



Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

**A GOMBAKÖZÖSSÉGEK TÁJLÉPTÉKŰ
SZERVEZŐDÉSÉT MEGHATÁROZÓ TÉNYEZŐK
VIZSGÁLATA A SZŐLŐ (*VITIS VINIFERA*) ÉS A
TERMESZTETT, ILLETVE FÉLTERMÉSZETES
ÉLŐHELYEKEN ÉLŐ RÓZSAFÉLÉK (*ROSACEAE*)
ÉLŐHELYMOZAIKJÁBAN**

Doktori (PhD) értekezés tézisei

LEPRES LUCA ANNAMÁRIA

Gödöllő

2026

A doktori iskola: Természettudományok Doktori Iskola

doktori program: Környezettudományi Doktori Program

tudományága: Környezettudományok

vezetője: Csákiné Prof. Dr. Michéli Erika
az MTA rendes tagja, egyetemi tanár
MATE Környezettudományi Intézet

Témavezetők: Dr. Geml József
az MTA doktora, tudományos tanácsadó, kutatócsoport
vezető, Eszterházy Károly Katolikus Egyetem KFK,
Élelmiszertudományi és Borászati Tudásközpont HUN-
REN-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom
Kutatócsoport

Dr. Táncsis András
az MTA doktora, egyetemi tanár, tanszékvezető
MATE Akvakultúra és Környezetbiztonsági Intézet,
Molekuláris Ökológia Tanszék

.....

.....

Az iskolavezető jóváhagyása

A témavezető jóváhagyása

.....

A témavezető jóváhagyása

MUNKA ELŐZMÉNYEI ÉS CÉLKITŰZÉSEK

A szőlőtermesztés egyik legsúlyosabb kihívása a fokozott érzékenysége a különböző mikroorganizmusok – például vírusok, baktériumok és gombák – okozta fertőzésekkel szemben, amelyek jelentős gazdasági károkat okozhatnak az ültetvényekben (PERAZZOLI et al. 2022). A növények, így köztük a szőlő (*Vitis vinifera*) egészségi állapotát komplex tényezők befolyásolják, beleértve a termőhelyi adottságokat, a klimatikus tényezőket, az agronómiai gyakorlatokat (pl. metszéspólya, sorközművelés, növényvédelem), valamint az ültetvényeket körülvevő természetes és féltermészetes vegetáció szerkezetét (GRIGGS et al. 2021).

A mikrobiom összetételére a növény genotípusán túl jelentős hatással van a vegetációs környezet, nemcsak a mikroklímát alakítja, hanem olyan gazdanövényeket is kínál, amelyek egymásra negatív és pozitív hatással is lehetnek. Ezen kívül a mikrobiális közösségek közötti versengés és együttműködés, valamint a vektorok által történő terjesztés is befolyásolja a gombaközösségek dinamikáját (BULGARELLI et al. 2015, SAMAD et al. 2017, POITOU et al. 2017).

Mindezek miatt doktori kutatásom középpontjába a szőlő, valamint annak szomszédságában termesztett és őshonos gyümölcsstermő növények – úgymint a kajszibarack (*Prunus armeniaca*), a körte (*Pyrus communis*), a gyepűrózsa (*Rosa canina*) és a kökény (*Prunus spinosa*) – leveleiben és fás szöveteiben élő gombaközösségek közötti kapcsolatrendszer feltárását állítom.

Kutatásom célja annak megértése, hogy e mikrobiális közösségek szerveződését és változékonyságát elsősorban abiotikus tényezők (pl. termőhely, szezonális, évszám) vagy biotikus hatások (pl. gazdanövény-faj, szomszédos növények jelenléte és térbeli közelsége) alakítják-e. Továbbá arra keresek választ, hogy az egymás mellett élő növényfajok oszthatnak-e közös, gazdasági jelentőségű kórokozókban.

Mivel a szőlő Magyarország egyik legfontosabb kultúrnövénye, kutatásom egyik kiemelt törekvése tökeelhalásos betegségeket (*Grapevine Trunk Diseases, GTDs*) okozó gombák jelenlétének vizsgálata a tájmozaikban együtt élő más gyümölcsstermő növényekben. Korábbi tanulmányok rámutatnak arra, hogy a szőlőben tüneteket okozó patogének – például az *Eutypa* és *Phaeoacremonium* nemzetségek fajtái – más gazdanövényekben is képesek fás szöveti károsodást előidézni (MUNKVOLD 2001, DAMM et al. 2008, CLOETE et al. 2011, GUARNACCIA et al. 2022). Ez indokolja a tájszintű, holisztikus megközelítés alkalmazását, amely egyidejűleg veszi figyelembe a mikroéletterek sajátosságait, a gazdanövény-fajok közötti kölcsönhatásokat, a termőhelyi adottságokat, a szezonális változásokat és az évszám hatásokat.

E komplex megközelítéssel a kutatás célja, hogy új nézőpontból járuljon hozzá a vizsgált növényekhez kapcsolódó gombaközösségek megértéséhez. Az

eredmények várhatóan hozzájárulnak a fás szövetekben és a levelekben élő gombák ökológiai működésének pontosabb értelmezéséhez, valamint a szőlő és környező növényfajok egészségét befolyásoló kapcsolatrendszerek feltárásához, amely hosszú távon a fenntartható szőlőtermesztés ökológiai alapjait is erősítheti.

Összefoglalva a célkitűzéseim a következők:

1. Annak meghatározása, hogy a gombaközösségek alakulását elsősorban abiotikus (termőhely, szezonáltság, évjárat) vagy biotikus tényezők (gazdanövény faja, szomszédos növények jelenléte és térbeli közelsége) befolyásolják-e
2. A különböző gazdanövények (szőlő, kajszibarack, körte, gyepűrózsa, kökény) leveleiben és fás szöveteiben található gombaközösségek összehasonlítása
3. Annak elemzése, hogy az egymás mellett élő növényfajok osztozhatnak-e közös, gazdasági jelentőségű patogénekből
4. A szőlő tőkeelhalásos betegségeihez kapcsolódó kórokozók jelenlétének feltárása a szőlőültetvények környezetében élő vadon élő és termesztett gyümölcsstermő növényekben
5. Minden vizsgált növényfaj esetében a *core* mikrobiom meghatározása és összehasonlítása és a stabil, fajspecifikus gombakomponensek elkülönítése
6. Az indikátor faj elemzés alkalmazása a növényfajokhoz vagy mintavételi időpontokhoz szorosan kötődő gombák azonosítására, a gombaközösségek szerveződését irányító ökológiai folyamatok feltárásához

ANYAG ÉS MÓDSZER

Mintavételi területek

A mintavételezés az Egri borvidék két dűlőjében történt: a Kőlyuktető-dűlőben (47,863232 É. 20,385180 K. tengerszint feletti magasság: 175 m) és a Mihálynagytető-dűlőben (47,839640 É. 20,371429 K. tengerszint feletti magasság: 224 m). A kutatási területek Eger város peremén helyezkednek el, annak déli oldalán a zártkertes övezetben, ahol a szőlőművelés a középkori erdőirtást követően alakult ki, és mindmáig mozaikszerű mintázatot mutat (BARANYAI et al. 2017, KOVÁCS et al. 2019). A szőlőültetvények közvetlen közelében erdős, gyepes vagy lakóterületi foltok találhatók, amelyek különböző ökológiai feltételeket teremtenek, és ezek befolyásolhatják a mikrobiális közösségek szerkezetét. Vannak nagyobb, kizárólag szőlőtermesztésre használt területek, de számos kisebb kertes telek is, amelyeket szőlővel vagy más kultúrnövényekkel ültettek be. A mintavételezés tehát jól kezelt szőlőültetvényekben és gyümölcsösökben zajlott, amelyek mozaikos tájba ágyazódnak, ahol a művelt területek korai szukcessziós, félig természetes élőhelyekkel váltakoznak, amelyeket őshonos cserjék, például gyepűrózsa és kökény uralnak. A gyümölcsfák és a szőlőültetvények konvencionális növényvédelemben részesültek.

