



Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Doktori (PhD) értekezés tézisei

Szőlőültetvények virológiai vizsgálata kis RNS alapú nagy áteresztőképességű szekvenálással, valamint a Grapevine Pinot gris vírus új gazdanövényeinek azonosítása Magyarországon

Demián Emese

Gödöllő

2026

A doktori iskola

megnevezése:

Természettudományok Doktori Iskola

Vezetője:

Csákiné Prof. Dr. Michéli Erika

egyetemi tanár, az MTA rendes tagja

MATE, Környezettudományi Intézet

Doktori program:

Biológiai tudományi Doktori program

tudományága:

biológiai tudományok

Témavezető(k):

Dr. Várallyay Éva, DSc

tudományos tanácsadó, az MTA levelező tagja

MATE, Növényvédelmi Intézet

.....
Az iskolavezető jóváhagyása

.....
A témavezető(k) jóváhagyása

TARTALOMJEGYZÉK

TARTALOMJEGYZÉK.....	2
1. A MUNKA ELŐZMÉNYEI, CÉLKITŰZÉSEK.....	3
2. ANYAG ÉS MÓDSZER.....	2
3. EREDMÉNYEK ÉS AZOK MEGVITATÁSA.....	3
3.1. Szőlőalany-ültetvények és alany fajtagyűjtemények viromjának feltárása kis RNS HTS-sel.....	3
3.2. A grapevine Pinot gris vírus (GPGV) potenciális gazdanövényeinek vizsgálata.....	4
3.3. A grapevine T vírus (GVT) magyarországi előfordulása és genetikai sokfélesége.....	5
4. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK.....	7
5. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK.....	9
6. A SZERZŐNEK AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓI.....	10

1. A MUNKA ELŐZMÉNYEI, CÉLKITŰZÉSEK

A szőlőtermesztés világszerte jelentős gazdasági és kulturális szereppel bír, Európa és ezen belül Magyarország pedig meghatározó régióknak számít a szőlő- és borkészítés szempontjából. A szőlőt nemcsak friss fogyasztásra termesztik, hanem számos feldolgozott formában is hasznosítják, melyek közül a bor a legfontosabb termék. A szőlőtermesztés eredményességét számos biotikus és abiotikus stresszfaktor befolyásolja, ezek közül a vírusok és viroidok jelenléte különösen jelentős gazdasági károkat okozhat.

A szőlőt fertőző vírusok és viroidok elleni védekezés korlátozott, mivel a fertőzött növények gyógyítása nem lehetséges, a kórokozók pedig hosszú távon fennmaradnak a szaporítóanyagban és az ültetvényekben. A vírusfertőzések következménye lehet a termés hozam csökkenése, a minőség romlása, valamint az ültetvények fokozatos leromlása. Emiatt a vírusok elleni védekezés alapját a megelőzés, a patogénmentes szaporítóanyag használata, valamint a fertőzések korai és megbízható kimutatása jelenti.

Magyarországon a szőlő vírusos és viroidos fertőzöttségének kimutatására több diagnosztikai módszer áll rendelkezésre, mint például a biológiai indexelés, a szerológiai vizsgálatok (ELISA), valamint a molekuláris biológiai eljárások, köztük a PCR és RT-PCR. Ezek a módszerek nagy érzékenységgel és specifitással képesek az ismert kórokozók azonosítására, ugyanakkor nem alkalmasak ismeretlen vagy genetikailag erősen heterogén vírusok kimutatására. Az utóbbi években a nagy áteresztőképességű szekvenálás (high throughput sequencing, HTS) új lehetőséget teremtett a növényi vírusdiagnosztikában, mivel előzetes információ nélkül is lehetővé teszi a vizsgált minták teljes viromjának meghatározását. A növényi vírusdiagnosztikában fontos szerepet tölt be a kis RNS-alapú HTS, amely előzetes vírusismeret nélkül is lehetővé teszi a vírusok és viroidok azonosítását.

