



MAGYAR AGRÁR- ÉS
ÉLETTUDOMÁNYI EGYETEM

MAGYAR AGRÁR- ÉS ÉLETTUDOMÁNYI EGYETEM

Biológia Tudományi Doktori Iskola

**A MEGGY (*PRUNUS CERASUS* L.) ÉRTÉKES GYÜMÖLCS
TULAJDONSÁGAINAK ÉS VIROMPROFILJÁNAK JELLEMZÉSE**

A PhD disszertáció tézisei

Francesco Desiderio

Gödöllő

2024



MAGYAR AGRÁR- ÉS
ÉLETTUDOMÁNYI EGYETEM

MAGYAR AGRÁR- ÉS ÉLETTUDOMÁNYI EGYETEM

Biológia Tudományi Doktori Iskola

**A MEGGY (*PRUNUS CERASUS* L.) ÉRTÉKES GYÜMÖLCS
TULAJDONSÁGAINAK ÉS VIROMPROFILJÁNAK JELLEMZÉSE**

A PhD disszertáció tézisei

Francesco Desiderio

Gödöllő

2024

A PhD program

Név: Biológia Tudományi Doktori Iskola

Tudományág: Természettudományok

Az iskola vezetője: Prof. Dr. Nagy Zoltán, DSc

A Biológia Tudományi Doktori Iskola vezetője
Magyar Agrártudományi és Élettudományi Egyetem,
Növényélettani és Növényökológiai Tanszék, Agrárökológiai
Kutatócsoport

Témavezetők: Dr. Várallyay Éva, DSc

Tudományos tanácsadó MATE, Magyar Agrártudományi
Egyetem Növényvédelmi Intézet, Növénykórtani Tanszék
Genomikai Kutatócsoport

Kovácsné dr. Békefi Zsuzsanna, PhD
Tudományos főmunkatárs MATE, Magyar Agrártudományi
Egyetem Kertészettudományi Intézet, Gyümölcsstermesztési
Kutatóközpont

A PhD Iskola vezetőjének jóváhagyása

.....
A témavezető jóváhagyása

.....
A társtémavezetők jóváhagyása

1 BEVEZETÉS

A *Prunus* fajokat világszerte termesztik gyümölcstermelés céljából, a nemzetség Nyugat-Ázsiától a Fekete-tengerig terjedő területéről származik, és alkalmazkodott a közép-európai éghajlathoz. A nemzetséghez tartozó fajok termesztésbe vonása az i. e. 5 000-4 000-re nyúlik vissza, de azóta a nemesítés újabb módszerekkel gazdagodott. A molekuláris nemesítés felgyorsítja a kívánatos tulajdonságokkal - , például a nagy gyümölcsméret, a kedvező íz és héjszín – rendelkező fajták kifejlését. A *Prunus* fajok - a csonthéjas gyümölcsök - jelentős szerepet játszanak a nemzetközi gyümölcspiacon, Magyarország a csonthéjas gyümölcsök, például a meggy jelentős termelője. Ezek a gyümölcsök gazdag polifenol- és antioxidáns tartalmuknak köszönhetően egészségügyi előnyöket is kínálnak. A hatékony nemesítéshez megfelelően változatos genetikai állományt és szaporítási módszereket kell választani a kórokozótól mentes növények fenntartása érdekében. Magyarország legnagyobb csonthéjas génbanki gyűjteménye lehetőséget kínál a szűrésre, a szabadföldi vizsgálatok pedig betekintést nyújtanak a kórokozó populációkba. A világszerte elterjedt csonthéjas gyümölcs vírusok a szabályozási korlátozások miatt kockázatot jelentenek a növénycserére és az importra. Ez a kutatás a genetikai anyag nemesítésben való felhasználását, a gyümölcsjellemzők értékelését és a vírusok jelenlétének elemzését vizsgálja a génbanki gyűjteményből kiemelt meggy tételeknél, nagy áteresztőképességű szekvenálással és RT-PCR validálással.

2 CÉLKITŰZÉSEK

1. Meggy génbanki tételek gyümölcsméretének, a héj- és a gyümölcshús színének fenotípus összehasonlító elemzése a velük összefüggő markerekkel
2. A meggy nemesítési programba bevonható lehetséges jelöltek azonosítása
3. A meggy génbanki tételek és referencia fajták viromjának meghatározása kis RNS HTS segítségével.
4. A kimutatott vírusok RT-PCR felmérése és filogenetikai elemzése.

3 ANYAG ÉS MÓDSZER

3.1 Növényi anyag genetikai elemzésre

Harmincegy meggyfajta került kiválasztásra az érdi Elvira major génbanki gyűjteményéből. A gyümölcs fenotipizálására 2021 és 2023 között került sor, a gyümölcs méretére, színére és a nemesítési tulajdonságokra összpontosítva. A gyűjteményben fajtánként 2-4 klón szerepel, amelyeket *P. mahaleb* L. alanyon, öntözés nélküli szabadföldön termesztettek.

3.2 Gyümölcsmorfológia és fenotipizálás

A fenotípusos elemzés elvégzéséhez a gyümölcsök különböző jellemzőit több éven keresztül mértük. A meggy gyümölcs mérete (átmérő, hosszúság, vastagság), súlya, felülete, héjszíne, szilárdsága, savassága, édessége és a mag alakja adja az analízis adatbázisát.

A mérések a szabványos irányelveket követték: az UPOV meggyre vonatkozó leíró listáját alkalmaztuk. A génbanki gyűjtemény 2-4 fájáról mintegy 500 g friss gyümölcs került begyűjtésre, melyből 20 egészséges gyümölcsöt mértünk. Az adatokat 2021 és 2023 között gyűjtöttük, digitális mérőeszközök, mérlegek és a gyümölcsfelület kiszámításához használt képletek segítségével. A gyümölcsök szilárdságát durométerrel (Turoi), az oldható szárazanyag-tartalmat (SSC) refraktométerrel, a színt pedig CIELab-rendszerrel és spektrofotométerrel mértük. A mintákat -20°C -on tároltuk további kémiai elemzések céljából.

A meggy teljes polifenoltartalma (TPC) a Folin-Ciocalteu-féle kolorimetriás módszerrel került meghatározásra, kisebb módosításokkal. 5 gyümölcs mintát 96%-os etanollal összekevertünk, majd a fenolok ultrahangos vízfürdőn 30 perces extrakcióval kerültek kivonásra. A 20 perces centrifugálást követően a folyadék leszűrésre került. A kivonatot a Folin-Ciocalteu-reagens és a desztillált víz hozzáadását követően 5 percig inkubáltuk, majd nátrium-karbonáttal vegyítettük. 2 órás sötét helyen történő tárolás után az abszorbancia 750 nm-en UV-VIS spektrofotométerrel került mérésre. A vizsgálatokat háromszoros ismétlésben végeztük el és az eredmények mg galluszsav egyenértékben (GAE) lettek kifejezve a szárított minta grammjára vetítve.