Mintavétel és mintavételi stratégia

Öt növényfajból mintavételeztünk. Ezek a szőlő, a kajsziбарack, a körte, a gyepűrózsa és a kökény voltak, mely növények a két kiválasztott dűlőben, egymás szomszédságában, termesztett ültetvények és féltermészetes foltok mozaikjaként fordultak elő, így alkalmasak voltak a gombaközösségek és a gomba patogének lehetséges áramlásának és közösségének vizsgálatára. A szőlő mellett kiválasztott kultúrnövények (körte, kajsziбарack) kiválasztását alapvetően a mintavételi területek valós tájmozaikos fajösszetétele indokolta. Azonban a szakirodalmi adatok alapján a körtében és a szőlőben több közös, fás betegségeket okozó patogén is előfordul (GUARNACCIA et al. 2022). Így ez a választás fitopatológiai szempontból is releváns volt. A kajsziбарack kiválasztását az indokolta, hogy Mihálynagytetőn kajszi ültetvény található, továbbá a kajszi – a szőlőhöz hasonlóan – erősen érintett a fás betegségek okozta pusztulásban, és több tanulmány a csonthéjasok és kifejezetten a kajszi esetében is igazolta a két kultúra közös gomba patogénjeit (DAMM et al. 2008). Míg a vadon élő gyümölcsstermő cserjék (gyepűrózsa, kökény) kiválasztását Magyarország ruderális területein tapasztalható gyakori előfordulásuk miatt történt.

Az első mintavétel 2021 márciusában történt, majd ezt megismételtük júniusban és szeptemberben és a következő évben ugyanígy. Az első mintavétel alkalmával a random módon választott növényeket megjelöltük és a további mintavételezések során ugyanazokból a növényből vettünk mintát. Minden növény esetében két különböző mintavételi forrásból vettünk mintát: a levelekből és a fás részekből (beleértve a kérget, a kambiumot és a szíjácsot) amelyeket egy ágrész kivágásával gyűjtöttünk be. Júniusban és szeptemberben levelekből és fás részekből gyűjtöttünk mintákat, míg márciusban csak a fás részekből, a levelek hiánya miatt. Összesen 490 mintát gyűjtöttünk tünetmentes növényekből a két különböző mintavételi területen a 2021-es és 2022-es vegetációs időszak során, ebből 196 minta levélből, 294 minta pedig fás részekből származott. Összesen 90 szőlő, 66 kökény, 60 gyepürózsa, 42 körte és 36 kajszibarack fás minta gyűlt össze, míg 60 szőlő, 44 kökény, 40 gyepürózsa, 28 körte és 24 kajszibarack levélminta került begyűjtésre a júniusi és szeptemberi mintavételi időpontokban az említett mintavételi éveken.

A cserjés területtől való távolság hatását a szőlőültetvények gombaközösségére két szőlősorból származó minták alapján értékeltük. Mintákat vettünk a cserjés társuláshoz közel elhelyezkedő szőlőtőkékéből és az attól távolabb elhelyezkedő, két szőlőtökéből. A minták olyan szőlőültetvényből származnak, amelynek egyik oldala cserjés társulással határos, a többi oldala viszont művelt területekkel, szőlőültetvénnyel és almatermésűekből álló gyümölcsössel volt szomszédos. A mintavétel ebben az esetben is márciusban, júniusban és szeptemberben történt. A cserjéhez közeli szőlők 5 m-re, a távolabbiak pedig 80 m-re helyezkedtek el a cserjés területtől.

DNS-kivonás, PCR és szekvenálás

A terepi mintavételt követően a mintákat azonnal laboratóriumba szállítottuk, ahol $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ -on tároltuk őket. Ezt követően 72 órán keresztül vákuum alatt fagyasztva szárítottuk a teljes kiszáradás biztosítása érdekében, majd acélgolyós homogenizátorral (tissue lyser) porítottuk. A genomi DNS-t mintánként körülbelül 20 mg liofilezett és homogenizált növényi anyagból vontuk ki Plant DNA Isolation Kit segítségével (Macherey-Nagel GmbH & Co., Düren, Németország). A kinyert DNS koncentrációját és tisztaságát NanoDrop 2000 spektrofotométerrel (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) határoztuk meg.

Az rDNS ITS2 régióját minden mintából PCR-rel amplifikálták fITS7 (IHRMARK et al. 2012) és ITS4 (WHITE et al. 1990) primerekkel, amelyekhez Illumina overhang adapter szekvenciákat csatoltak (Illumina, San Diego, CA, USA). A PCR-reakciók 25 μL -es térfogatban zajlottak, 12,5 μL KAPA HiFi HotStart ReadyMix, 0,5 μM mindkét primer, 1 μL (~10 ng) templát DNS és nukleázmentes víz felhasználásával. A PCR-ciklusok a következőképpen történtek: kezdeti denaturálás $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ -on 3 percre, majd 25–

32 ciklus (95 °C 30 s, 56 °C 30 s, 72 °C 30 s), végül záró elongáció 72 °C-on 5 percig. A minták azonosításához második PCR-t is végeztek ugyanazokkal a primerekkel, amelyeket Illumina Nextera™ DNA CD Index szekvenciákkal egészítettek ki az Illumina kettős indexelési (*dual-indexing*) stratégiájának megfelelően. A PCR-termékeket AMPure XP mágneses gyöngyökkel (Beckman Coulter) tisztították, majd Qubit™ dsDNA HS Assay Kit-tel (Thermo Fisher Scientific) kvantifikálták, és a Qubit-mérések alapján ekvimolárisan összekeverték. A végső könyvtárak minőségét Agilent 2100 Bioanalyzer és High Sensitivity DNA Kit segítségével ellenőrizték. A szekvenálást Illumina MiSeq platformon, MiSeq Reagent Kit v2 (500 cycles) felhasználásával végezték, amely 250 bp hosszúságú páros végű olvasatokat (*paired-end reads*) generált. Minden molekuláris eljárást – a PCR-amplifikációt, adapter ligálást, könyvtárkészítést, minőségellenőrzést és szekvenálást a BIOMI Kft. (Gödöllő, Magyarország) végezte az Illumina standard amplicon szekvenálási protokolljai szerint.

