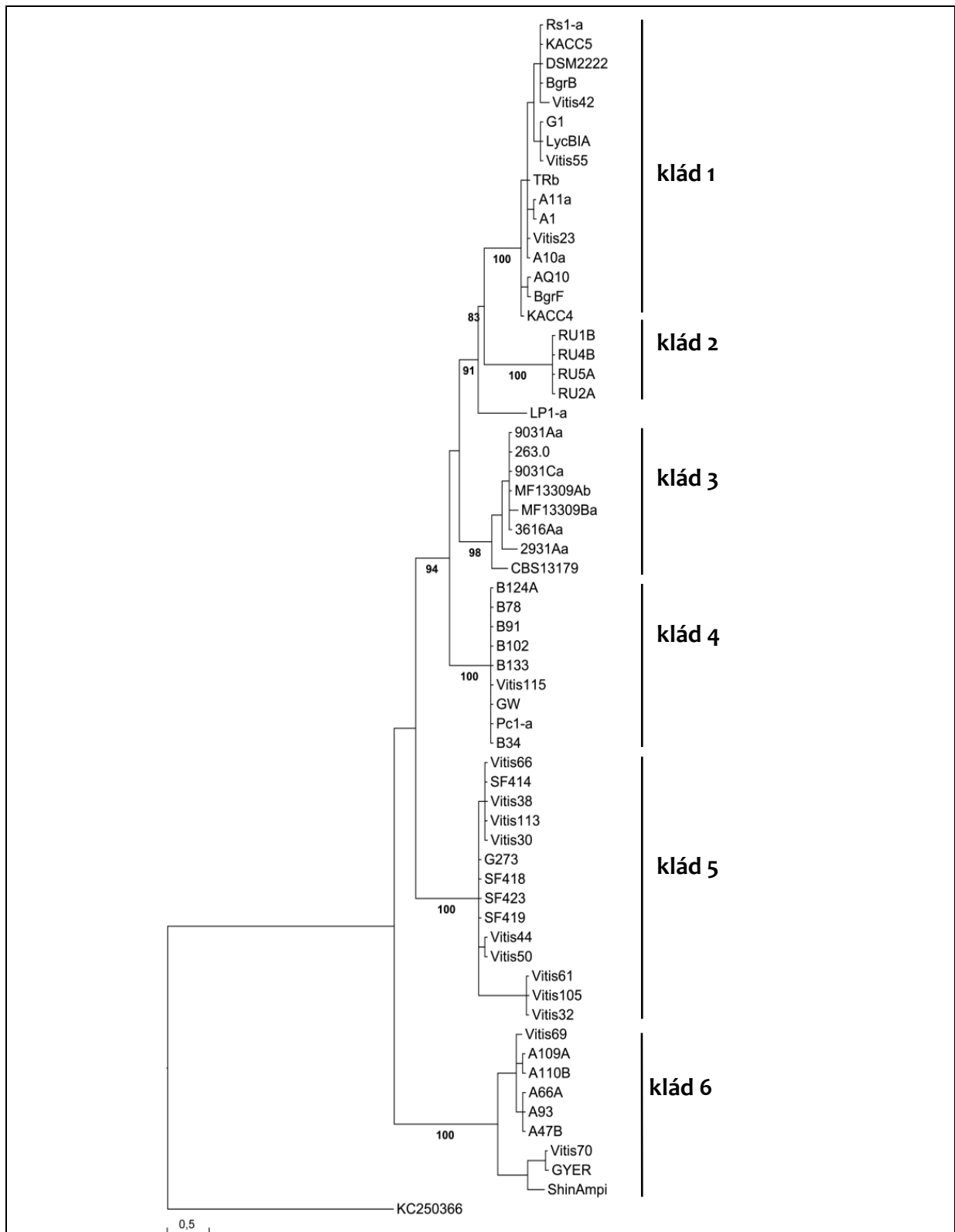


Projektszám: 90öu16		HUF 913 500 EUR 2 555
Pályázó neve: Kiss Levente PhD, DSc		Intézménye: Magyar Tudományos Akadémia Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet (MTA-ATK NÖVI)
Projektpartner neve: Dr. Markus Gorfer		Intézménye: Department für Angewandte Genetik und Zellbiologie (DAGZ), Universität für Bodenkultur (BOKU)
Pályázat címe: Mi az oka a generalista paraziták genetikai differenciálódásának? Egy esettanulmány a lisztharmatgombák elleni biológiai védekezésben is felhasználható <i>Ampelomyces</i> intracelluláris mikoparaziták kapcsolatrendszerében		