3.3. DNS extrakció és SSR markerek kiválasztása

A kiválasztott meggy tételekből származó DNS-t friss fiatal levelekből a Plant Genomic DNA extraction miniprep rendszer segítségével nyertük ki. A PCR-t DreamTaq DNS-polimerázzal végeztük 25 µl reakciótérfogatban. Az optimalizált reakció 2,5 mM MgCl₂-t, 0,2 mM dNTP-t, 0,25 µM primert és 1 ng genomi DNS-t tartalmazott. A PCR körülményei a következők voltak: denaturálás 95°C-on 3 percig, 35 ciklus 95°C-on 30 másodpercig, lágyítás a primer optimális hőmérsékletén 30 másodpercig és 72°C-on 15 másodpercig, majd végső hosszabbítás 72°C-on 3 percig. A forward primereket 6-FAM festékkel jelöltük, és a PCR-termékeket kapilláris elektroforézissel elemeztük ABI Prism 3100 Genetic Analyzer segítségével. Az allélméretet a Peak Scanner szoftver segítségével határoztuk meg, majd haplotípus- és genotípus meghatározás következett.

3.4. Statisztikai elemzés

Három egymást követő év (2021-2023) adatainak elemzése történt a meggy gyümölcsének jellemzőire vonatkozóan. A tételeket genotípus szerint csoportosítottuk, és ANOVA elemzéssel vizsgáltuk, hogy a genotípusbeli különbségek befolyásolták-e a gyümölcs súlyát vagy színét. A fizikai tulajdonságok (tömeg, keménység), a másodlagos tulajdonságok (savasság, édesség, lédúság), az UPOV skála értékei, a kémiai komponensek és a CIELab-értékek Spearman-féle korreláció segítségével kerültek analízálásra ($p < 0,05$). A tulajdonságváltozások megértéséhez főkomponens-elemzést (PCA) végeztünk. A statisztikai elemzést SPSS segítségével végeztük (ANOVA Tukey's b teszttel, $p < 0,05$). Az SSR-fragmentumokat jelenlévőnek (1) vagy hiányzóknak (0) minősítettük, és lineáris regressziót végeztünk az allél-fenotípus hatás értékelésére ($p < 0,05$). A Pearson-féle korrelációt a genotípus-fenotípus kapcsolatok elemzésére is használtuk. Az adatok vizualizálását, beleértve a boxplotokat és az allélfrekvencia-elemzést, az R Studio-ban végeztük. További metrikákat, mint például a heterozigotizás (Ho), a polimorfizmus-tartalom (PIC), a markerindex (MI) és a diszkriminációs erő (DP), számítottunk.

3.5. A meggyvírus elemzése

A magyar meggyfajtákat (*Prunus cerasus* L.) károsító kórokozók szempontjából vizsgáltuk. A 2021-ben az érdi Gyümölcstermesztési Kutatóállomáson 31 fajtából került sor levélminta gyűjtésre. A 2021-es évben fajtánként egy-egy fáról vettünk mintát az új és a standard fajtákból és elemeztük a HTS segítségével. A vizsgálatot 2023-ban RT-PCR segítségével megismételtük, az összes életben maradt fáról 58 mintát gyűjtöttünk a vírusok jelenlétének és elterjedésének szűrésére.

3.5.1 A minták előkészítése a HTS-hez és az RT-PCR-hez

A HTS-mintákat három csoportba soroltuk: a 2021-ben gyűjtött 22 új fajtát és 9 standard magyar fajtát, valamint a 2023-ban ismét gyűjtött mintákat az RT-PCR további vizsgálatához. Fánként kétszer négy levelet gyűjtöttünk a vírus átfogó kimutatása érdekében, és az RNS lebomlásának megakadályozása érdekében -80°C -on tároltuk.

3.5.2 RNS extrakció

Az RNS-t fánként négy levélből módosított CTAB-módszerrel vontuk ki. A leveleket (egyenként 150-200 mg) folyékony nitrogénben lefagyasztottuk, homogenizáltuk, és 900 μl extrakciós pufferrel (EB) 17 μl β -merkaptoetanollal kevertük. A 65°C -on történő inkubálás és vortexelés után kloroformalkoholt adtunk hozzá, majd az elegyet centrifugáltuk. A felülúszót LiCl-lel dolgoztuk fel, jégen inkubáltuk, majd ismét centrifugáltuk. A pelletet SSTE pufferben reszuszpendáltuk, újból centrifugáltuk, majd NaAc-val és izopropanollal kevertük az utolsó centrifugálás előtt. A pelletet etanollal mostuk, szárítottuk, steril vízben reszuszpendáltuk, és Nanodrop és gélelektroforézis segítségével számszerűsítettük.

3.5.3. Kis RNS könyvtár készítése

A kis RNS-könyvtár készítéséhez a TruSeq Kit segítségével 20 μl (egyenként 500 ng) mintákból kivont RNS-t egyesítettük különböző kultúrákból. A mintákat az UD GenoMed HiScan2000 szekvenálta 50 bp single-end read-ekkel. A Fastq fájlok az NCBI GEO adatbázisában (GSE233558) érhetők el. A teljes RNS-t (10-30 μg) denaturáltuk, 8%-os TBE poliakrilamid gélen elválasztottuk és etídium-bromiddal festettük. A kis RNS-t kivágtuk a gélből, NaCl-ban eluáltuk, szűrtük, majd izopropanollal és GlycoBlue-val -70°C -on kicsaptuk. Mosás és szárítás után az RNS-t 12 μl vízben reszuszpendáltuk az

adapter-ligáláshoz. Az RNS 3' adaptert ligáltuk, majd az RNS 5' adaptert, és a reverz transzkripciót RT Primerrel és Revert Aid H-reverz transzkriptázzal végeztük. A cDNS-t megtisztítottuk, minőségét ellenőriztük, és bioinformatikai elemzés előtt szekvenálásra küldtük. A bioinformatikai elemzést a CLC Genomic Workbench segítségével végeztük. A szekvenált leolvasásokat levágták és értékelték a minőséget. A jó minőségű olvasatokat de novo összeillesztettük kontigokká alapértelmezett beállításokkal (szóméret 20, buborékméret 50, min. kontig hossz 35 nt).