A HTS-alapú vírusdiagnosztika különösen nagy jelentőséggel bír a szőlő szaporítóanyag-előállítás és a termesztés növényegészségügyi biztonságának

növelésében, mivel képes ismert és új, illetve látens módon jelen lévő vírusok és viroidok kimutatására is. Ennek megfelelően a módszer alkalmazása hozzájárulhat a hazai szőlőültetvények egészségi állapotának javításához és a gazdasági veszteségek csökkentéséhez.

Kutatásunk során a hazai szőlőalany-ültetvényeket és alany fajtagyűjteményeket vizsgáltuk vírusos és viroidos fertőzöttség szempontjából, elsődlegesen kis RNS-alapú nagy átírási képességű szekvenálás alkalmazásával. A vizsgálatok során a következő célkitűzéseket határoztuk meg:

- kis RNS-alapú HTS segítségével meghatározzuk a magyarországi szőlőalany-ültetvények és alany fajtagyűjtemények viromját;
- megvizsgáljuk a szőlő Pinot gris vírus (GPGV) potenciális gazdanövényeit;
- a szőlő termőültetvények és alanyültetvények HTS adatainak bioinformatikai újraelemzésével értékeljük a szőlő T-vírus (GVT) lehetséges hazai előfordulását, variánsainak genetikai sokféleségét, valamint a HTS és az RT-PCR módszerek érzékenységét a vírus detektálásában.

2. ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálatokhoz felhasznált növényi minták különböző, Magyarország több borvidékéről származó szőlőalany- és termőültetvényekből, valamint alany fajtagyűjteményekből kerültek begyűjtésre. A mintavételezés során elsősorban tünetmentes, egészségesnek tűnő egyedekről gyűjtöttünk különböző növényi szerveket. A GPGV vizsgálatához szőlőminták mellett az ültetvények környezetében előforduló, vírusos tüneteket mutató gyomnövényekből is vettünk mintákat. A GVT kimutatásához korábban elkészített kis RNS könyvtárak adatait elemeztük újra.

A mintákból izolált teljes RNS-t fás és lágyszárú növények esetében eltérő protokollok alkalmazásával tisztítottuk. A kis RNS-alapú HTS vizsgálatokhoz az egyes növényekből származó RNS-mintákat ültetvényenként összevontuk, így minden RNS-pool egy-egy ültetvényt reprezentált. A kis RNS-frakció izolálását ezekből az ültetvény-poolokból végeztük el a könyvtárkészítést megelőzően. A kis RNS könyvtárakat kereskedelmi készlet alkalmazásával, optimalizált protokoll szerint készítettük el, majd Illumina platformon szekvenáltattuk.

A kapott kis RNS szekvenciaadatok bioinformatikai elemzését CLC Genomics Workbench szoftver segítségével végeztük. Az adapterek eltávolítását és a minőségellenőrzést követően de novo kontigépítést végeztünk, majd a keletkezett kontigokat növényi vírusok referencia genomjaihoz illesztettük. A vírusok és viroidok jelenlétének megállapításához több kritériumot alkalmaztunk, beleértve a vírus-specifikus kontigok jelenlétét, a normalizált kis RNS olvasatszámot és a vizsgált vírusgenom lefedettségének mértékét.

A kis RNS HTS elemzés során azonosított vírusok és viroidok jelenlétét reverz transzkripció PCR (RT-PCR) módszerrel erősítettük meg. A pozitív PCR-termékeket szükség esetén klónoztuk és Sanger-szekvenálással határoztuk meg. A kapott szekvenciák filogenetikai elemzését különböző szoftverek alkalmazásával végeztük, a vírusvariánsok genetikai rokonsági viszonyainak feltárása érdekében.

3. EREDMÉNYEK ÉS AZOK MEGVITATÁSA

3.1. Szőlőalany-ültetvények és alany fajtagyűjtemények viromjának feltárása kis RNS HTS-sel

A magyarországi szőlőalany-ültetvények és alany fajtagyűjtemények viromjának feltárását kis RNS-alapú nagy áteresztőképességű szekvenálással végeztük. A vizsgálatok célja az volt, hogy átfogó képet kapjunk az alanyültetvényekben előforduló vírusok és viroidok összetételéről, különös tekintettel a szaporítóanyag-előállítás szempontjából jelentős kórokozókra. A kis RNS HTS alkalmazása lehetővé tette ismert és potenciálisan látens kórokozók egyidejű kimutatását, előzetes vírusismeret nélkül.