A projekt jellege: *kutatási együttműködés*

Beszámoló	
Bevezetés	
<p>A lisztharmatgombák (Erysiphales, Ascomycota) jól ismert, világszerte elterjedt növénykórokozók, egyes fajok évről-évre jelentős gazdasági károkat okoznak a növénytermesztésben. Az <i>Ampelomyces</i>-nemzetség fajai a lisztharmatgombák közönséges intracelluláris mikoparazitái a természetben. E tritrofikus kapcsolatrendszerben a lisztharmatgombák adott növényfajra vagy -nemzetségre való specializáltsága a legtöbb esetben jól feltárt, de a különböző <i>Ampelomyces</i>-törzsek specializációja és genetikai elkülönülése még nem kellően ismert. Az azonos lisztharmatgomba-fajokból izolált törzsek genetikailag sokszínűek lehetnek (Pintye et al. 2012, 2015), de azonos genotípusú törzsek is izolálhatók különböző lisztharmatgombákból (Liang et al. 2007; Park et al. 2010; Kiss et al. 2011).</p> <p>Az alapkutatás mellett a specializáció kérdésköre gyakorlati szempontból is jelentős e tritrofikus rendszerben, mivel néhány <i>Ampelomyces</i>-törzs már kereskedelmi forgalomba került lisztharmat-fertőzések elleni biofungicid termékek formájában. Az MTA ATK Növényvédelmi Intézet és az osztrák Agrártudományi Egyetem Alkalmazott Genetikai és Sejtbiológiai Tanszék közös projektjének célkitűzései a következők voltak: 1. Az eddig el nem különített <i>Ampelomyces</i>-fajok azonosítása több DNS-régió szekvenciái alapján; 2. <i>Ampelomyces</i>-törzsek transzformációja e mikoparazita kapcsolatrendszer újszerű vizsgálata érdekében. Mindkét célkitűzés megvalósításához szükség volt a magyar és az osztrák laboratórium tudására egyaránt; a két laboratórium kompetenciái tökéletesen kiegészítették egymást ebben a közös projektben.</p>	
Eredmények	
<p>Az első célkitűzés megvalósítása érdekében a magyar laboratórium világszinten egyedülálló <i>Ampelomyces</i>-gyűjteményének törzseit használtuk. A törzsek fenntartását, a DNS-kivonást, és az RNS polimeráz II legnagyobb alegységének (RPB1) szekvenálását a magyar laboratóriumban végeztük. A harmadik markert a nitrát-reduktáz gén (<i>EukNR</i>; Gorfer et al. 2011; Gorfer et al. 2014) jelentette. Ezt a gént saját tervezésű primerekkel az összes törzsből sikeresen amplifikáltuk és szekvenáltuk. E munka eredményeként összesen 115-115 RPB1 és EukNR szekvencia áll rendelkezésünkre. Az újonnan meghatározott szekvenciák felhasználásával filogenetikai elemzéseket végeztünk. Az elemzéseink egyértelműen kimutatták, hogy az <i>Ampelomyces</i>-nemzetségbe tartozó különböző gombatörzsek genetikailag differenciáltak, egymástól eltérőek. A csoportok, amelyek a filogenetikai törzsfán megjelennek (1. ábra), megegyeznek azokkal a csoportokkal, amelyek az nrDNS ITS (Kiss et al. 2011) és az aktin gén szekvenciái alapján ismertek (Park et al. 2010; Pintye et al. 2012). Ez azt jelenti, hogy az RPB1 és az EukNR gének szekvenciái lehetővé teszik a nemzetségen belül a fajok egymástól való molekuláris elkülönítését és megerősítik a korábbi ismereteket a nemzetségen belüli genetikai differenciálódásról.</p>	