3.5.4. Bioinformatikai elemzés: az adatok értékelésére szolgáló csővezeték és a HTS bioinformatikai eredményei

Az ismert vírusok azonosítása érdekében a kontigokat összehasonlítottuk az NCBI GenBankból származó referencia genomokkal és a referencia genom nélküli Prunus-fertőző vírusokkal. Az annotációt a BLASTN algoritmus segítségével végeztük. Ha vírus-specifikus kontigokat találtunk, a leolvasásokat vírus-referencia genomokra térképeztük le a normalizált leolvasások (RPM) számolásához és a genomlefedettség kiszámításához. A vírus jelenlétét akkor erősítették meg, ha az alábbi kritériumok közül legalább kettő teljesült: (1) vírus-specifikus kontigok jelenléte, (2) >200 normalizált vírus olvasat, vagy (3) >60%-os vírusgenom-lefedettség.

3.5.5. A kapott eredmények megerősítése RT-PCR és Sanger-szekvenálás segítségével

A bioinformatikai eredmények validálása érdekében RT-PCR-t végeztünk vírusspecifikus primerek használatával. cDNS-t szintetizáltunk minden egyes könyvtár RNS-éből és fából véletlenszerű primerekkel a RevertAid és Maxima cDNS-kitek segítségével. A vírusgenomok amplifikálásához és Sanger-szekvenálásához a Maxima cDNS-t Q5 polimerázzal és publikált forrásokból származó vagy sRNS-olvasatokból tervezett primerekkel amplifikáltuk. Az amplifikált termékeket megtisztítottuk, pJET vektorokba klónoztuk és szekvenáltuk, a szekvenciákat pedig a GenBankban helyeztük el (OR596712-OR596738 hozzáférési számok). A PrVF RNS1 és RNS2 primerek tesztelése specifikus primerekkel történt, és az amplifikációt Sanger-szekvenálással és BLASTn-elemzéssel erősítették meg. Az új primereket a PrVF RNA1 és RNA2 referencia genomokból származó konszenzus szekvenciák alapján tervezték meg a Geneious® szoftver segítségével.

3.5.6. Filogenetikai elemzés

Filogenetikai faelemzést végeztünk Geneious segítségével a PNRSV RNS3, CVA, PrVF RNS1 és RNS2 közötti kapcsolatok és varianciák vizsgálatára. A szekvenciák összehangolása a Geneious globális összehangolási funkciójával történt (szabad végű hézagok, 65%-os hasonlósági költségmátrix, hézagnyitási büntetés 12, hézagbővítési büntetés 3, 2 finomítási iteráció). A PNRSV RNS3 (NC004364), CVA (NC_003689) és a PrVF RNS1 (NC_039077.1), RNS2 (NC_039078.1) referencia szekvenciákat használtuk. A filogenetikai fákat minden egyes vírusra külön-külön készítettük el a Sanger-szekvenált adatok felhasználásával.

4 EREDMÉNYEK

4.1.1 Meggy gyümölcsmérete

A legkisebb gyümölcsméretű a 'Helyi sötét' (14,4 mm), a legnagyobb a 'Mogyoródi kései' (22,4 mm) esetében volt. A legrövidebb termésű a Helyi sötét (12,4 mm), a leghosszabb a Tiszabög 50/7 volt. A Helyi sötétnek volt a legkisebb a vastagsága (12 mm) és az ellipszoid területe (10,5 cm²), a Mogyoródi késeié a legnagyobb (25,15 cm²). A gyümölcsök tömege a Helyi sötét (2,31 g) és a Mogyoródi kései (6,93 g) között a legkönnyebb és a legnehezebb volt. A magok tömege a Helyi sötétben volt a legkönnyebb (0,2 g) és a Pipacs 1-ben a legnehezebb (0,5 g), míg a gyümölcshús tömege a Helyi sötétben 1 g-tól a Mogyoródi késeiéig 3,2 g-ig terjedt.

4.1.2. A meggy hús keménysége, savtartalma, oldható szárazanyag-tartalma és a mag morfológiája

A gyümölcsök keménysége a „Bosnyák” (3) nagyon puhától a „Pipacs 1” (7) nagyon keményig terjedt. A durométerrel mért keménység a „Favorit” esetében volt a legalacsonyabb (19,8) és a „Pipacs 1” esetében a legmagasabb (62,8). Az oldható szilárdanyag-tartalom (SSC) a „Favorit” 16,3 és a „Bagi meggy” 24,9 között változott. A savtartalom a „Pipacs 1” magas (8,3) és a „Favorit” alacsony (3,0) értéke között változott. Az édesség az „Érdi Jubileum” nagyon édes (7) és a „Pipacs 1” nem édes (7) között változott. A lédúság a „Szamosi meggy” nagyon lédús (7) és a „Bagi meggy” nem lédús (3) között változott. A magok alakja a „Bosnyák” 1,3-tól a „Cigány késői” 3-ig terjedt. A termés alakja hasi nézetben a „Bosnyák” 3,5-től több példányban 1-ig terjedt, míg a terméshüvely vége az „Érdi Jubileum” 1,6-tól a „Bagi meggy” 2,7-ig terjedt.

4.1.3 A gyümölcs színe és TPC

A gyümölcs színét több skálán mértük. A héj színe a legvilágosabbtól a 'Pipacs 1' (1) a legsötétebbig a 'Érdi Jubileum' (6) esetében változott. A CIELab skálán az L* pontszám a 'Hortenzia királynője' esetében volt a legmagasabb (33,4) és a 'Bosnyák' esetében a legalacsonyabb (24,7). Az a*-érték a 'Hortenzia királynője' esetében volt a legmagasabb (31,9) és a legalacsonyabb a 'Bosnyák' esetében (6,6). A b*-érték a 'Hortenzia királynője' esetében volt a legmagasabb (15,8) és a legalacsonyabb a 'Bosnyák' esetében (1,7). A színárnyalat a legalacsonyabb a 'Bosnyák' (6,9) és a legmagasabb a 'Hortenzia királynője' (35,7) között volt, míg a

színárnyalat a legalacsonyabb a „Bosnyak” (2,2) és a legmagasabb a 'Hortenzia királynője' (19,3) között volt. A ctifl skála a „Bosnyak” nagyon sötét (6,5) és a 'Hortenzia királynője' nagyon halvány (2,5) között változott. A hús színe a „Bosnyak” esetében nagyon sötét (4), a „Hortenzia királynője” esetében nagyon halvány (1) volt. A gyümölcsle színe a „Hortenzia királynője” esetében a legvilágosabb (1,3) és a „Bosnyak” esetében a nagyon sötét (5) között változott. 2022-ben az összes polifenoltartalom (TPC) a 'Pipacs 1'-ben volt a legmagasabb (650,57 mgGAE/100g) és a legalacsonyabb a „Kantorjanosi 3”-ban (122,76 mgGAE/100g). A „Pipacs 1” esetében volt a legmagasabb az a* (26,45) és a Chroma (28,18). A 'Hortenzia Királynője' esetében volt a legmagasabb az L*, a b* és a színárnyalat értéke, míg a 'Bosnyák' esetében a legalacsonyabb az L*, az a*, a b*, a Chroma és a színárnyalat értéke.