Bioinformatikai feldolgozás

A nyers DNS-szekvenciákat a *dada2* csomag (CALLAHAN et al. 2016) segítségével dolgoztuk fel. Ez a módszer – az OTU-alapú klaszterezéssel ellentétben – megbízhatóan kiszűri a hibás szekvenciákat, miközben a finomléptékű genetikai variabilitás megőrzésével egyedi ASV-eket hoz létre. Ez lehetővé teszi a gombák intra- és interspecifikus genetikai változatosságának pontos rögzítését, és törzsszintű (*strain-level*) elemzéseket tesz lehetővé. A szekvenciák minőségi profiljának vizuális ellenőrzése alapján a *forward* és *reverse* olvasatokat rendre 240 és 200 bázispárnál vágtuk le, hogy a gyengébb minőségű szakaszokat eltávolítsuk, miközben a magas minőségű adatokat megtartsuk. A szekvenciákat ezután minőségi szűrésnek vetettük alá, majd a páros olvasatokat összeillesztettük, a kiméra szekvenciákat eltávolítottuk és a kapott ASV-eket azonosítottuk az alapértelmezett beállítások használatával.

A taxonómiai besorolást USEARCH v11 (EDGAR 2010) programmal végeztük a UNITE referenciaadatbázis (KÖLJALG et al. 2013) alapján, amely dinamikusan definiált gombafaj-hipotéziseket tartalmaz. Mivel a 2021-ben gyűjtött mintákból származó szekvenciaadatok feldolgozása korábban történt, ezek taxonómiai azonosítása a UNITE 2023. július 25-i verziója alapján zajlott. A 2022-es szekvenciaadatok feldolgozását követően, az egységes összehasonlíthatóság érdekében mindkét év adatkészletét újra feldolgoztuk a UNITE 2025. február 19-i verziójának felhasználásával. A taxonómiai azonosítás minimum 80% szekvencia hasonlóság alapján történt.

A gombák funkcionális csoportosítását a FungalTraits adatbázis gondozott és rendszeresen frissített adatkészlete alapján határoztuk meg (PÖLME et al. 2020), kisebb módosításokkal: a nem avar- és farontó szaprotrófokat (például nektár vagy nedvszaprotrofokat, korompenészeket, talajszaprotrófokat és nem

definiált szaprotrófokat) általánosan „szaprotrófokként” kezeltük, valamint a nem patogén, levélhez kötődő epifita és endofita gombákat pedig egységesen a „levél gombák” kategóriába soroltuk az 2021-es adatok feldolgozása során.

Statisztikai elemzések

Amennyiben másként nem jelzem, az összes statisztikai elemzést az R szoftverkörnyezetben végeztem. Azokat a mintákat, amelyek kevesebb, mint 1000 gombaszekvenciát tartalmaztak, kizártuk az elemzésekből. A közösségi mátrixot ritkításos normalizálással egységesítettük – véletlen mintavétellel a legkisebb könyvtárméretre – a *vegan* csomag *rrarefy* függvényével (OKSANEN et al. 2007). Az ebben a tanulmányban elemzett összes gomba-ASV szekvenciát a GenBank adatbázisban helyeztük el. Az ASV-k szekvenciái az alábbi hozzáférési számokon elérhetőek: KIWX01000001–KIWX01004386 és KJJA00000000. Emellett BioProject is létrehozásra került (PRJNA1193836 és PRJNA1347291).

Mivel a gombaközösségek jelentősen különböztek ($p < 0,0001$) a levelek és a fás szövetek között, a két szövettípus közösségeit külön elemeztük a gazdanövény, az évszak és a helyszín hatásainak vizsgálatkor. A kategóriaváltozók (például a gazdanövény-faj) hatását az ASV-gazdagságra és az ASV-k relatív abundanciájára egytényezős és kéttényezős varianciaanalízissel (ANOVA) vizsgáltuk. Csak azokat a tényezőket vontuk be a kétszemponos modellekbe, amelyek az egyszemponos ANOVA-ban szignifikáns hatást mutattak. A páronkénti különbségeket Tukey-féle HSD-teszttel határoztuk meg.

A minták közötti összetételbeli különbségeket nemmetrikus többdimenziós skálázással (NMDS) vizualizáltuk Bray–Curtis távolságmátrixon, a relatív abundanciaadatokat Hellinger-transzformációval előfeldolgozva. Az elemzést a *metaMDS* függvénnyel végeztük 999 permutációval. A csoportok közötti különbségek vizsgálatára permutációs többváltozós varianciaanalízist (PERMANOVA) alkalmaztunk az *adonis* függvény segítségével (9999 permutáció), hogy megbecsüljük a gazdanövény, a mintavételi hely és a mintavételi időpont által magyarázott variancia arányát. A kategóriaváltozók hatását önállóan és kombináltan is teszteltük, figyelembe véve az esetleges korrelációkat.

A vizsgált növényfajok közös patogénjeihez, a GTD-kórokozókhoz, valamint a *core* mikrobiomhoz tartozó ASV-k átfedését Euler és Venn-diagramokkal szemléltettük, a háromhalmazos diagramokat BioVenn (HULSEN et al. 2008) alkalmazás segítségével készítettük el. Mivel a GTD-patogének elsősorban a szőlő évelő, fás szöveit kolonizálják, és metszési sebek vagy mechanikai sérülések útján fertőznek (ROLSHAUSEN ÉS KIYOMOTO 2012) az erre vonatkozó elemzéseket kizárólag a fás mintákra korlátoztuk. Azokat a gombanemzetségeket, amelyekről korábbi szakirodalmi adatok alapján ismert,

hogy GTD-t okoznak, GTD-hez kapcsolódó nemzetségként kezeltük (GEIGER et al. 2022).

A *core* mikrobiom meghatározását a fás növényi részekből gyűjtött minták alapján, jelenlét–hiány adatok felhasználásával végeztem. A *core* tagok közé azok a taxonok (ASV-k) kerültek, amelyek az összes vizsgált minta legalább 80%-ában jelen voltak. Ez a küszöbérték lehetővé tette a mikrobiális közösségek stabil, a gazdanövényhez szorosan kötődő és időben állandó komponenseinek azonosítását. A fás szövetek használata indokolt volt, mivel ezek a növényi részek hosszú életűek, és mikrobiomjuk a korábbi eredmények szerint időben stabilabb, mint a leveleké, így megbízhatóbb alapot nyújtanak a növényre jellemző, állandó mikrobiális komponensek feltárásához. A *core* mikrobiom tagjainak kördiagrammal történő vizualizálását a *tidyverse*, *dplyr*, *reshape2*, *ggplot2* és *RColorBrewer* csomagok felhasználásával végeztem.

Az indikátor faj elemzést az *indicspecies* (DUFRENE és LEGENDRE 1997, DE CÁCERES et al. 2012) és *vegan* csomagok felhasználásával végeztem. A normalizált adathalmazt a *decostand()* függvénnyel alakítottam át Hellinger-transzformációval, majd az *multipatt()* függvény segítségével határoztam meg a különböző csoportokhoz tartozó indikátor fajokat, 999 permutációval. Kétféle csoportosítás alapján végeztem az elemzést: (1) a vizsgált öt növényfaj alkotta az öt külön csoportot, valamint (2) növényenként a három mintavételi időpont (március, június, szeptember) képezte a csoportokat, amelyeket egymással hasonlítottam össze. Ez lehetővé tette mind a gazdanövény-, mind az időbeli hatások elkülönítését és a specifikus indikátor fajok azonosítását a fás részekben.