A vizsgálatok során a hatályos szabályozás szerint vizsgálatköteles vírusok közül a legtöbb esetben nem mutattunk ki fertőzést a vizsgált mintákban. Két alanyültetvényben és a fajtagyűjteményekben azonban a grapevine fleck virus (GFkV) jelenléte volt kimutatható. Bár a GFkV számos *Vitis vinifera* fajta esetében tünetmentesen fordulhat elő, szőlőalanyokban nem tekinthető látens vírusnak, jelenléte a minősített szaporítóanyagban nem megengedett. Az eredmények rámutattak arra, hogy a kis RNS HTS alkalmas a vizsgálatköteles vírusok széles körének egyidejű szűrésére, ugyanakkor kevert minták (ültetvény pool-ok) esetében az alacsony vírusterhelésű fertőzések detektálása korlátozott lehet, amelyet célzott RT-PCR vizsgálatokkal szükséges megerősíteni.

A nem vizsgálatköteles vírusok közül több, Magyarországon korábban is ismert kórokozó széles körű előfordulását igazoltuk. A grapevine rupestris stem pitting-associated virus (GRSPaV) szinte minden vizsgált ültetvényben jelen volt, ami összhangban áll a szakirodalomban leírtakkal, miszerint ez a vírus gyakran látens módon, magas prevalenciával fordul elő szőlőben. A grapevine Pinot gris virus (GPGV) és a grapevine Syrah virus 1 (GSyV-1) szintén több mintában kimutatható volt, változó genomlefedettséggel és kis RNS olvasatszámokkal, ami heterogén eloszlásra és eltérő fertőzési szintekre utal.

A viroidok közül elsősorban a hop stunt viroid (HSVd) jelenlétét igazoltuk, amely minden ültetvényben előfordult. A viroidfertőzések többsége tünetmentes volt, ugyanakkor jelenlétük hosszú távon hatással lehet az ültetvények vitalitására és a szaporítóanyag minőségére. Az egyik vizsgált alany fajtagyűjteményben emellett kimutattuk az Australian grapevine viroid (AGVd) jelenlétét is, amelyet Magyarországon korábban még nem detektáltak. A kis RNS-alapú HTS alkalmazása átfogó képet adott a viroid-fertőzöttségről, és lehetővé tette egy hazánkban korábban nem igazolt viroid (AGVd) kimutatását.

Összességében a szőlőalany-ültetvények viromjának feltárása rámutatott arra, hogy a szaporítóanyag-előállításban használt állományok túlnyomórészt mentesek a súlyos gazdasági jelentőségű, vizsgálatköteles vírusoktól, ugyanakkor a nem szabályozott vírusok és viroidok széles körben jelen vannak. Eredményeink alátámasztják, hogy a kis RNS-alapú HTS hatékony eszköz az alanyültetvények komplex virológiai állapotának felmérésére, és értékes kiegészítője lehet a célzott RT-PCR-alapú diagnosztikai vizsgálatoknak.

3.2. A grapevine Pinot gris vírus (GPGV) potenciális gazdanövényeinek vizsgálata

A GPGV előfordulásának és lehetséges terjedési útvonalainak pontosabb megértése érdekében a szőlőminták vizsgálata mellett a szőlőültetvények környezetében előforduló gyomnövényekre is kiterjesztettük a vizsgálatokat. A cél annak feltárása volt, hogy a GPGV jelen lehet-e nem szőlő gazdanövényekben, és ezek a növények szerepet játszhatnak-e a vírus fennmaradásában az ültetvények környezetében.

Minden vizsgált ültetvény esetében a gyomnövény mintavétellel párhuzamosan szőlőmintákat is gyűjtöttünk annak megállapítására, hogy az adott terület fertőzött-e grapevine Pinot gris vírussal. A GPGV jelenlétét valamennyi vizsgált ültetvény szőlőmintáiban igazoltuk PCR-alapú módszerekkel. A gyomnövény minták közül RT-PCR vizsgálatokkal a GPGV jelenlétét több, szőlőn kívüli növényfajban is kimutattuk, köztük egyéves és évelő lágyszárú, valamint fás szárú fajokban, ami új

adatokat szolgáltat a vírus lehetséges alternatív gazdanövény-körére vonatkozóan. A GPGV detektálását Northern blot analízissel is vizsgáltuk, amely során a vírus kimutatása két gyomnövény mintában volt sikeres, kizárólag rózsza és szeder növényekből.