4.1.4 Főkomponens-elemzés (PCA) és kétváltozós elemzés a gyümölcs jellemzőire vonatkozóan

A bivariáns elemzés azt mutatta, hogy a kolorimetriai adatok (L*, a*, b*, Chroma és árnyalat) pozitívan korrelálnak egymással. A TPC pozitívan korrelál az SSC-vel, a keménységgel és a savassággal, de negatívan az édességgel és a tömeggel kapcsolatos jellemzőkkel, különösen a gyümölcs tömegével. Az SSC negatívan korrelál a savassággal, a lédúsággal és a súllyal, de pozitívan a kolorimetriás mérőszámokkal. A TPC pozitívan korrelál az L*, a*, b* és a Chroma értékekkel, de nem a színárnyalattal. A PCA azt mutatta, hogy az első komponens pozitívan korrelált az L*, a*, b*, Chroma, színárnyalat és a lédúsággal. A második komponens pozitívan összekapcsolta a TPC-t az L*, a*, b*, Chroma és SSC értékekkel. A harmadik komponens pozitívan korrelált a keménységgel, a TPC-vel és a savassággal, míg a negyedik komponens az édességgel és az SSC-vel.

4.2 A genotipizálás eredményei megyyben

Harmincegy megyy tételt elemeztünk két SSR-markerrel a gyümölcsméretre vonatkozóan. A BPPCT034 marker 204 és 251 bp közötti méretet mutatott, míg a CPSCT038 marker 185 és 204 bp között mozgott. Összesen 21 allélkombinációt azonosítottunk, amelyek közül 5 közös volt a különböző tételek között. A csoportosítások a következők voltak: 'Bagi megyy', 'Korai Cigány', 'Cigány késői' (208-208-226-230-190-190-190-190-190), 'Dunabogdányi', 'Májusi hólyag', 'Édes pipacs' (204-204-226-237-185-185-204-204-204), 'Késői parasztmeggy', 'Velencei kései' (226-226-237-237-185-185-185-204-204), 'Szamosi megyy', 'Tiszabög 50/7' (204-204-226-237-185-185-185-185-185).

A héjszint jellemző Ma039a marker allél mérete 157 bp és 205 bp között mozgott, 6 allélkombinációt mutatva. Négy csoportot képeztünk: 'Bagi megyy', 'Cigány késői', 'Cigánymeggy 7', 'Késői Cigány', 'Korai Cigány', 'Pándy Bb. 119' (157-157-205-205), 'Érdi Jubileum', 'Füzlevelű kosszemű', 'Helyi sötét', 'Májusi hólyag' (157-157-175-175), 'Bosnyák', 'Dunabogdány', 'Édes pipacs', 'Fehérvári', 'Hortenzia királynője', 'Kántorjánosi 3', 'Későn virágzó', 'Korai Pándy', 'Mogyoródi kései', 'Nagy Gobet', 'Pándy 279', 'Pándy 43', 'Péceli nagy', 'Pipacs 1', 'Tiszabög 50/7', 'Újfehértói fürtös', 'Velencei kései' (157-157-175-205), 'Favorit' és 'Szamosi megyy' (175-175-205-205). A Pav-Rf-SSR 343 bp és 353 bp között változott, 10 allélkombinációval. Öt csoportot képeztünk: 'Bagi megyy', 'Cigánymeggy 7', 'Késői Cigány' (343-343-351-353), 'Cigány késői', 'Dunabogdány', 'Édes pipacs', 'Favorit', 'Fehérvári', 'Füzlevelű kisszemű', 'Helyi sötét', 'Mogyoródi kései', 'Velencei kései' (351-351-353-353), 'Érdi bőtermő', 'Érdi Jubileum', 'Kántorjánosi 3', 'Késői parasztmeggy', 'Májusi hólyag', 'Pipacs 1', 'Szamosi megyy' (349-349-351-353), »Bosnyák«, »Hortenzia királynője«, 'Nagy Gobet', 'Pándi Bb. 119', 'Pándi 279' (347-349-351-353), 'Pándy 43', 'Péceli nagy' (347-347-351-353), LG3_13.146 Csak 218 bp-nél figyelhető meg az 'Édes pipacs', 'Érdi bőtermő', 'Érdi Jubileum', 'Késői parasztmeggy', 'Pándy Bb. 119', 'Pándy 279', 'Péceli nagy' és 'Újfehértói fürtös'.

4.3. A fenotípus és a genotípus közötti összefüggés meggynél

A markerek és a fenotípus Pearson-féle korrelációs elemzése a következőket mutatta: A megyy gyümölcsméret (átmérő, hossz, vastagság, SA) pozitívan korrelált a BPPCT034₂₀₄-gyel, de negatívan a BPPCT034₂₀₈-mal. A

BPPCT034₂₂₂ negatív korrelációt mutatott az átmérővel, míg a BPPCT034₂₃₀ és BPPCT034₂₃₇ negatívan korrelált az átmérővel, a hosszal és az SA-val. A CPSCT038₁₈₅ pozitívan korrelált az átmérővel, a hosszal, a vastagsággal és az SA-val, míg a CPSCT038₁₉₀ negatívan korrelált ezekkel a tulajdonságokkal. A CPSCT038₂₀₄ pozitívan korrelált az átmérővel, a hosszal, a vastagsággal, az SA-val, a terméstmeggel, a magtömeggel és a gyümölcshús tömegével, míg a CPSCT038₁₉₀ negatívan korrelált a CPSCT038₁₉₀-vel. A lineáris regresszió azt mutatta, hogy az egyes allélek szignifikánsan befolyásolták a gyümölcs átmérőjét, hosszát, vastagságát, SA-ját és súlyát (gyümölcs, mag és pép).

A meggy színének elemzése azt mutatta, hogy a Ma039a₁₅₇ negatívan korrelált az L*, a Ma039a₁₇₅ pozitívan korrelált az L*, de negatívan a Ctifl, a hússzín és a lé színével. A Ma039a₂₀₅ negatívan korrelált a Ctifl és a gyümölcshús színével. A Pav-Rf-SSR₃₄₃ pozitívan korrelált a gyümölcslé színével. Az egyes allélok lineáris regressziója szignifikáns hatást mutatott az L*, a*, b*, Chroma, hue, Ctifl, hússzín, gyümölcslé szín és SSC tekintetében.