EREDMÉNYEK ÉS AZOK MEGBESZÉLÉSE

A gombák fajgazdagságának és abundanciájának mintázatai a levél- és fás szövetekben

A különböző gazdanövényekhez kötődő gombaközösségek ASV gazdagsága és abundanciája a különböző mikroéletterekben (fás részek és levelek) jelentős eltéréseket mutatott. A fás mintákban az ASV-gazdagság minden funkcionális csoport esetében szignifikáns különbségeket mutatott a gazdanövények között, kivéve az avarbontó szaprotrófokat. Ezzel szemben a levélmintákban szignifikáns különbség csak egy funkcionális csoportban, a levélgombák esetében volt megfigyelhető. A levélminták bőségében egyik funkcionális csoport esetében sem mutatkozott szignifikáns különbség a gazdanövények között, míg a fás mintákban minden funkcionális csoportnál szignifikáns eltérések voltak a gazdanövények között, kivéve a zuzmókat. Eredményeink alapján, tehát szignifikáns különbségek a fajgazdagságban kizárólag a fás részekben voltak kimutathatók. Egy, a szőlőültetvények és erdőfoltok határán elhelyezkedő levélgombaközösségeket vizsgáló tanulmány nem talált szignifikáns különbséget a szőlőlevelek és az erdei fafajok leveleinek gombafaj-gazdagsága között a nyári hónapokban (FORT et al. 2016). Ez összhangban van eredményeinkkel, mivel a júniusi és kora szeptemberi levélminták között sem mutattunk ki szignifikáns eltérést a vizsgált növényekben. Egy másik tanulmány szintén azt találta, hogy az erdők és szőlők között a levélgombák diverzitási indexei hasonlóak, de a közösségek szerkezete eltérő volt az élőhelyek között. A kutatás magyarázata szerint a mezőgazdasági gyakorlatok nem a diverzitást, hanem a gombaközösségek szerkezetét befolyásolják a szőlőben (CASTAÑEDA et al. 2018). Az abundancia és a fajgazdagság a fás részekben mutatott nagyobb változatosságot a gazdanövények között. Ez egyrészt a fás részek állandóságával magyarázható, másrészt azzal, hogy a kéreg potenciálisan fontos áttelelő mikroélelőhelyet biztosít számos gombafaj számára (GROVE et al. 2004, CREGGER et al. 2018, GEIGER et al. 2022). Az olajfák gombaközösségeit vizsgáló tanulmány hasonló eredményekre jutott, miszerint a virágokhoz és termésekhez képest a levelekben magasabb diverzitási értékeket találtak, évszaktól függetlenül. Mivel az olajfa örökzöld, a levelek évszaktól függetlenül jelen vannak, így képesek egy kiegyensúlyozott gombaközösség kialakítására (ABDELFAH et al. 2015). Lombhullató fák és cserjék esetében ez a megfigyelés inkább a fás részek és a levelek közötti különbségben nyilvánul meg, mivel ez esetben a fás részek nem változnak évszakosan.

A gombaközösségek összetételét meghatározó tényezők a levelekben és a fás szövetekben: gazdanövény kontra környezeti tényezők

Megvizsgáltuk hogyan hat a gazdanövény, a mintavételi terület és a mintavétel ideje a domináns funkcionális csoportok – mint a növénypatogének, a generalista szaprotrófok, az avarbontó szaprotrófok és a farontó szaprotrófok – gombaközösségeinek összetételére. A PERMANOVA eredményei azt mutatták, hogy mindhárom tényező (gazdanövény, mintavételi terület, mintavétel ideje) szignifikáns hatással volt a gombaközösségek összetételére, mind az összes gomba esetében, mind a vizsgált domináns funkcionális csoportok külön-külön elemzésekor. A levelekben a mintavétel időpontja – amely két különböző évszakban (nyáron és ősszel) történt – gyakorolta a legnagyobb hatást a gombaközösségek összetételének varianciájára, a teljes variancia 16,3%-át magyarázva. A három tényező közül a gazdanövény gyakorolta a második legerősebb hatást ($R^2 = 10,3\%$, $p = 0,0001$), míg a mintavételi terület bár kisebb mértékben, de szintén szignifikáns tényező volt ($R^2 = 7\%$, $p = 0,0001$). Ez a mintázat a növénypatogének esetében is megfigyelhető. Ebben az esetben azonban a mintavételi időpont messze a legmeghatározóbb tényező volt, amely a variancia 26%-át magyarázta. Ezt követte a gazdanövény ($R^2 = 7,6\%$, $p = 0,0174$), majd a mintavételi helyszín ($R^2 = 4,5\%$, $p = 0,0017$). Ezzel szemben a szaprotrófok esetében a gazdanövény bizonyult a legdominánsabb tényezőnek, a variancia 9,8%-ának magyarázatával. A legkevésbé befolyásoló tényező a mintavételi időpont volt ($R^2 = 4,7\%$, $p = 0,0001$), míg a mintavételi helyszín a második legfontosabbnak bizonyult ($R^2 = 6,3\%$, $p = 0,0001$). Ez a trend ismét változott az avarbontó szaprotrófok esetében, ahol a gazdanövény ($R^2 = 12,4\%$, $p = 0,0001$) után a mintavételi időpont ($R^2 = 8,4\%$, $p = 0,0001$) volt a második legerősebb tényező, majd ezt követte a terület ($R^2 = 6,5\%$, $p = 0,0001$).

A fás részekben a gazdanövény hatása bizonyult a legmeghatározóbbnak a gombaközösségek összetételére ($R^2 = 15,7\%$, $p = 0,0001$), ezt követte a mintavételi helyszín ($R^2 = 5,1\%$, $p = 0,0001$), majd a mintavételi időpont ($R^2 = 4,8\%$, $p = 0,0001$). A fás részekből származó fitopatogén gombaközösségek összetételét szintén erősen befolyásolta a gazdanövény faja, amely a variancia 13,6%-át magyarázta. Ebben az esetben azonban a mintavételi helyszín és a mintavételi időpont közel azonos mértékben járult hozzá a közösségi varianciához: a helyszín 5,4%-ot, az időpont 5,5%-ot magyarázott. A szaprotrófok összetételét a fa mintákban elsősorban a gazdanövény határozta meg ($R^2 = 12,4\%$, $p = 0,0001$). Ezt a mintavételi időpont követte ($R^2 = 7,7\%$, $p = 0,0001$), nem pedig a helyszín, ahogyan az a levelek esetében megfigyelhető volt. A farontó szaprotrófok esetében szintén a gazdanövény volt a meghatározó tényező ($R^2 = 11,8\%$, $p = 0,0001$), ezt követte a mintavételi időpont ($R^2 = 5,6\%$, $p = 0,0001$) és végül a helyszín ($R^2 = 2,7\%$, $p = 0,0003$). A PERMANOVA-elemzés szerint a gazdanövény volt a legdominánsabb faktor, amely alakította a fás szövetek gombaközösségeit. A gazdanövény

fajának fa-mikrobiomra gyakorolt jelentős hatását Krah és munkatársai (2018) is igazolták, akik kimutatták, hogy a gazdanövény faja meghatározóbb a fa gombaközösségeire, mint a környezeti tényezőké. Bár a gazdanövény faja a levelekhez kötődő gombákra is szignifikáns hatással volt, esetükben a szezonális bizonyult az elsődleges befolyásoló tényezőnek. A mintavételi terület szignifikánsan hozzájárult a levél- és fás minták gombaközösségeinek variációjához, azonban hatása kevésbé bizonyult meghatározónak a másik két változóhoz képest.