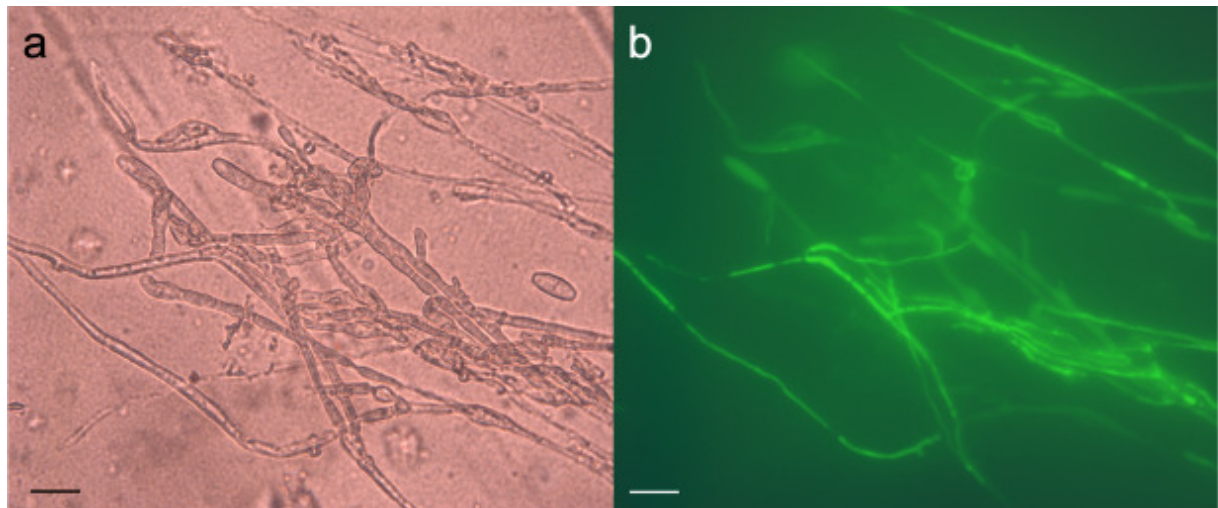


1. ábra Az elemzésbe bevont *Ampelomyces*-törzsek nitrát-reduktáz (*EukNR*) szekvenciák alapján (*maximum likelihood* módszerrel) készített egyszerűsített törzsfája. Azokat a törzseket, amelyek *EukNR* szekvenciája azonos, vagy majdnem azonos az Rs1-a törzsével, az áttekinthetőség érdekében nem tüntettük fel az ábrán. A törzsfá elein látható számok az adott csoportok megbízhatóságának mértékét („támogatottságot”) jelölik (százalékos értékek). Ezeket 1000 *bootstrap*-ismétlésből számoltuk. A kládok mindegyikénél erős támogatottsági értékeket kaptunk. A mérce 0,5 várható változást jelöl pozícióként és áganként.

A második célkitűzés keretében két eltérő genotípusú *Ampelomyces*-törzset transzformáltunk *Agrobacterium* által közvetített transzformálással (Gorfer et al. 2007). Miután az előzetes kísérletek kimutatták, hogy a higromicin-rezisztencia, mint marker alkalmas a transzformáns törzsek szelekciójára, a további munka során a pCBCT plazmidot használtuk. A rezisztencimarker mellett ez a plazmid egy zöld fluoreszcens fehérje (GFP) expressziós kazettát is hordoz. A transzformációs kísérlet során több higromicin-rezisztens, GFP-t expresszáló transzformánst kaptunk. Ezzel kimutattuk, hogy *Agrobacterium*mal sikeresen vihető be idegen DNS és heterológ gének sikeresen expresszálhatók *Ampelomyces* gombákban. A transzformánsok szelekciós nyomás nélkül, több átoltás után is stabilak maradtak. **E transzformációs módszert a jövőben funkcionális genetikai vizsgálatokhoz is felhasználjuk.**

A transzformáns törzseket mikoparazita-tesztekhez használtuk fel. E tesztek során lisztharmattal fertőzött növényeken levő lisztharmatgomba-telepeket inokuláltuk a GFP-t kifejező törzsekkel, majd a telepeket megfelelő idő elteltével fluoreszcens mikroszkópiával vizsgáltuk. A transzformánsokkal végzett inokulációs kísérletek szerint ezek a törzsek megtartották a lisztharmatgombákat kolonizáló képességüket és **továbbra is képesek azok hifáiban és spóráiban terjedni** (2. ábra).

A nitrát-reduktáz szekvenálását és a transzformációt Németh Márk PhD hallgató végezte az osztrák partner laboratóriumában, Tullnban, a pályázat által támogatott ösztöndíjas tartózkodása során.



2. ábra GFP-t kifejező *Ampelomyces* hifák lisztharmatgomba-hifákban. **(a)** Egy lisztharmattelep része fénymikroszkóppal, áteső fényben nézve: itt a lisztharmatgomba hifái láthatók. **(b)** Ugyanaz a kép fluoreszcens mikroszkópiával: a GFP zöld fluoreszcens jele mutatja az *Ampelomyces*-hifákat lisztharmatgomba-hifák belsejében. Mércse: 30 μm .

Az eredmények közzélése

A transzformációs kísérlet eredményeit egy magyar konferencián bemutattuk (Németh Z. M., Gorfer M., Vági P., Kiss L.: *Agrobacterium*-közvetítette transzformáció felhasználása egy széles körben elterjedt mikoparazita gomba vizsgálatában. Fiatal Biotechnológusok II. Országos Konferenciája, 2016. március 21-22., Gödöllő). **A projekt kereteiben elért eredményeket is tartalmazó két tudományos közlemény kéziratai rövidesen elküldésre kerülnek rangos nemzetközi folyóiratokhoz.**

Előadások, munkamegbeszélések és további együttműködés

A Tullnban ill. Budapesten tett látogatások során Kiss Levente, Kovács M. Gábor és Németh Márk ill. Markus Gorfer is tartottak előadásokat, amelyekben a két intézet dolgozói megismerhették a partnerek laboratóriumaiban folyó kutatásokat. Ki kell emelni, hogy az előadásokon különböző intézetekből érkezett vendégek is részt vettek (a BOKU tanszékeiről, a klosterneuburgi Szőlő- és növénytermesztési Iskolából, különböző cégektől ill. a Növényvédelmi Intézet különböző csoportjaiból).