4.4. Ploidiaelemzés és markerelemzés

A csonthéjas gyümölcsök ploidiaelemzése során a meggy BPPCT034 és CPSCT038 markerei voltak a legpolymorfabbak, egyenként 22 allállal. A Ma039a és a Pav_Rf_SSR 3, illetve 5 egyedi allállal rendelkezett, magas heterozigotitással (0,94-1,00).

4.5. A meggy tételek HTS-alapú virológiai felmérése

Három könyvtárát elemeztünk: 1_PC_E1, 2_PC_E2 és 3_PC_E3. Az átlag 18 millió leolvasás volt könyvtáranként. Az 1_PC_E1 több mint 18 millió, a 2_PC_E2 több mint 20 millió, a 3_PC_E3 pedig 17 millió olvasatot tartalmazott. A levágott kontigok száma 16 millió (3_PC_E3) és 20 millió (2_PC_E2) között volt. A nem redundáns olvasatok száma 1 millió (2_PC_E2) és 1,6 millió (3_PC_E3) között volt. A kontigok száma 1,597 (2_PC_E2) és 2,631 (3_PC_E3) között változott.

A kis RNS HTS három valószínű vírust azonosított: CVA, PNRSV és PrVF. Az 1_PC_E1 könyvtárban 2 kontig volt a CVA-ra, 3 a PNRSV RNS1-re, 23 az RNS2-re és 1 az RNS3-ra. A PNRSV RNS3 RPM-je több mint 400 volt, a PNRSV RNS1-3 és a PrVF RNS1 genomlefedettsége meghaladta a 60%-ot. A 2_PC_E2 könyvtárban 1 kontig volt a CVA-ra, 1 a PNRSV RNS2-re és 13 a PNRSV RNS3-ra, az RNS2 és az RNS3 esetében 60% feletti lefedettséggel.

A 3_PC_E3 könyvtárban 1 kontig volt a CVA-ra, 1 a PNRSV RNS2-re és 2 a PNRSV RNS3-ra, a PNRSV RNS3 esetében 60% feletti lefedettséggel.

4.6. A HTS-analízis RT-PCR validálása

Az RT-PCR validálás azt mutatta, hogy mindhárom könyvtár PNRSV-vel (RNS3) és PrVF-fel (RNS1 és RNS2), míg egy könyvtár CVA-val volt fertőzött.

A PNRSV, CVA és PrVF jelenlétének megerősítése után az egyes mintákat elemeztük. Az 1_PC_E1 könyvtárban 6/11 mintában volt CVA, 7/11-ben PNRSV és 7/11-ben PrVF. A 2_PC_E2 könyvtárban 3/11 mintában volt CVA, 7/11-ben PNRSV és 4/11-ben PrVF. A 3_PC_E3 könyvtárban 1/9 CVA-t, 1/9 PNRSV-t és 5/9 PrVF-et mutatott ki. A leggyakoribbak az egyszeri fertőzések voltak (14 minta), kevesebb volt a vegyes fertőzés: CVA és PrVF (2 minta), PNRSV és PrVF (4 minta), valamint CVA és PNRSV (2 minta). Háromszoros fertőzés 4 esetben fordult elő egy könyvtárban.

4.7. RT-PCR eredmények a 2023-as meggygyűjteményre vonatkozóan

A 2023-as évben 58 fát vizsgáltak CVA, PNRSV és PrVF szempontjából. Az eredmények 31%-ban pozitívak voltak a CVA-ra, 45%-ban a PNRSV-re és 38%-ban a PrVF-re. Néhány korábban begyűjtött fát elpusztultnak találtunk és kizártunk az elemzésből.

4.8. Filogenetikai elemzés

A CVA variabilitásának felmérésére a mobil fehérje filogenetikai elemzését végeztük el. A magyar CVA-változatok főként az I. csoportba csoportosultak az Indiából, Csehországból és Kanadából származó változatokkal, míg a III. csoportba a Kínából és Kanadából származó változatok mellett az édesceseresznyéből származó magyar változatok tartoztak. A PNRSV esetében a magyar RNS3 variánsok mind a PV96 csoportba tartoztak. Az 5' és 3' UTR-ek PrVF-elemzése nagy hasonlóságot mutatott az 5'UTR-ben és nagyobb diverzitást a 3'UTR-ben. Az RNS1 filogenetikai elemzés a magyar változatok szoros klasztereződését mutatta ki, az édesceseresznyéből származó változatok a kanadai változatokkal rokonok. Az RNS2 filogenetikai elemzés a magyar változatok klaszteresedését mutatta a cseh mintákkal, mind az édes-, mind a meggyből származó mintákkal, és a poliprotein-elemzés tovább erősítette a cseh változatokkal való szoros kapcsolatot.

5 MEGVITATÁS

5.1 A meggy gyümölcs tulajdonságai

A gyümölcsméretet a CPSCT038 és BPPCT034 SSR markerek segítségével elemeztük. A CPSCT038 marker esetében a 185 és 204 bp allélokhoz nagyobb gyümölcsök társultak, a 190 bp allélokhoz pedig kisebb gyümölcsök. A BPPCT034 az allélok szélesebb skáláját mutatta, a BPPCT034₂₀₄, BPPCT034₂₀₈ és BPPCT034₂₃₀ a kisebb gyümölcsökkel, míg a BPPCT034₂₃₇ a nagyobb gyümölcsökkel korrelált. Ezek az eredmények összhangban vannak a cseresznyével kapcsolatos korábbi vizsgálatokkal. Mindkét marker jelentősen befolyásolta a gyümölcs jellemzőit, például az átmérőt, a súlyt és a színt.

A gyümölcs színe tekintetében a Pav-Rf-SSR343 pozitívan korrelált a sötétebb gyümölcsökkel, míg a Ma039a marker vegyes korrelációt mutatott a színjellemzőkkel. Az LG3_13.146218 a sötétebb gyümölcsszínnel volt kapcsolatban. A PS1H3 marker nem hozott eredményt.

Az összes polifenoltartalom (TPC) a fajták között változott, a „Pipacs1” esetében volt a legmagasabb, míg a „Kántorjanosi 3” esetében a legalacsonyabb. A legsötétebb gyümölcsszín a 'Bosnyák', a legvilágosabb pedig a 'Hortenzia Királynője' esetében volt megfigyelhető. A húskeménységi és színadatok összhangban voltak a korábbi vizsgálatokkal, és a PCA a színmérők és a skálázási rendszerek közötti várt korrelációt mutatta.