A kimutatott GPGV variánsok szekvenciaelemzése alapján a vizsgált területek többségében a gyomnövényekből származó vírusvariánsok nagyfokú hasonlóságot mutattak a szőlőből származó variánsokkal. Az öt vizsgált ültetvény közül egy esetében a vírusvariánsok eloszlása heterogén volt, mivel az ültetvény hosszabb ideje nem állt művelés alatt, és a szőlőtőkék sűrű gyomvegetáció borította.

Eredményeink arra utalnak, hogy egyes gyomnövények potenciális alternatív gazdanövényként szolgálhatnak a grapevine Pinot gris vírus számára, és tünetmentes rezervoárként hozzájárulhatnak annak fennmaradásához az ültetvények környezetében. Ez epidemiológiai szempontból jelentős, mivel a környező vegetáció jelenléte befolyásolhatja a vírus terjedését és a fertőzések hosszú távú fennmaradását még vírusmentes szaporítóanyag használata mellett is.

3.3. A grapevine T vírus (GVT) magyarországi előfordulása és genetikai sokfélesége

A GVT magyarországi előfordulását a szőlő alany- és termőültetvényekből származó minták korábban előállított kis RNS-alapú nagy áteresztőképességű szekvenálási adatainak bioinformatikai újraelemzésével vizsgáltuk. Mivel a vírus a mintavételek idején még nem volt ismert, a korábbi HTS-elemzések során célzott keresés nem történt, így a GVT kimutatása utólagos adatfeldolgozással vált lehetővé. A bioinformatikai újra elemzés során a GVT-re utaló szekvenciákat csak korlátozott számú HTS könyvtárban sikerült azonosítani, ami arra utal, hogy a kis RNS-alapú HTS önmagában nem alkalmas a vírus megbízható detektálására. A GVT kis RNS-ek alacsony száma és a kontigok hiánya alapján a vírus alacsony titerrel, látens módon van jelen a szőlőben, hasonlóan más, kis RNS-eket gyengén generáló szőlővírusokhoz.

A HTS-adatok által jelzett fertőzések megerősítésére, valamint a vírus tényleges hazai előfordulásának és elterjedtségének vizsgálatára célzott RT-PCR vizsgálatokat végeztünk. Az RT-PCR eredmények alapján a GVT több szőlőmintában is kimutatható volt, beleértve alany- és termőültetvényekből származó mintákat is. Ezek az eredmények egyértelműen igazolták a vírus magyarországi jelenlétét, és rámutattak arra, hogy a HTS által nem detektált minták egy része RT-PCR-rel pozitívnak bizonyult.

A kimutatott GVT variánsok szekvenciaelemzése jelentős genetikai változatosságot tárt fel a hazai minták között. A hazai mintákban több, egymástól elkülönülő genetikai csoport jelenléte volt megfigyelhető, ami arra utal, hogy Magyarországon a vírus több, genetikailag eltérő változat formájában van jelen. A megfigyelt genetikai sokféleség összhangban áll a vírus feltételezhetően hosszabb ideje fennálló, észrevétlen jelenlétével.

Eredményeink alapján a grapevine T vírus esetében a kis RNS-alapú HTS és a célzott RT-PCR vizsgálatok együtt értelmezve nyújtanak megbízható képet a vírus előfordulásáról. Míg a HTS alkalmas volt a vírus jelenlétének felismerésére és a genetikai változatosság vizsgálatára, addig az RT-PCR bizonyult nélkülözhetetlennek a fertőzések megerősítésében és az elterjedtség feltárásában. Ez rávilágít arra, hogy a látens, alacsony titerrel jelen lévő vírusok esetében a kombinált diagnosztikai megközelítés elengedhetetlen.

4. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

A hazai szőlőültetvények korábbi, kis RNS-alapú nagy áteresztőképességű szekvenálással (HTS) végzett virológiai felmérései rámutattak a módszer jelentőségére a növényi vírusdiagnosztikában, és megalapozták a szőlő szaporítóanyagok egészségi állapotának célzott vizsgálatát. Ennek megfelelően munkánk során feltérképeztük a hazai szőlő alanyültetvények és alany fajtagyűjtemények vírus- és viroid-fertőzöttségét, amely a szőlő szaporítóanyag-ellátás biztonsága szempontjából kiemelt jelentőségű.

Az alanyültetvények és fajtagyűjtemények vizsgálata alapján megállapítható, hogy a rendszeresen ellenőrzött alanyültetvények többsége mentes a hatóságilag vizsgálatköteles vírusoktól, ami a jelenlegi ellenőrzési rendszer hatékonyságát igazolja. Ezzel szemben az alanyfajta-gyűjteményekben, ahol ilyen ellenőrzés nem történik, a vizsgálatköteles vírusok és viroidok jelenléte is kimutatható volt. Ez alátámasztja, hogy a hagyományos diagnosztikai módszerek alkalmasak a szaporítóanyag-minősítés szempontjából kritikus kórokozók kiszűrésére, ugyanakkor nem nyújtanak teljes képet a növények virológiai állapotáról.

A nem vizsgálatköteles vírusok és viroidok, különösen a GRSPaV, a GSyV-1, a GPGV, valamint a HSVd és a GYSVd-1 széles körű előfordulása arra utal, hogy ezek a kórokozók a hazai szőlő szaporítóanyag-termelésben endémiásan vannak jelen. A pécsi alany fajtagyűjteményben azonosított ausztrál szőlőviroid (AGVd) első hazai kimutatása új adatot szolgáltat a magyarországi szőlővirológiai ismeretekhez, és további célzott vizsgálatok szükségességét veti fel.

Az RT-PCR és a kis RNS HTS eredményei közötti eltérések, különösen a GRSPaV és a GVT esetében, rámutatnak arra, hogy egyes vírusok megbízható detektálása csak a különböző diagnosztikai módszerek együttes alkalmazásával lehetséges. A módszerek érzékenységét jelentősen befolyásolja a vírusok genetikai változatossága, valamint a bioinformatikai feldolgozás során alkalmazott referencia-szekvenciák megfelelősége.

A szőlő Pinot gris vírus (GPGV) vizsgálata igazolta, hogy a vírus nemcsak szőlőben, hanem számos szőlőn kívüli növényfajban is fennmaradhat. Az ültetvények környezetében előforduló lágyszárú és fás szárú növények potenciális szerepet játszhatnak a vírus hosszú távú fennmaradásában és terjedésében. A hosszabb ideje nem művelt ültetvényekben megfigyelt fokozott genetikai változatosság arra utal, hogy a vírus helyi populációi idővel jelentős genetikai átalakuláson mehetnek keresztül.

A korábbi kis RNS HTS adatok újraelmzése és a célzott RT-PCR vizsgálatok együttesen igazolták a grapevine T vírus (GVT) hazai jelenlétét. Bár a vírus összességében alacsony gyakorisággal fordul elő, egyes termő ültetvényekben lokálisan magas fertőzöttségi szint volt megfigyelhető. A filogenetikai elemzések alapján a hazai GVT variánsok több evolúciós vonalhoz tartoznak, ami arra utal, hogy a vírus részben külföldi szaporítóanyaggal, részben régebb óta jelen lévő helyi vírusvonalakból származhat.

Összességében eredményeink azt mutatják, hogy a szőlő szaporítóanyag teljes növényegészségügyi állapotának megítéléséhez elengedhetetlen a nem szabályozott vírusok és viroidok figyelembevétele is. A nagy áteresztőképességű szekvenálás fontos kiegészítő eszköze lehet a hagyományos diagnosztikai módszereknek, azonban megbízható alkalmazása csak megfelelő standardizálás és validálás mellett lehetséges. A HTS diagnosztikai rendszerbe történő fokozatos integrálása hosszú távon hozzájárulhat egy korszerűbb, átfogóbb szaporítóanyag-ellenőrzési rendszer kialakításához, és ezáltal a szőlőtermesztés növényegészségügyi kockázatainak csökkentéséhez.

5. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Kis RNS HTS-sel meghatároztuk 17 hazai szőlő alanyültetvény és 2 hazai szőlő fajtagyűjtemény viromját.
2. Magyarországon először azonosítottuk az AGVd jelenlétét szőlőben.
3. A GPGV jelenlétét Magyarországon először mutattuk ki fehér libatopban (*Chenopodium album*), és a világon elsőként azonosítottuk a vírust további hét növényfajban: selyemkóró (*Asclepias syriaca*), szeder (*Rubus sp.*), vadrózsa (*Rosa canina*), bodza (*Sambucus sp.*), galagonya (*Crataegus sp.*), bálványfa (*Ailanthus sp.*) és kőris (*Fraxinus sp.*).
4. Magyarországi szőlőtermő ültetvényekből és alanyültetvényekből származó kis RNS HTS adatok újraelemzésével elsőként igazoltuk a szőlő T vírus (GVT) hazai jelenlétét.

6. A SZERZŐNEK AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓI

Nemzetközi, lektorált folyóiratcikkek (Q1–Q2)

Demián, E., Jaksa-Czotter, N., Molnár, J., Tusnády, G. E., Kocsis, L., Várallyay, É. (2020). *Grapevine rootstocks can be a source of infection with non-regulated viruses*.

European Journal of Plant Pathology, 156, 897–912.

(Scopus: Horticulture – Q1; Agronomy and Crop Science – Q2; Plant Science – Q2)

Demián, E., Jaksa-Czotter, N., Várallyay, É. (2022). *Grapevine Pinot Gris Virus Is Present in Different Non-Vitis Hosts*. **Plants**, 11(14), 1830.

(Scopus: Ecology – Q1; Ecology, Evolution, Behavior and Systematics – Q1; Plant Science – Q1)

Demián, E., Holczbauer, A., Nagyné Galbács, Zs., Jaksa-Czotter, N., Turcsán, M., Oláh, R., Várallyay, É. (2021). *Variable populations of Grapevine virus T are present in vineyards of Hungary*. **Viruses**, 13(6), 1119.

(Scopus: Infectious Diseases – Q1; Virology – Q2)

Nemzetközi, lektorált folyóiratcikkek (Q3–Q4)

Jaksa-Czotter, N., Nagyné Galbács, Zs., Jahan, A., **Demián, E.**, Várallyay, É. (2024). *Viromes of plants determined by high-throughput sequencing of virus-derived siRNAs*. **Methods in Molecular Biology**, 2732, 179–198.

(Scopus: Genetics – Q4; Molecular Biology – Q4)

Czotter, N., Molnár, J., Pesti, R., **Demián, E.**, Baráth, D., Varga, T., Várallyay, É. (2018)

Use of siRNAs for diagnosis of viruses associated to woody plants in nurseries and

stock collections. Methods in Molecular Biology, 1746, 115–130.

(Scopus: Genetics – Q3; Molecular Biology – Q3)

Könyvfejezetek

Czotter, N., **Demián, E.**, Várallyay, É. (2019). *Vírusdiagnosztika kis RNS-ek nagy áteresztőképességű szekvenálásával*. In: Szabó, P. (szerk.) **Innováció a szőlőszaporításban**. Budapest, Magyarország: Doktoranduszok Országos Szövetsége (DOSZ), 60–65.

Demián, E., Turcsán, M., Jaksa-Czotter, N., Varga, T., Szénási, M., Kocsis, L., Oláh, R., Várallyay, É. (2019). *Szőlő alanyültetvények virológiai felmérése és a különböző patogénmentesítési eljárások hatékonyságának vizsgálata kis RNS-ek nagy áteresztőképességű szekvenálásával*. In: Szabó, P. (szerk.) **Innováció a szőlőszaporításban**. Budapest, Magyarország: DOSZ, 66–71.

Egyéb publikációk

Demián, E., Várallyay, É. (2019). *A szőlő Pinot gris vírus Magyarországon*. **Kertészet és Szőlészet**, 68(28), 20–21.