Tullnban és Budapesten munkamegbeszéléseket is tartottunk, ahol az eredmények értékelésén kívül további együttműködést is előkészítettünk, és összeállítottunk egy új, közös FWF-NKFIH projekttervezetet, amely rövidesen benyújtásra kerül.

Irodalmi Hivatkozások

Kiss L, Pintye A, Kovács GM, Jankovics T, Fontaine MC, Harvey N, Xu X-M, Nicot PC, Bardin M, Shykoff JA, Giraud T (2011) Temporal isolation explains host-related genetic differentiation in a group of widespread mycoparasitic fungi. *Molecular Ecology* 20: 1492-1507.

Liang C, Yang J, Kovács GM, Szentiványi O, Li B et al. (2007) Genetic diversity of *Ampelomyces* mycoparasites isolated from different powdery mildew fungi in China inferred from analyses of rDNA ITS sequences. *Fungal Diversity* 24: 225-240.

Park M-J, Choi Y-J, Hong S-B, Shin H-D (2010) Genetic variability and mycohost association of *Ampelomyces quisqualis* isolates inferred from phylogenetic analyses of ITS rDNA and actin gene sequences. *Fungal Biology* 114: 235-247.

Pintye A, Bereczky Z, Kovács GM, Nagy LG, Xu XM, Legler SE, Váczy Z, Váczy KZ, Caffi T, Rossi V, Kiss L (2012) No indication of strict host associations in a widespread mycoparasite: grapevine powdery mildew (*Erysiphe necator*) is attacked by phylogenetically distant *Ampelomyces* strains in the field. *Phytopathology* 102: 707-716.

Pintye A, Ropars J, Harvey N, Shin H-D, Leyronas C, Nicot PC, Giraud T, Kiss L (2015) Host phenology and geography as drivers of differentiation in generalist fungal mycoparasites. *PLoS ONE* 10(3): e0120703. DOI: 10.1371/journal.pone.0120703

Gorfer M, Blumhoff M, Klaubauf S, Urban A, Inselsbacher E, Bandian D, Mitter B, Sessitsch A, Wanek W, Strauss J (2011) Community profiling and gene expression of fungal assimilatory nitrate reductases in agricultural soil. *ISME Journal* 5: 1771-1783.

Gorfer M, Klaubauf S, Berger H, Strauss J (2014) The fungal contribution to the nitrogen cycle in agricultural soils. In: *Metagenomics of the Microbial Nitrogen Cycle: Theory, Methods and Applications* (ed. Marco D), pp. 209-225. Caister Academic Press.

Gorfer M, Klaubauf S, Bandian D, Strauss J (2007) *Cadophora finlandia* and *Phialocephala fortinii*: *Agrobacterium*-mediated transformation and functional GFP-expression. *Mycological Research* 111: 850-855.

Projektnummer: 90öu16		HUF 913 500 EUR 2 555
Antragsteller: Levente Kiss PhD, DSc	Institut: Plant Prot. Inst., MTA-ATK	
Projektpartner: Dr. Markus Gorfer	Institut: DAGZ (BOKU)	
Titel: Warum sind generalistische Parasiten genetisch differenziert? Eine Fallstudie von <i>Ampelomyces</i>, die intrazelluläre Mycoparasiten und Biokontrollmittel der Echten Mehltaupilze		

Art der Förderung: *Forschungsprojekt*

Bericht

Einleitung

Echte Mehltaupilze (Erysiphales, Ascomycota) sind bekannte Pflanzenparasiten, die auf der ganzen Erde verbreitet sind; einige Arten richten große wirtschaftliche Schäden im Pflanzenbau an. Pilze aus der Gattung *Ampelomyces* sind natürlich vorkommende intrazelluläre Mycoparasiten von Echten Mehltaupilzen. Während in dieser tritrophischen Interaktion die Spezialisierung der Echten Mehltaupilze auf bestimmte Pflanzenarten oder -gattungen meist gut erforscht ist, ist die Spezialisierung und genetische Differenzierung verschiedener *Ampelomyces*-Stämme noch kaum verstanden. *Ampelomyces*-Stämme von gleichen Echten Mehltaupilzen sind genetisch divers (Pintye et al. 2012, 2015) aber idente Genotypen können von unterschiedlichen Mehltaupilzen isoliert werden (Liang et al. 2007; Park et al. 2010; Kiss et al. 2011).