Összességében az eredmények azt sugallják, hogy ezek az SSR markerek és a TPC-elemzések segíthetnek a meggyfajták kívánt tulajdonságok szerinti szelekciójában és nemesítésében.

5.2 Megvitatás a megyei vírusainak elemzéséről

5.2.1 Nagy áteresztőképességű szekvenálás és bioinformatikai elemzés

Három megyei könyvtárat elemeztünk, amelyek mindegyike körülbelül 18 millió szekvenált és trimmelt olvasatot tartalmazott. A nem redundáns olvasatok száma 1 és 1,6 millió között mozgott, az egyes kontigok száma 1,5 és 2,6 ezer között volt, ami nagy szekvencia-diverzitásra utal. Számos kontig megfelelt a cseresznyevírus A, a prunus necrotic ringspot vírus és a prunus vírus F vírusnak. A több mint 200 RPM-et és több mint 60%-os vírusgenom-lefedettséget tartalmazó kontigok előzetes eredményeket szolgáltatottak, amelyeket RT-PCR segítségével minden egyes vírus esetében megerősítettek.

5.2.2 RT-PCR validálási stratégia

A PNRSV, a CVA és a PrVF jelenlétének validálásához primereket terveztünk a CVA (NC_003689), a PNRSV RNS3 (NC_004364), a PrVF RNS1 (NC_039077) és a PrVF RNS2 (NC_039078) referencia genomjaiból. A diagnosztikai primerek között szerepelt a CVamp-Fm/Rm a CVA-ra, a Pncip F/R (Jarosova és Kundu, 2010) a PNRSV-re, és két készlet a PrVF-re, annak nagyfokú variabilitása miatt: PVF1-CAF/CAR és Fab-R2_1808_F/_2546_R. A PrVF esetében konszenzusos szekvenciákat használtunk a variancia kezelése érdekében. Tizenöt primert teszteltünk a PrVF-re, köztük a korábban hatékony PrVF2_5_F/_R-t. Ez a stratégia lehetővé tette mind az összevont, mind az egyedi minták elemzését.

5.2.3 Három könyvtár és egyedek RT-PCR validálása

Minden könyvtárat teszteltünk a CVA, a PNRSV és a PrVF tekintetében. A PNRSV mindhárom könyvtárban jelen volt, ahogy az a pollenszóródás miatt várható volt. A CVA hiányzott a 3_PC_E3-ban, ami az oltást valószínűsíti, mint lehetséges terjedési mechanizmust. Meglepő módon a PrVF is széles körben elterjedt volt, ami az első kimutatását jelenti Magyarországon. A CVA és a PNRSV a minták több mint 30%-ában, illetve 40%-ában volt kimutatható, ami a szaporítóanyaggal kapcsolatos lehetséges problémákra utal. A PrVF-et a minták 81%-ában találták meg, ami azt mutatja, hogy a megyében gyakori. Mindhárom vírussal vagy CVA-val és PrVF-fel vegyes fertőzés négy esetben fordult elő, de a szimpla fertőzések gyakoribbak voltak, ami arra utal, hogy bár a vegyes fertőzések ritkábbak, de előfordulhatnak.

5.2.4. A 2021-es és 2023-as meggygyűjtés összehasonlítása

2023-ban az 1_PC_E1, 2_PC_E2 és 3_PC_E3 könyvtárakból származó meggy mintákat újraelemeztük, beleértve az azonos kultivár összes növényét. Az 58 mintából 31%-ban volt CVA, 45%-ban PNRSV és 38%-ban PrVF. A CVA-fertőzöttség aránya a 2019. évvel megegyező maradt, míg a PNRSV a növények közel felét érintette. A PrVF kevésbé volt gyakori 2023-ban, ami valószínűleg a nagyfokú változékonyságának köszönhető, de a kimutatottnál elterjedtebb lehet. Emellett 19 fát találtak elpusztultnak, de a vírusok hatása a fák pusztulására nem egyértelmű, mivel a fák egy öntözetlen szántóföldön biotikus és abiotikus stressznek voltak kitéve.

5.2.5 A CVA, PNRSV és PrVF filogenetikai elemzése

A filogenetikai elemzés azt mutatta, hogy a CVA nagyfokú azonosságot mutatott az MP kódoló régiójában, így az összes meggyet az I. csoportba sorolta. A PNRSV RNS3 változatai a PV96 csoportba kerültek, szoros rokonságban a szlovák és spanyol változatokkal, ami helyi fertőzési forrásra utal. Mivel a PNRSV pollen útján terjed, valószínűleg ugyanazon a területen lévő fertőzött fákról terjedt. A PrVF esetében az 5' és 3' UTR régiók nagyfokú variabilitást mutattak, a magyar és cseh változatok szorosan csoportosultak. A PrVF RNS2 még nagyobb eltérést mutatott. A PrVF nagyfokú variabilitása megnehezíti az azonosítását, és a jobb kimutatáshoz többféle primer-készletre van szükség. Látens jellege minimális azonnali gazdaszervezeti választ, de nagy mutációs rátát feltételez. Szigorú elszigetelés és további vizsgálatok javasoltak.

6 KÖVETKEZTETÉSEK ÉS AJÁNLÁSOK

A csonthéjas gyümölcsök értékesnek számítanak a magyarországi kertészeti piacon, ezért az elemzés a gyümölcs méretére és színére összpontosított, amelyek kulcsfontosságú tényezők a nemesítők, a gazdák és a fogyasztók számára. A korábbi tanulmányokhoz képest a gyümölcs jellemzők és a genotípus közötti korrelációk alacsonyabbak voltak, ami valószínűleg a diploid és tetraploid minták közötti különbségeknek és a meggy tulajdonságainak poligénes jellegének köszönhető. Az MRA-elemzés alacsonyabb béta-koefficienseket mutatott a szín esetében, ami inkább poligénes, mint monogénes irányításra utal a *Prunus* fajoknál. A TPC gyümölcsfejlődésben betöltött szerepe figyelemre méltó, és a jövőbeni vizsgálatok az antioxidáns aktivitásra és az illékony vegyületekre is kiterjednek. A tanulmány megállapította, hogy a TPC és a szín pozitívan korrelál, csakúgy, mint a TPC a savassággal és a keménységgel. A további kutatások a talaj, az éghajlat és a genetikai tényezők kémiai összetételre gyakorolt hatását fogják vizsgálni. Ez a tanulmány segíti a magyar nemesítőket azzal, hogy eszközöket biztosít a korai szűréshez és a jobb tulajdonságokkal és stresszállósággal rendelkező új fajták kifejlesztéséhez.