A levelek esetében eredményeink nem teljesen egyeznek más vizsgálatokkal, amelyek több élőhelyen és különböző időpontokban vizsgálták a levélgombaközösségek összetételét és dinamikáját. Ezek szerint a gazdanövény és a szöveti niche fontosabb tényező a közösség szerkezet alakításában, mint az évszak. Bár a szezonális szignifikáns hatást gyakorol a mikrobiális közösségekre, a szezonok közötti különbség kisebb, mint a gazdanövények közötti eltérés. Az évszak és a gazdanövény kölcsönhatása kevesebb variációt magyaráz, mint önmagában a gazdanövény-fajhoz tartozás (LI et al. 2022, HE et al. 2023). A növénypatogén gombaközösségek esetében a levelekben az évszak szintén erősebb hatású volt, mint a fás részekben, amit több tanulmány is alátámaszt. Ezek a vizsgálatok kiemelik, hogy a fitopatogén levélgombaközösségek szezonális szukcessziós mintázatokat mutatnak, mivel minden tenyészidőszakban újonnan képződő levelekbe települnek. Ez különösen a lombhullató fajoknál figyelhető meg, ahol a gombák minden tavasszal újra kolonizálják a leveleket (TANUNCHAI et al. 2022, VANWALLEENDAEL et al. 2022). Ezzel szemben a fás részekben a szerkezeti stabilitás miatt a szezonális változások kevésbé meghatározóak. Ezek az eredmények hangsúlyozzák, hogy míg a levelekben a gombaközösségek, dinamikusak és szezonálisan változnak, addig a fás részekben stabilabb közösségek találhatók. A levelek és a fás részek közötti különbségek a niche-alapú folyamatoknak is köszönhetőek, mivel számos gombafaj specializálódik egy-egy növényi szövettípusra (MARTÍNEZ-DIZ et al. 2019, MOLNÁR et al. 2022, GEIGER et al. 2022).

A termőterület – mint a terroir egyik komponense – jelentős szerepet játszik a szőlő gombaközösségeinek alakításában (GEIGER et al. 2022, LEAL et al. 2024). A vizsgálat eredményei szignifikáns különbségeket tártak fel a két mintavételi helyszínen (Kölyuktető és Mihálynagytető dűlő) gombaközösségei között. Tekintettel arra, hogy a két terület földrajzilag egymáshoz közel fekszik, és hasonló időjárási viszonyok jellemzik, az eltérések valószínűleg nem klimatikus eredetűek. Inkább a talajtípus, a domborzat, a növényzet összetétele és a művelési gyakorlatok különbségei járulhattak hozzá. Ezt korábbi kutatások is alátámasztják, amelyek kimutatták, hogy a gombaközösségek szerkezetét erősen befolyásolják a mikroklimatikus tényezők, a talaj tulajdonságai, a vegetáció sűrűsége és diverzitása, a környezeti stresszorok (pl. szennyezés, emberi beavatkozás), valamint a

növényvédelmi beavatkozások (CASTAÑEDA et al. 2018, LIU et al. 2023, LEPINAY et al. 2024).

A cserjések közelségének hatása a szőlő gombaközösségeire

A távolság hatását (cserjéshez közelebbi tőkék: 5 m, cserjéstől távolabbi tőkék: 80 m) úgy teszteltük, hogy összehasonlítottuk a cserjésekhez közelebb és távolabb elhelyezkedő szőlőtőkék gombaközösségeit. A közel és távol lévő szőlőtőkék gombaközösségeinek összevetése során sem a levelekben, sem a fás szövetekben nem találtunk statisztikailag szignifikáns különbséget. A PERMANOVA teszt alapján a cserjésekhez való távolság a levélhez kötődő gombaközösségek varianciájának 9,2%-át magyarázta ($p = 0,858$), míg a fás szövethez kötődő közösségek esetében 8,1%-ot ($p = 0,5085$). Ezek az eredmények azt mutatják, hogy az általunk vizsgált térbeli skálán a cserjések közelsége nem befolyásolta szignifikánsan a szőlő gombaközösségeinek összetételét.

Ezzel szemben az PERMANOVA kimutatta, hogy a fás szövetekben élő gombaközösségek szignifikánsan különböztek a cserjék (kőkény és a gyepúrózsa) és a szőlőtőkék között ($R^2 = 24,2\%$, $p = 0,0004$). A közelebb vagy távolabb elhelyezkedő szőlőtőkék gombaközösségei hasonlóan bizonyultak, ami arra utal, hogy a féltermészetes cserjés élőhelytől való távolság önmagában nem befolyásolta érdemben a közösségek szerkezetét. Az észlelt különbség tehát elsősorban a gazdanövény fajának tulajdonítható: a fás szövetekben található gombaközösségek összetételét sokkal inkább maga a növényfaj határozta meg, mint a szőlőtőke cserjéhez viszonyított helyzete. A levelek gombaközösségeinek összetétele nem mutatott szignifikáns eltérést a cserjék és a szőlőtőkék között (PERMANOVA: $R^2 = 18,6\%$, $p = 0,5155$). A szignifikáns elkülönülés hiánya arra utal, hogy a levelekben élő gombaközösségek esetében sem a gazdanövényfaj, sem a cserjéstől való távolság nem gyakorolt erőteljes hatást a közösségek szerkezetére. Ez alapján a levelek gombaközösségei homogénebbnek tekinthetők a különböző gazdanövények és a cserjéshez viszonyított pozíciók között. A levelek esetében a teljes levélhez kötődő közösséget (endofiták és epifiták egyaránt) vizsgáltuk. Ennek megfelelően a levélközösségek nem mutattak szignifikáns különbséget a cserjék és a szőlők között, míg a fás szövetekben egyértelmű elkülönülés volt tapasztalható. Ez azt mutatja, hogy a gazdanövény faja a fő tényező a gombaközösségek szerkezetének alakításában, és a szövetek közötti mintázatok eltérőek: a fás részekben élő gombaközösségek erősen gazdafaj-specifikusak, míg a levelek közösségei homogénebbek, részben az epifita gombák diszperziója miatt. Ez összhangban áll korábbi elemzéseinkkel, amelyek megerősítik, hogy a gazdanövény erősen formálja a fás szövetek gombaközösségeit, míg a levelekben hatása kevésbé domináns.