Neben der Bedeutung in Grundlagerecherche ist die Frage der Spezialisierung in diesem tritrophischen Interaktionssystem auch von angewandtem Wert, da einige *Ampelomyces*-Stämme als Biokontrollprodukte für die Schädlingsbekämpfung in der Landwirtschaft genutzt werden. **Das gemeinsame Projekt des Institutes für Pflanzenschutz an der Ungarischen Akademie der Wissenschaften und dem Department für Angewandte Genetik und Zellbiologie der Universität für Bodenkultur in Österreich zielte auf folgende Aspekte ab: 1. Unterscheidung von noch nicht getrennten *Ampelomyces*-Arten basierend auf Sequenzen mehrerer DNA-Regionen. 2. Transformation von *Ampelomyces*-Stämmen, um diese mycoparasitische Interaktion in einer neuen Art und Weise untersuchen zu können.** Um diese Ziele zu erreichen waren die Kenntnisse des ungarischen und des österreichischen Partners notwendig. Die Kompetenzen der beiden Labors ergänzten einander in diesem gemeinsamen Projekt.

Ergebnisse

Zur Erreichung des ersten Zieles wurden Stämme aus der laboreigenen Stammsammlung des ungarischen Projektpartners benutzt. Subkultivierung von *Ampelomyces*-Stämmen, DNA-Extraktion und Amplifikation und Sequenzierung von der großen Untereinheit der RNA-Polymerase II (*RPB1*) wurden in dem ungarischen Laboratorium durchgeführt. Als zusätzlicher Marker wurde die Nitratreduktase (*EukNR*; Gorfer et al. 2011; Gorfer et al. 2014) herangezogen. Mit eigens entwickelten Primern konnte dieses Gen aus allen Stämmen amplifiziert und sequenziert werden. Als Ergebnis unserer Arbeit **stehen nun jeweils 115 *RPB1* und *EukNR* Sequenzen zur Verfügung.** Mit diesen neuerhaltenen Sequenzen wurden phylogenetische Analysen geführt. Unsere Analyse zeigt klar, dass sich die Stämme in der Gattung *Ampelomyces* genetisch unterscheiden. Die Gruppen, die im phylogenetischen Stammbaum (Abbildung 1.) aufgetrennt werden können, entsprechen denjenigen, die aufgrund der nrDNA ITS (Kiss et al. 2011) und Actin-Sequenzen bekannt sind (Park et al. 2010; Pintye et al. 2012). Das heißt, **Sequenzen von *RPB1* und *EukNR* Genen ermöglichen, Arten in der Gattung molekular zu unterscheiden** und bestätigen frühere Ergebnisse über genetische Differenzierung in dieser Gattung.