Jelenleg egyetlen cseresznye nemesítési program sem irányul vírusrezisztens fajtákra, és a csonthéjas gyümölcsök vírusaival szembeni természetes rezisztenciát sem azonosítottak. A diagnosztikai eszközök, például a nagy áteresztőképességű szekvenálás fejlődésével a PrVF-et nemrégiben mutatták ki Magyarországon. Több törzs jelenléte egy fán befolyásolhatja a tünetek kialakulását, változó intenzitással és összetettséggel. A meggyültetvények magas PrVF előfordulást mutattak, és még a negatívnak bizonyult anyanövények is pozitívnak bizonyultak később. A vírusmentes anyag biztosítása érdekében rutinszerű szűrés és olyan módszerek, mint a merisztematikus szaporítás termoterápiával és kemoterápiával ajánlott. A PrVF levéltetvek és fertőzött oltványok útján terjedhet. A vírusmentes területek fenntartásához rovarmentes hálókra és sterilizált eszközökre van szükség. Míg a PNRSV gyakran jár tünetekkel, és pollen útján terjed, a CVA általában látens, és nehezebben kezelhető. A korai szűrés és a fertőzött anyagok eltávolítása segíthet a CVA terjedésének megfékezésében. A nagy áteresztőképességű szekvenálás a jövőben hasznosabb lehet, ahogy a költségek csökkennek, de az RT-PCR továbbra is alapvető fontosságú marad a vírus jelenlegi azonosításához és terjesztéséhez.

7 ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. A BPPCT034₂₀₄, a CPSCT038₂₀₄ és a CPSCT038₁₈₅ pozitív korrelációt mutatott a gyümölcsmérettel a meggy génbanki tételek között. A BPPCT034₂₃₀ negatív szelekciós allélként használható nemesítési célokra.
2. A kolorimetriás és kémiai elemzés a sötét színű „Bosnyák” és a magas TPC-tartalmú „Pipacs1” fajtát jó jelöltnek mutatta a jövőbeli nemesítő szelekcióra.
3. A meggyfák vírusfertőzöttségi státuszát a génbanki gyűjtemény tétéleiben és referencia fajtákban kis RNS HTS segítségével határoztuk meg és RT-PCR-rel validáltuk.
4. Három CVA, PNRSV és PrVF vírus került kimutatásra.
5. A PrVF jelenléte először került leírásra Magyarországon.
6. A PNRSV gyakori és növekvő jelenléte került kimutatásra a csíraplazmában, ami aggodalomra ad okot a szabadföldön lévő fertőzött növényekkel kapcsolatban.

8 PUBLIKÁCIÓK LISTÁJA

Publikációk:

•**Desiderio Francesco**; Szilágyi Sámuel; Békefi Zsuzsanna; Boronkay Gábor; Usenik Valentina; Milic Biserka; Mihali Cristina; Giurgiulescu Liviu “Polyphenolic and Fruit Colorimetric Analysis of Hungarian Sour Cherry Genebank Accessions” *Agriculture* (2077-0472): 13 (7) p. 1287 (2023)

•Szilágyi Sámuel; Horváth-Kupi Tünde; **Desiderio Francesco**; Kovácsné Békefi Zsuzsanna „Evaluation of sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivars for fruit size by FW_G2a QTL analysis and phenotypic characterization” *SCIENTIA HORTICULTURAE* (0304-4238 1879-1018): 292 Paper 110656. 5 p. (2022).

Előadások és poszterek:

•**Desiderio Francesco**; Szilágyi Sámuel; Boronkay Gábor; Lakatos Tamás; Békefi Zsuzsanna “Hidden treasures: Phenotyping and genotyping of Hungarian and Carpathian cherry landraces”, 2024 May 12-16, European Horticultural Congress (EHC 2024), S08 p. 51

•Szilágyi Sámuel; **Desiderio Francesco**; Békefi Zsuzsanna ‘Cseresznye gyümölcsméretének vizsgálata génbanki tételeken hagyományos és molekuláris genetikai módszerrel” 2023. évi Lippay János – Ormos Imre – Vas Károly (LOV) Tudományos Ülésszak összefoglalói Abstracts of János Lippay – Imre Ormos – Károly Vas (LOV) Scientific Meeting, 2023 Conference: Bp, Hungary 2023.11.16. (MATE Buda Campus) p. 37. (2024)

•**Desiderio Francesco**; Sámuel Szilágyi; Gábor Boronkay; Zsuzsanna Békefi “Germplasm Hunt: Sour cherry colour analysis with SSR markers” 2023. évi Lippay János – Ormos Imre – Vas Károly (LOV) Tudományos Ülésszak összefoglalói Abstracts of János Lippay – Imre Ormos – Károly Vas (LOV) Scientific Meeting, 2023 Conference: Bp, Hungary 2023.11.16. (MATE Buda Campus) p. 37. (2024)

•**Desiderio Francesco**; Szilágyi Sámuel; Kovácsné Békefi Zsuzsanna; Usenik Valentina; Milic Biserka; Giurgiulescu Liviu “Re-evaluation of traditional Hungarian stone fruits for integration in breeding programs” Conference: Danube Rectors’ Conference (DRC) Timisoara, Romania, 2023.10.19-20

•**Desiderio Francesco**; Szilágyi Sámuel; Boronkay Gábor; Kovácsné Békefi Zsuzsanna “Germplasm Hunt: Characterization of sour cherry collection for fruit size and colour” Conference: XVI Eucarpia Symposium on Fruit Breeding and Geentics, Dresden, Germany, 2023.09.11-16

•**Desiderio Francesco**; Nagyné Galbács Zsuzsanna; Várallyay Éva “Investigating the presence and distribution of PrVF in Hungarian sour and

sweet cherry” Conference: “25th International Conference on Virus and other graft transmissible diseases of Fruit crops”, Wageningen, The Netherlands, 2023.07. 9-13 Language: English

•**Desiderio Francesco**; Nagyné Galbács Zsuzsanna; Várallyay Éva “The detection of Prunus virus F and its distribution in Hungarian sour cherry orchards” Conference: I. Magyar Agrártudományi Doktoranduszok Szimpózium, Debrecen, Hungary, 2023.02.24-25

•**Desiderio Francesco**; Szilágyi Sámuel; Boronkay Gábor; Kovácsné Békefi Zsuzsanna “Germplasm hunt: Hungarian sour cherry analysis of fruit size and colour through phenotyping and SSR markers” Conference: XXIX Növénynevelési Tudományos Napok, Martonvásár, Hungary, 2023.04.26

•**Desiderio Francesco**; Nagyné Galbács Zsuzsanna; Várallyay Éva “New player in the field: Prunus virus F is present and spread in Hungarian cherry orchards” Conference: 32nd Plant Protection Forum Keszthely, Keszthely, Hungary, 2023.01.19-20