Közös növénypatogén gombák a vizsgált növényekben

A legtöbb ASV-t a gyepűrózsa minták (fa és levél egyaránt) tartalmazták (1015 ASV), ezt követte a kökény 691 ASV-fel, majd a szőlő (631 ASV) és a körte (519 ASV). A legkevesebb növénypatogén gomba ASV-t (488 ASV) kajsziabarack mintái tartalmazták. A teljes átfedésben 264 növénypatogén gomba ASV volt, melyeket nemzetség szinten beazonosítottunk. Ezek alapján a legdominánsabb nemzetségek a következők voltak: *Alternaria*, *Phyllosticta*, *Taphrina*, *Pseudopezicula*, *Seimatosporium*, *Phaeomoniella*. Ezek után a termesztett gyümölcsök és a szőlő, illetve az őshonos gyümölcstermő növények és a szőlő fitopatogén gomba ASV-ainak átfedését is megvizsgáltuk. A szőlő, a körte és a kajsziabarack közötti teljes átfedésben 284 növénypatogén gomba ASV volt. Ezek nemzetségszintű beazonosítása után a domináns nemzetségek között szintén az első helyen volt az *Alternaria*, amit a *Phyllosticta* követett. Jellemző nemzetségek voltak még a *Taphrina*, a *Pseudopezicula*, a *Seimatosporium*, *Phaeomoniella* és a *Pseudopezicula*. A szőlő, a kökény és a gyepűrózsa 461 közös ASV-vel rendelkezett. Ezek között a legtöbb ASV-t tartalmazó nemzetségek között szintén ott volt az *Alternaria* és a *Phyllosticta*, de a *Diaporthe* és a *Didymella* ASV-k is nagy arányban voltak jelen.

A vizsgált növények fitopatogén gombáinak nagymértékű átfedése, azt mutatja, hogy ezek a növények mikrobiális rezervoárként szolgálhatnak a növénypatogén gombák számára. Ez a szerep kritikus a növénybetegségek dinamikájában, mert a fent említett növénypatogének túlnyomó része a tünetmentes gazdanövényekben is fennmaradhatnak, sőt valószínűleg a vizsgált haszonnövények természetes mikrobiomjához tartoznak. A vizsgált növények közös fitopatogén gombái között az *Alternaria* nemzetség gombáit mutattuk ki a legnagyobb arányban. Ez azért lehetséges, mert az *Alternaria* nemzetséghez tartozó gombák a legelterjedtebb és legjelentősebb endofita és opportunistá fitopatogén gombák közé tartoznak, de lehetnek szaprofiták is. Patogénként számos mezőgazdasági növény tárolási és másodlagos betegségeinek okozói lehetnek (SIMMONS 2007, LAWRENCE et al. 2016, SINGH et al. 2016).

GTD-t okozó kórokozók jelenléte a vizsgált növényekben

Összesen 85 ASV-t azonosítottunk a termesztett növényekben, amelyek a GTD kórokozóit képviselték. Ezek közül 12 ASV volt közös a szőlőben, a kajsziabarackban és a körtében, ami az összes ASV 14%-át jelentette. A gazdanövények páronkénti összehasonlításakor a legnagyobb átfedés a körte és a szőlő között volt (23,5%), ezt követte a szőlő és a kajsziabarack (9,4%), végül a kajsziabarack és a körte (2,4%). A nemzetségszintű azonosítás alapján az alábbi közös nemzetségek fordultak elő a szőlőben, a körtében és a

kajsziarackban: *Diaporthe*, *Eutypa*, *Phaeomoniella*, *Phaeoacremonium*, *Neofusicoccum*.

A szőlő és az őshonos cserjék összehasonlítása figyelemre méltó eredményeket adott. Összesen 79 ASV képviselte a GTD kórokozókat a vizsgált három növényben, amelyek közül 23 ASV volt közös (29% átfedés). Párunkénti összehasonlításban a legnagyobb átfedés a szőlő és a gyepűrózsa között mutatkozott (16,5%), ezt követte a szőlő és a kökény (14%), majd a kökény és a gyepűrózsa (6,3%). A nemzetségszintű azonosítás alapján a következő közös nemzetségeket találtuk a szőlőben, a gyepűrózsában és a kökényben: *Diaporthe*, *Phaeomoniella*, *Neofusicoccum*, *Truncatella*.

Eredményeink azt mutatják, hogy a GTD-kórokozók valamennyi vizsgált növényben jelen vannak, bár eltérő arányban, ami különböző fogékonyságot jelez. A különböző gazdanövények fás szöveiben talált szőlőtöke elhalásos betegségek kórokozóinak nagymértékű átfedése arra utal, hogy az összes vizsgált faj potenciális gazdanövénye lehet a GTD-kért felelős gombafajoknak. Következésképp ezek a növények a szőlő számára potenciális inokulumforrásként is szolgálhatnak.

Összességében eredményeink alapján elmondható, hogy a GTD-kórokozók képesek túlélni és fertőzni a vizsgált növényfajokat, ahonnan továbbterjedhetnek a szomszédos szőlőültetvényekbe. Ezért a védekezési stratégiákat nem szabad kizárólag az ültetvények szintjére korlátozni. Lényeges megjegyezni, hogy a legtöbb GTD-kórokozó általánosan jelen van a szőlőben, gyakran tünetek nélkül. Úgy tartják, hogy ezek opportunistáknak, amelyek a gazdanövény környezeti vagy termesztéstechnológiai stressz hatására válnak aktívvá (GEIGER et al. 2022, LEAL et al. 2024). Emiatt a termesztési gyakorlatok javítása – nemcsak a termés és a minőség, hanem a növény ellenálló képességének növelése érdekében is – kulcsfontosságú a GTD okozta károk mérséklésében.

A vizsgált növények *core* mikrobiom meghatározása és összehasonlítása

Az eredmények azt mutatták, hogy a vizsgált növényfajok *core* mikrobiomjának gazdagsága és összetétele jelentős eltéréseket mutatott. A gyepűrózsa (52 ASV) és a kökény (98 ASV) viszonylag gazdag *core* közösséggel rendelkeztek, míg a kultúrfajok közül a szőlő (35 ASV) és különösen a körte (29 ASV) esetében jóval kevesebb taxont sikerült azonosítani. Ez a megfigyelés részben magyarázható a termesztett és a vadon élő gazdanövények eltérő ökológiai kontextusával, amely befolyásolhatja a mikrobaközösségek összetételét és stabilitását. A kajsziarack esetében a termesztett növényekhez képest sokkal több *core* gombataxont azonosítottunk (81 ASV), így ez kivételnek bizonyult. Feltételezhető, hogy a kajsziarack és a kökény közös rendszertani hovatartozása – mindkét faj a *Prunus* nemzetség tagja – hozzájárulhat a kajsziarack esetében megfigyelt diverzebb *core* gombaközösség kialakulásához. Ugyanakkor fontos kiemelni, hogy ennek a

következtetésnek a szilárd alátámasztásához további, *Prunus* nemzetségbe tartozó fajok (termesztett és vadon élő egyaránt - pl. szilva, cseresznye, őszibarack, vadcsesznye, mirabolán) bevonásával végzett vizsgálatokra lenne szükség, hogy eldönthető legyen, mennyire általánosítható a „*Prunus*-hatás” a *core* gombaközösségek gazdagságára.