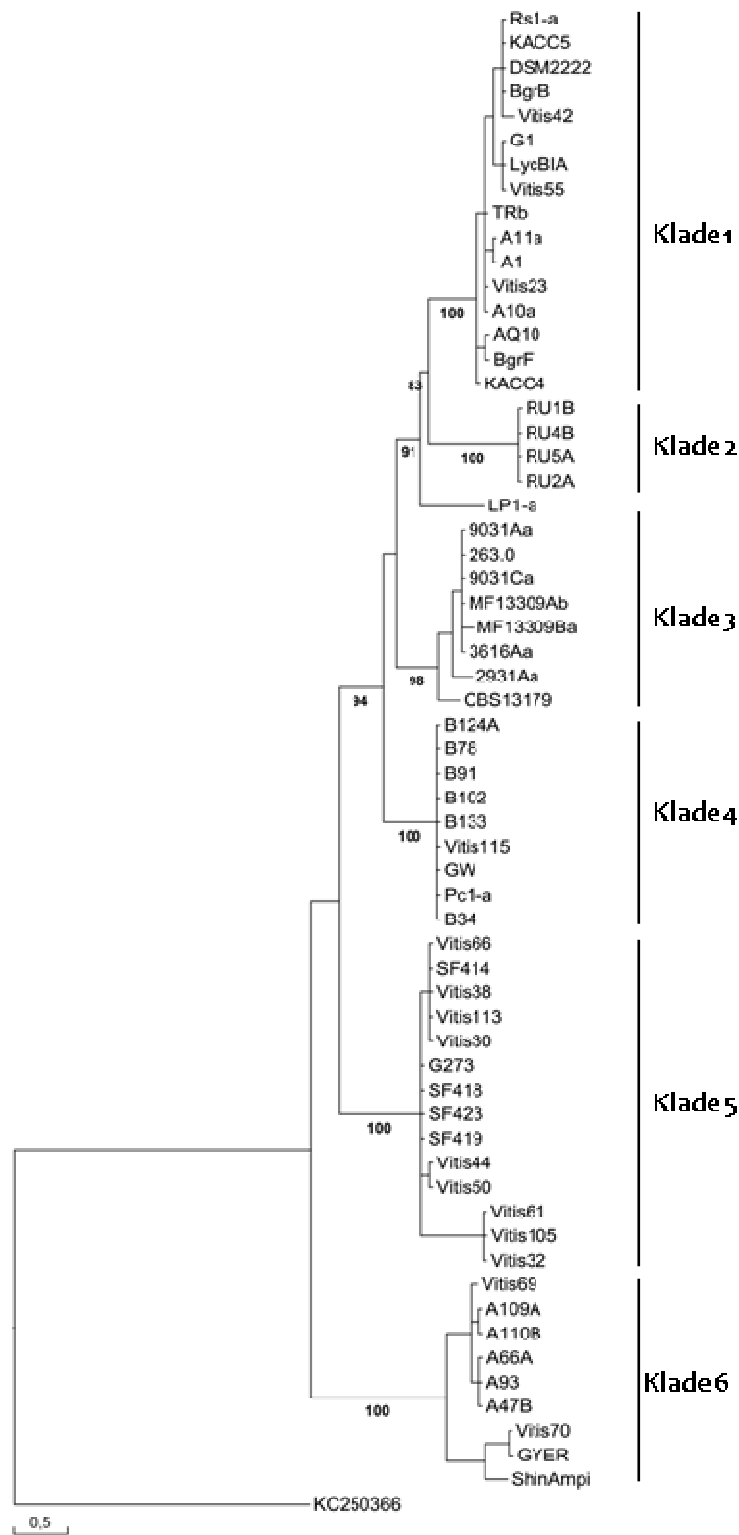


Abbildung 1. Vereinfachter phylogenetischer Stammbaum (*maximum likelihood*) von *Ampelomyces*-Stämmen aufgrund der neuen Nitratreduktase (*EukNR*)-Sequenzen. Stämme, deren Sequenz identisch oder fast identisch zum Stammes Rs1-a ist, sind aus Gründen der Übersichtlichkeit nicht gezeigt. Nummern an den Knoten zeigen die Unterstützung (Zuverlässigkeit in Prozenten) der Gruppen. Diese wurden von 1000 Bootstrap-Wiederholungen kalkuliert. Für alle Kladen wurde eine sehr gute Unterstützung gefunden. Die Maßstabsleiste zeigt 0,5 voraussichliche Veränderungen an jeder Position.

Im Rahmen des zweiten Zieles wurden zwei genetisch unterschiedliche *Ampelomyces*-Stämme mit dem *Agrobacterium*-System transformiert (Gorfer et al. 2007). Nachdem Tests gezeigt haben, dass Hygromylinresistenz als Marker für die Selektion von Transformanten geeignet ist, wurde das Plasmid pCBCT für alle weiteren Arbeiten eingesetzt. Neben dem Resistenzmarker enthält dieses Plasmid auch eine Expressionskassette für das Grünfluoreszierende Protein (GFP). Nach dem Transformationsversuch konnten mehrere hygromylinresistente, GFP-exprimierende Transformanten erhalten werden. Es konnte somit gezeigt werden, dass über *Agrobacterium* Fremd-DNA in *Ampelomyces* eingebracht werden kann und heterologe Gene erfolgreich exprimiert werden können. Die Transformanten waren über mehrere Subkultivierungsschritte in Abwesenheit eines Selektionsdrucks stabil. **Diese Transformationsmethode werden wir in Zukunft für funktionalgenetische Studien von *Ampelomyces* nutzen.**

Die transformierten Stämme wurden für mycoparasitische Tests verwendet: Kolonien von Echten Mehltaupilzen auf geeigneten Versuchspflanzen wurden mit GFP-exprimierenden Stämmen inokuliert und nach bestimmter Zeit wurden die Kolonien unter dem Fluoreszenzmikroskop untersucht. Inokulationsversuche mit den transformierten Stämmen zeigten, dass **diese Pilze noch immer fähig sind, Kolonien von Echten Mehltaupilzen zu parasitieren und in deren Hyphen und Sporen zu wachsen** (Abbildung 2.).

Amplifikation und Sequenzierung der Nitratreduktasen und die Transformationen hat Márk Németh in Tulln im Labor des österreichischen Projektpartner während seines von diesem Projekt geförderten Stipendium durchgeführt.