Konferencia előadások és poszterek

Demián, E., Turcsán, M., Varga, T., Jaksa-Czotter, N., Molnár, J., Szénási, M., Tusnády, G. E., Oláh, R., Várallyay, É. (2019). *Viral diagnostics of rootstock plantations and the complex pathogen elimination methods of grapevine by small RNA NGS*. **Hungarian Molecular Life Sciences 2019**, Eger, Hungary. Poszter.

Demián, E., Czotter, N., Molnár, J., Tusnády, G. E., Várallyay, É. (2017) *Magyar alany szőlő ültetvények vírusdiagnosztikája kis RNS-ek újgenerációs szekvenálásával*. **63. Növényvédelmi Tudományos Napok**, Budapest. Poszter.

Demián, E., Czotter, N., Czakó, K., Molnár, J., Tusnády, G. E., Várallyay, É. (2017). *Detection and molecular characterization of Hungarian strain of*

Grapevine Pinot gris Virus. **Hungarian Molecular Life Sciences 2017**, Budapest. Konferencia-absztrakt.

Demián, E., Czotter, N., Várallyay, É. (2018). *Detection of Grapevine Pinot gris virus in different non-Vitis hosts in Hungary*. **19th Conference of the International Council for the Study of Virus and Virus-like Diseases of the Grapevine (ICVG)**, Proceedings, 24–25. Előadás.

Demián, E., Czotter, N., Várallyay, É. (2018). *Investigation of Grapevine Pinot gris virus presence in non-Vitis hosts in Hungary*. In: Bielen, A. et al. (szerk.) **Power of Viruses – Programme and Abstracts**. Zagreb, Horvátország: Croatian Microbiological Society, 76. Előadás.

Demián, E., Turcsán, M., Varga, T., Czotter, N., Szénási, M., Oláh, R., Várallyay, É. (2019). *Szőlő alanyültetvények és a komplex patogénmentesítési módszerek hatékonyságának vírusdiagnosztikája*. **XXIX. Keszthelyi Növényvédelmi Fórum**, Keszthely, Magyarország. Előadás.

Demián, E., Jaksa-Czotter, N., Molnár, J., Kocsis, L., Tusnády, G. E., Várallyay, É. (2019). *A szőlő Pinot gris vírus hazai előfordulása szőlőalany-ültetvényeken és gyomnövényeken*.

„A szőlő szaporítóanyag-előállítás és a szőlőtermesztés növényvédelmi kérdései” című regionális rendezvény, Keszthely, Magyarország. Előadás.

Demián, E., Kontra, L., Jaksa-Czotter, N., Lázár, J., Várallyay, É. (2019). *Vírusdiagnosztikával a szőlő furcsa tüneteinek nyomában*. In: Jakab, G. (szerk.) **Szőlészeti és borászati kutatások Pécsen, és kapcsolódásuk a hazai és külföldi irányvonalakhoz**. Pécs, Magyarország: PTE Szőlészeti és Borászati Kutatóintézet, 16. Előadás.

Demián, E., Czotter, N., Várallyay, É. (2018). *Grapevine Pinot gris vírus (GPGV), egy szőlővírus gyomnövényeken*. **XXVIII. Keszthelyi Növényvédelmi Fórum**, Keszthely, Magyarország. Előadás.

Demián, E., Turcsán, M., Varga, T., Czotter, N., Szénási, M., Oláh, R., Várallyay, É. (2018).

Szőlő alanyültetvények és a komplex patogénmentesítési módszerek hatékonyságának vírusdiagnosztikája. **MBK Napok**, Gödöllő, Magyarország. Előadás.

Demián, E., Czotter, N., Czakó, K., Várallyay, É. (2017). *A Grapevine Pinot gris vírus elterjedése szőlőültetvényeken és gyomokban*. **MBK Napok**, Gödöllő, Magyarország. Előadás.

Demián, E., Czotter, N., Várallyay, É. (2017). *Alkalmazható-e a kisRNS NGS új vírusgenom meghatározására Sanger-szekvenálás nélkül?* Tudományos előadás, Magyarország.