A gypűrózsa és a kökény természetes élőhelyen változatos mikrobiális források (talaj, rovarok, állatok, szomszédos növények) hatásának kitéve fordul elő, ami elősegíti a közösségek diverzitásának és stabilitásának kialakulását. Ezzel párhuzamosan a vadon élő növények genetikai háttere a helyi környezethez alkalmazkodott fenotípusos és élettani jellemzőkön keresztül közvetve befolyásolja a mikrobiom összetételét, ami adaptív előnyt biztosíthat számukra, és a közösség természetes szelekció általi formálódásához vezethet (BARNES et al. 2025). Ezzel szemben a termesztett, intenzív gazdálkodás alatt álló fajok – mint a szőlő és a körte – rendszeres növényvédelmi beavatkozásoknak vannak kitéve, gyakran monokultúrában jelennek meg (főként a szőlő), és a domesztikáció során szűkebb mikrobiális asszociáció alakult ki (SOLDAN et al. 2021). Soldan és munkatársai (2021) azt vizsgálták, hogyan változtatta meg a növények domesztikációja a gazdanövények képességét a mikrobiom irányítására. A szerzők bevezették az úgynevezett „*double-leash*” modellt, amelyben az emberi szelekció hat a növényre, míg a növény szabályozza a hozzá kapcsolódó mikroorganizmusokat. A domesztikáció során bekövetkező fenotípusos változások – például a magméret, a metabolit-összetétel vagy a szöveti tulajdonságok – nagymértékben befolyásolják, hogy a növény mennyire képes kiválasztani és fenntartani a mikrobiomját. Az agronómiai gyakorlatok és a genetikai változások együtt (pl. monokultúra, genetikailag homogén ültetvény, intenzív növényvédelem) gyakran szűkebb és kevésbé változatos *core* mikrobiom közösséget hoztak létre a termesztett fajoknál a vad rokonokhoz képest. A tanulmány szerint a mikrobiom tudatos menedzselése – például a vad típusú asszociációk visszaállítása – növelheti a kultúrnövények egészségét és ellenállóképességét, mert a nemesítés által közvetlenül kiválasztott növényi tulajdonságok nem feltétlenül kapcsolódnak a magasabb fitnesshez. Feltételezhető továbbá, hogy e kultúrfajok erősebb immunválasza és szűrőkapacitása is hozzájárul ahhoz, hogy kevesebb taxon képes megfelelni a *core* definíció szigorú kritériumainak (AQUEEL et al. 2024). Egy tanulmány során a kutatók összehasonlították a gyapot két fajtájának – a gyapot levélfodrosodás betegségre (CLCuD) fogékony (*Gossypium hirsutum*) és a CLCuD-rezisztens (*Gossypium arboreum*) fajta – *core* mikrobiomját vírusfertőzés alatt. Kimutatták, hogy a rezisztens fajta jóval nagyobb mikrobiális sokféleséggel rendelkezik. Az eredményeik azt mutatták, hogy a *core* mikrobiom diverzitása fordítottan arányos a betegségérzékenységgel, ami fontos alapot adhat biokontroll-ágensek fejlesztéséhez és a növények kórokozókkal szembeni ellenálló képességének javításához (AQUEEL et al. 2024).

A kajszibarack esetében tapasztalt magas *core* diverzitás egyik lehetséges oka, hogy az ültetvény szemben a mintavételezett szőlőültetvényekkel (1993-ban lett telepítve) és a körte ültetvényt (2016-ban lett telepítve), melyek jól beállt, termőkorú fákból álltak, a kajszibarack ültetvény mindössze 3–4 éves volt a mintavétel idejében (2018-ban lett telepítve). Vagyis a fák még nem alakítottak ki erősen szelektív, stabil mikrobiális közösséget. Feltételezzük, hogy a fiatal ültetvény nyitottabb ökológiai rendszert képvisel, így több, különböző eredetű mikroorganizmus képes hosszabb távon is fennmaradni. Emellett a korai fejlődési fázisban a kórokozók és a növényvédelmi beavatkozások szelekciós nyomása még nem elég erős ahhoz, hogy a *core* közösség beszűkülését eredményezze, így a kajszibarack esetében megfigyelt gazdag *core* közösség valószínűleg átmeneti állapotot tükröz. A *Populus tomentosa* esetében kimutatták, hogy a fiatal fák gyökérmikrobiomja gazdagabb és változatosabb, ugyanakkor kevésbé stabil, míg az idősebb fák közössége szűkebb összetételű, de a gazda által erősebben szabályozott és stabilabb (XIE et al. 2023). Ez alátámasztja, hogy a kajszibarack fiatal ültetvényeiben megfigyelt gazdag *core* közösség átmeneti állapot lehet, amely a kor előrehaladtával fokozatosan beszűkül.

Az öt vizsgált gazdanövény *core* mikrobiomjának összehasonlítása során összesen 13 közös ASV-t azonosítottunk, köztük öt olyan gombataxont, amelyek valamennyi növényben és minden mintavételi időpontban kimutathatók voltak. Ezek a következő fajok: *Aureobasidium intercalariosporum*, *Bucklezyma aurantiaca*, *Filobasidium wieringae*, *Rinodina pyrina* és *Xenodidymella clematidis*. Emellett fontos megjegyezni, hogy az *Alternaria brassicae* valamennyi vizsgált gazdanövény közös *core* tagja volt, kivéve a szőlőt, ahol stabil jelenlétét nem sikerült igazolni a megadott 80 %-os tartományban.

A közös *core* taxonok különböző ökológiai stratégiákat képviselnek, ami arra utal, hogy a növényi mikrobiom stabilitását eltérő életmódú gombák együttes jelenléte biztosítja. Az *Aureobasidium intercalariosporum* és a *Filobasidium wieringae* tipikus generalista gombák, széles gazdaspektrummal rendelkező epifiták és endofiták, amelyek biokontroll potenciállal is bírnak (GLUSHAKOVA és KACHALKIN 2017, WU et al. 2023, ABO-ELYOUSR et al. 2024, RENSINK et al. 2024). A *Rinodina pyrina* zuzmóalkotó gomba, amely feltehetően a környezetből folyamatosan kolonizálja a növényeket, állandó háttérelmeként van jelen (VARGAS et al. 2013). A *Xenodidymella clematidis* főként endofitaként fordul elő, de opportunistá patogénként is ismert, így a tünetmentes jelenlét mellett kórokozó szerepet is betölthet (KARIMI et al. 2024). A fajok együttes jelenléte azt mutatja, hogy a termesztett és vadon élő növények közös mikrobiális *core* közösségében különböző ökológiai funkciók révén biztosítják a növény–mikroba interakciók stabilitását.

Indikátor fajok a vizsgált növényekben

Az indikátor faj elemzés elvégzése az öt, egymás mellett élő gazdanövényen módszertanilag azért indokolt, mert a közös környezeti háttér kontrollált feltételeket biztosít a gazdanövény-hatás kimutatásához. Az így azonosított indikátor fajok tehát nagyobb valószínűséggel a gazdanövény tulajdonságaihoz, semmint eltérő élőhelyi tényezőkhöz köthetők.

A vizsgált öt gazdanövény között jelentős eltérések mutatkoztak az indikátor faj ASV-k számában: a kökény mintákból összesen 305 ASV-t, a gyepürózsából 83 ASV-t, a kajszibarackból 103 ASV-t, a körtéből 332 ASV-t, a szőlőből 333 ASV-t azonosítottunk. A kökény esetében jóval több indikátor fajt azonosítottunk, mint például a gyepürózsán. Az indikátor közösségekben a leggyakrabban azonosított funkcionális csoportok a növénypatogének (223 ASV), valamint különböző szaprotróf gombák voltak (258 ASV). Ezen felül kisebb arányban, de minden növényben jelen voltak a mikoparaziták és epifiták. Ez arra utal, hogy az egyes gazdanövényekhez sajátos, funkcionálisan is eltérő mikrobiális közösségek kapcsolódnak.