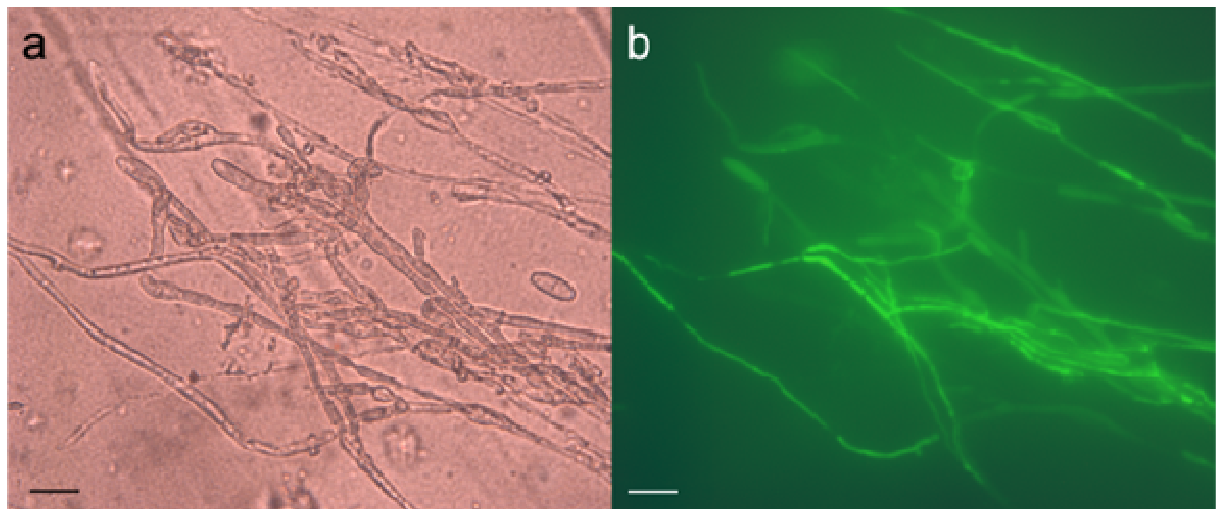


Abbildung 2. GFP-exprimierende *Ampelomyces*-Hyphen in Hyphen von Echten Mehltaupilzen. **(a)** Teil einer Mehltau-Kolonie im Durchlichtmikroskop, die dicken Hyphen des Echten Mehltaupilzes sind deutlich erkennbar. **(b)** Der gleiche Bildausschnitt im Fluoreszenzmikroskop, wo grüne Fluoreszenz von GFP die dünnen *Ampelomyces*-Hyphen im Inneren der Hyphen des Echten Mehltaus anzeigt. Maßstabsleiste: 30 μm .

Publikationen unserer Ergebnisse

Die Transformation von *Ampelomyces* wurde im Rahmen einer ungarischen Konferenz präsentiert (Németh Z. M., Gorfer M., Vági P., Kiss L.: Use of *Agrobacterium*-mediated transformation in the study of a widespread mycoparasitic fungus, Fiatal Biotechnológusok II. Országos Konferenciája, 2016. március 21.-22. Gödöllő, Ungarn). **Manuskripte, die auch in diesem Projekt erreichte Ergebnisse enthalten, werden demnächst bei internationalen Zeitschriften zur Publikation eingereicht.**

Vorträge, Besprechungen und Weitere Kollaboration

Während gegenseitiger Besuche in Tulln und Budapest haben Levente Kiss, Gábor M. Kovács, Márk Németh und Markus Gorfer Vorträge in Tulln bzw. in Budapest gehalten. In diesen Vorträgen konnten Kollegen die Forschungsaktivitäten der Projektpartner kennenlernen. Wir möchten besonders hervorheben, dass die Veranstaltungen von einer großen Anzahl von Gästen aus verschiedenen Institutionen (Verschiedene Departments der BOKU, AIT, Wein- und Obstbauschule Klosterneuburg, Firmen) besucht wurden.

In Tulln und in Budapest wurden mehrere Besprechungen zur Datenauswertung und zur Planung weiterer Kollaboration abgehalten. Basierend auf den aus diesem Projekt erhaltenen Ergebnissen haben wir einen neuen gemeinsamen FWF-NKFIH Projektplan zusammengestellt, der demnächst eingereicht werden soll.

Literaturverzeichnis

Kiss L, Pintye A, Kovács GM, Jankovics T, Fontaine MC, Harvey N, Xu X-M, Nicot PC, Bardin M, Shykoff JA, Giraud T (2011) Temporal isolation explains host-related genetic differentiation in a group of widespread mycoparasitic fungi. *Molecular Ecology* 20: 1492-1507.

Liang C, Yang J, Kovács GM, Szentiványi O, Li B et al. (2007) Genetic diversity of *Ampelomyces* mycoparasites isolated from different powdery mildew fungi in China inferred from analyses of rDNA ITS sequences. *Fungal Diversity* 24: 225-240.

Park M-J, Choi Y-J, Hong S-B, Shin H-D (2010) Genetic variability and mycohost association of *Ampelomyces quisqualis* isolates inferred from phylogenetic analyses of ITS rDNA and actin gene sequences. *Fungal Biology* 114: 235-247.