•**Desiderio Francesco**, Szilágyi Samuel, Békefi Zsuzsanna, Usenik Valentina, Milić Biserka, Giurgiulescu Luviu “Re-evaluation of traditional Hungarian stone fruits for integration in breeding programs” Conference: Danube Rectorate Conference (DRC) 2022, Maribor, Slovenia, 2022.11.09-11

•**Desiderio Francesco**, Galbacs Nagyné Zsuzsanna, Várallyay Éva “Prunus virus F is widespread in Hungarian sour cherry orchards” Conference: INTERNATIONAL ADVANCES IN PLANT VIROLOGY 2022, Ljubljana, Slovenia, 2022.10.05-07

•**Desiderio Francesco**, Galbacs Nagyné Zsuzsanna, Várallyay Éva “New Putative Viruses in Hungarian Sour Cherry Genebank Collection” Conference: 5th National Conference of Young Biotechnologists (FIBOK 2022) Gödöllő, Hungary 2022.04.11-12 (2022).

•**Desiderio Francesco**; Agyemang Duah Evans; Takács András Péter; Várallyay Éva “Prunus virus F is present in Hungarian sour cherries” Conference: HUNLIFE 2021, Eger, Hungary 2021.11.05-07 (2021).

További publikációk

•Szabó Luca Krisztina, **Desiderio Francesco**, Kirilla Zoltán, Hegedűs Attila, Várallyay Éva, Preininger Éva “Elimination of cherry virus A from Prunus domestica ‘Besztercei Bt. 2’ using in vitro techniques” PLANT CELL TISSUE AND ORGAN CULTURE (0167-6857 1573-5044): 157 Paper 45. (2024) <https://doi.org/10.1007/s11240-024-02770-0>

•Szabó Luca Krisztina; **Desiderio Francesco**; Kirilla Zoltán; Hegedűs Attila; Várallyay Éva; Preininger Éva “A mini-review on in vitro methods for virus

elimination from Prunus sp. fruit trees” PLANT CELL TISSUE AND ORGAN CULTURE (0167-6857 1573-5044): 156 2 Paper 42. (2023) <https://doi.org/10.1007/s11240-023-02670-9>

•Salamon Pál; Nagyné Galbács Zsuzsanna; Demián Emese; Achs Adam; Alaxin Peter; Predajna Lucas; Agyemang Duah Evans; **Desiderio Francesco**; Takács András Péter; Menzel Wulf; Skoric Dijana; Glasa Miroslav; Várallyay Éva “Clematis vitalba is a Natural Host of the Novel Ilarvirus, Prunus virus I” Viruses (1999-4915): 15 (9) paper 1964 16p. (2023) <https://doi.org/10.3390/v15091964>

•Varjas Virág; Izsépi Ferenc; Tóth Tímea; Szilágyi Sámuel; **Desiderio Francesco**; Vajna László “A manduala új kórokozója (Diaporthe amygdali) az őszibarackot is károsítja – fungicide hatásvizsgálat az eredményes védekezésért” Növényvédelem (0133-0829): 83 (N.S. 58) (7) pp 289-269 (2022)

•Kalmár Klementina; **Desiderio Francesco**; Varjas Virág „First report of Erysiphe corylacearum causing powdery mildew on hazelnut in Hungary” Plant Disease (0191-2917 1943-7692) (2022). Language: English <https://doi.org/10.1094/PDIS-12-21-2737-PDN>

•Bujdosó Géza; Nagy Ferenc; **Desiderio Francesco**; Kovácsné Békefi Zsuzsanna „Le cultivar di ciliegio dolce derivate dal miglioramento genetico ungherese: Hungarian bred sweet cherry cultivars.” FRUTTICOLTURA (0016-2310): 4 Speciale ciliegio pp 26-30 (2021).

További prezentációk és poszterek

•Békefi Zsuzsanna; Keleta Belay Tewelmehedin; **Desiderio Francesco**; Szilágyi Sámuel; Szalay Laszlo “Characterisation of chilling and heat requirement of accessions from the Hungarian almond Genebank”, 2024 May 12-16, European Horticultural Congress (EHC 2024), S08 p. 77

•**Desiderio Francesco**; Szilágyi Sámuel; Kovácsné Békefi Zsuzsanna “Blind test for sweet and sour cherry preference in Érd, Elvira major” Conference: XXIX Ifjúsági Tudományos Fórum Keszthely, Hungary, 2023.06.08

•Kalmár Klementina; **Desiderio Francesco**; Németh Z. Márk; Varjas Virág “A mogyorót fertőző új lisztharmatgomba (Erysiphe corylacearum) előfordulása hazánkban” Conference: Hungarian plant protection society, Növényvédelmi Tudományos Napok, Budapest, Hungary, 2023.02.21

•**Desiderio Francesco**; Agyemang Duah Evans; Demián Emese; Takács András Péter; Pal Salamon; Várallyay Éva “Symptoms on Clematis vitalba can be a reason of Prunus virus I infection.” Conference: GBI Napok, Gödöllő, Hungary, 2021.12.14. (2021).

- Szabó Luca Krisztina; **Desiderio Francesco**; Preininger Éva; Várallyay Éva “In Vitro Kemoterápia És Hőkezelés Hatása Csonthéjasok Vírusmentesítésére” Conference: 5th National Conference of Young Biotechnologists (FIBOK 2022) Gödöllő, Hungary 2022.04.11-12 (2022).
- Agyemang Duah Evans; **Desiderio Francesco**; Demián Emese; Takács András Péter; Pal Salamon; Várallyay Éva „Symptom on Clematis vitalba could be a reason for an infection with Prunus virus” Conference: HUNLIFE 2021, Eger, Hungary 2021.11.05-07 (2021).
- Agyemang Duah Evans; **Desiderio Francesco**; Emese Demian; Takács András Péter; Pal Salamon; Várallyay Éva “Putative Ilarvirus found in Clematis vitalba showing virus-like symptoms” Conference: XXIV. Tavaszi Szél Konferencia (DOSZ) Miskolc-Egyetemváros, Hungary 2021.05.28-30. (2021).
- Agyemang Duah Evans; **Desiderio Francesco**; Emese Demian; Takács András Péter; Pal Salamon; Várallyay Éva “Searching for the causative agent of a viral-like symptom in Clematis vitalba”. Conference: Fiatal RNS Kutatók Fóruma 2021 - online konferencia. Forum for Young RNA Investigators 2021 - online conference. Budapest, Hungary 2021.03.22. pp 2-2 (2021).