Pintye A, Bereczky Z, Kovács GM, Nagy LG, Xu XM, Legler SE, Váczy Z, Váczy KZ, Caffi T, Rossi V, Kiss L (2012) No indication of strict host associations in a widespread mycoparasite: grapevine powdery mildew (*Erysiphe necator*) is attacked by phylogenetically distant *Ampelomyces* strains in the field. *Phytopathology* 102: 707-716.

Pintye A, Ropars J, Harvey N, Shin H-D, Leyronas C, Nicot PC, Giraud T, Kiss L (2015) Host phenology and geography as drivers of differentiation in generalist fungal mycoparasites. *PLoS ONE* 10(3): e0120703. DOI: 10.1371/journal.pone.0120703

Gorfer M, Blumhoff M, Klaubauf S, Urban A, Inselsbacher E, Bandian D, Mitter B, Sessitsch A, Wanek W, Strauss J (2011) Community profiling and gene expression of fungal assimilatory nitrate reductases in agricultural soil. *ISME Journal* 5: 1771-1783.

Gorfer M, Klaubauf S, Berger H, Strauss J (2014) The fungal contribution to the nitrogen cycle in agricultural soils. In: *Metagenomics of the Microbial Nitrogen Cycle: Theory, Methods and Applications* (ed. Marco D), pp. 209-225. Caister Academic Press.

Gorfer M, Klaubauf S, Bandian D, Strauss J (2007) *Cadophora finlandia* and *Phialocephala fortinii*: *Agrobacterium*-mediated transformation and functional GFP-expression. *Mycological Research* 111: 850-855.

Abschlußbericht

Weitere Fragen zu den Ergebnissen:

1. Nutzung und Verbreitung der Ergebnisse:

Welchen konkreten Nutzen konnten Sie und Ihr Kooperationspartner aus dem Projekt gewinnen. Bitte denken Sie insbesondere an Publikationen, Experimente, gemeinsame Seminare, Sommerschools und/oder an eine anderweitige Umsetzung in die Praxis.

Ein Teil der Ergebnisse aus dem gemeinsamen Projekt wurde bereits bei einer ungarischen Konferenz präsentiert (Németh Z. M., Gorfer M., Vági P., Kiss L.: Use of *Agrobacterium*-mediated transformation in the study of a widespread mycoparasitic fungus, Fiatal Biotechnológusok II. Országos Konferenciája, 2016. március 21.-22. Gödöllő, Ungarn). Weiters wurden eine Reihe von Gastvorträgen der beteiligten Projektpartner an den jeweiligen Partnerinstitutionen organisiert. Neben einer allgemeinen Vorstellung der Forschungsaktivitäten der Partner waren verschiedene Aspekte des gemeinsamen Projektes Teile der Vorträge. Zuguterletzt sind zwei Publikationen mit Ergebnissen aus dem gemeinsamen Projekt in Vorbereitung. Zur Vervollständigung der Arbeiten werden weitere Experimente auch nach Ablauf des Projektes durchgeführt.

2. Durchführung:

Welche konkrete Änderungen gegenüber der Planung ergaben sich hinsichtlich Inhalte und Mitarbeit/Anzahl der Teilnehmer während des Projektverlaufes?

Alle geplanten Tätigkeiten konnten von den geplanten Mitarbeitern erledigt werden.

3. Bewertung:

Bitte führen Sie besonders positive, aber auch negative Beobachtungen und Erfahrungen an. Ev. langfristige Auswirkungen Ihres Projektes?

Als besonders positiv möchte ich die unkomplizierte Administration des Projektes und die stets freundliche Unterstützung seitens der Fördergeber hervorheben. Dadurch war es den Projektpartnern möglich, sich voll und ganz der wissenschaftlichen Arbeit zu widmen. Aufgrund dieser effizienten Starthilfe wird bereits an gemeinsamen Folgeanträgen gearbeitet.

4. Perspektiven:

Hat sich eine Fortführung der Kooperation ergeben?

a. Welche geplante Fortführung gibt es?

Ein gemeinsamer Antrag im Rahmen eines Joint Projects Österreich-Ungarn bei FWF-NKFIH ist geplant. Der Antrag ist zum größten Teil geschrieben.

b. Welche konkrete Fortführung gibt es?

Derzeit wird auf Eigeninitiative an der Weiterführung der gemeinsamen Experimente aus dem Projekt gearbeitet, konkret an der Weiterentwicklung des Transformationssystems für *Ampelomyces*.

5. Verbesserungsvorschläge:

Nenne Sie uns, Bitte, Verbesserungsvorschläge, wie Sie Ihre Arbeit oder wie wir unseren Service besser gestalten könnten?

Beide Projektpartner waren mit der gesamten Abwicklung des Projektes sehr zufrieden (siehe Punkt 3).

Datum:

Antragsteller (Unterschrift)

Projektpartner (Unterschrift)