Az indikátor fajok vizsgálata során kimutatható volt, hogy számos gomba kizárólag egyetlen gazdanövényhez kötődött, ami a gazdanövény–mikroba kapcsolatok specializációját jelzi. Ez különösen a patogén fajok esetében bír jelentőséggel, mivel ezek gazdaspecifikus kórokozói lehetnek a vizsgált növényeknek.

Az indikátor fajok funkcionális kategóriáinak százalékos megoszlása jelentős eltéréseket mutatott az öt vizsgált gazdanövény között. A gyepürózsa közösségében a növény patogének domináltak, az ASV-k több mint 60%-át kiteve, míg más funkcionális csoportok alig voltak jelen. Ezzel szemben a szőlő és a körte mikrobiális közösségei kiegyensúlyozottabb képet mutattak, ahol a kórokozók mellett a farontó szaprotrófok és a generalista szaprotrófok is jelentős arányt képviseltek. A kökény esetében a mikoparaziták (14,7%) és a levekben élő endofiták (8,1%) kategóriája kiemelkedő arányban fordultak elő, míg a kajszibaracknál a közösség közel egyharmadát a növény kórokozók funkciós csoport adta.

Eredményeink rámutatnak arra, hogy a különböző gazdanövényekhez kötődő közösségek nemcsak diverzitásukban, hanem funkcionális szerepükben is eltérnek: a patogének fajspecifikus jelenléte eltérő betegségkockázatot jelezhet, míg a szaprotróf és endofita gombák előfordulása a gazdanövényekhez társuló mikrobiális közösségek sokrétű ökológiai funkciójára utal. Az egymás mellett élő növények összehasonlítása egyértelművé teszi, hogy minden gazdanövény sajátos, funkcionálisan is különböző mikrobiális profillal rendelkezik, ami összhangban van más kutatási eredményekkel, miszerint a gazdanövény-faj döntően alakítja a patogén, szaprotróf és mikorrhizás gombaközösségek összetételét, még egymás közvetlen közelében is (LIANG et al. 2023).

KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

A kutatás eredményei új megvilágításba helyezik a szőlő és a környezetében élő, termesztett és őshonos gyümölcstermő növények gombaközösségeinek összefüggéseit. Az Egri borvidék két dűlőjében végzett két szezonon átívelő vizsgálatok alapján megállapítható, hogy a mikrobiális közösségek szerveződését alapvetően a gazdanövény faja, a növényi szerv típusa, a szezonális és a termőhely együttesen határozzák meg. A gombaközösségek dinamikáját és diverzitását nem csupán a környezeti tényezők, hanem a növényfajok biológiai és ökológiai sajátosságai, valamint a művelési gyakorlatok is alakítják.

A fás és a levélszövetek gombaközösségei jól elkülönültek egymástól, mind összetételükben, mind a struktúrájukban. A fás szövetekben a gombaközösségek szerkezete szignifikánsan különbözött a gazdanövények között, és itt a gazdanövény hatása bizonyult a legerősebb meghatározó tényezőnek. A fás szövetek állandó, védett mikroéletteret biztosítanak, ahol a mikrobiális közösségek, stabilabbak és kevésbé reagálnak rövid távú környezeti ingadozásokra. Ezzel szemben a levelekben élő gombák közösségei erőteljes szezonális dinamikát mutattak: az évszak, azaz a szezonális változások sokkal nagyobb szerepet játszottak a gombaközösségek alakításában, mint a gazdanövény faj vagy a termőhely. Mindez arra utal, hogy a levelekben élő mikroorganizmusok rövid életciklusú, gyorsan reagáló, dinamikus változó közösséget alkotnak, míg a fás részekben élő gombák hosszútávon stabilizálódó, gazdafüggő közösségek formájában perzisztálnak. A két mintavételi terület között (Kőlyuktető dűlő és Mihálynagytető dűlő) kimutathatóak voltak szignifikáns eltérések a gombaközösségek összetételében, ami részben a mikroklímatis és talajviszonyok eltérő hatásaira utalhat. Ezek az eredmények hangsúlyozzák, hogy a gombaközösségek szerkezetét finom léptékű, lokális tényezők alakítják, amelyek a *terroir* fogalmába integrálhatók, így a mikrobiális közösségek a borvidék ökológiai sajátosságainak egyik lenyomataként értelmezhetők.

A kutatás eredményei szerint a cserjék közelsége nem befolyásolta szignifikánsan a szőlő gombaközösségeit sem a levelekben sem a fás részekben a vizsgált 5–80 méteres skálán. Ennek oka lehet, hogy az ilyen mértékű térbeli különbség nem elegendő a diszperziós gradiens kimutatásához. Azonban ez a vizsgálat tovább erősítette, a gazdanövény gombaközösségekre gyakorolt domináns szerepét, hiszen szignifikáns különbségek a gombaközösségekben elsősorban a gazdanövények eltérő fajából adódtak, és kevésbé a növények térbeli elhelyezkedéséből.

A vizsgálatok egyik legfontosabb megállapítása, hogy a különböző növényfajok fitopatogén gombaközösségei között jelentős átfedések mutatkoztak. A fitopatogén nemzetségek – mint az *Alternaria*, *Phyllosticta*, *Taphrina*, *Phaeoconiella* vagy *Diaporthe* – több gazdanövényben egyaránt

előfordultak, ami igazolja, hogy az egymás mellett élő fajok mikrobiális rezervoárként viselkedhetnek a gomba patogének számára. A szőlő tökeelhalásos betegségeit okozó kórokozók, mint az *Phaeoconiella*, *Neofusicoccum* és *Diaporthe* nemzetségek képviselői minden vizsgált növényben jelen voltak, ami a környező gyümölcsfák esetében megerősíti, a cserjék esetében pedig feltárja, hogy ezek a rózsafélék családjába tartozó gyümölcstermő növények potenciális inokulumforrásként szolgálhatnak a szőlőültetvények számára. Ez a felismerés alapvetően új szemléletet igényel a szőlőegészségügyi gyakorlatban, hiszen a kórokozók térbeli terjedését nem lehet kizárólag ültetvény szinten értelmezni, hanem tájléptékben, a szomszédos vegetációval való összefüggésben kell vizsgálni. Valamint, mivel a vizsgálatban tünetmentes szőlőnövényeket mintáztunk, az eredmények azt mutatják, hogy a GTD-kórokozók a fás növények mikrobiomjának természetes részét képezhetik. Ezért a GTD elleni védekezésben a hangsúlyt elsősorban a növény jó kondíciójának megőrzésére kell helyezni, amely kulcsszerepet játszhat a betegség kialakulásának megelőzésében.

A közös *core* mikrobiom elemzése rávilágított, hogy a vizsgált növények egy része osztozik bizonyos stabil, fajokon átívelő gombakomponenseken. Az *Aureobasidium intercalariosporum*, *Buckleyzyma aurantiaca*, *Filobasidium wieringae*, *Rinodina pyrina* és *Xenodidymella clematidis* minden gazdanövényben jelen voltak, ami arra utal, hogy ezek a generalista fajok ökológiai stabilizátorokként működnek. Ugyanakkor több fajspecifikus *core*-tag is azonosítható volt, ami a gazdanövények egyedi ökológiai szűrésére utal. A domesztikált, intenzíven művelt kultúrfajok – mint a szőlő és a körte – szűkebb *core* közösséggel rendelkeztek, míg a vadon élő gyepürózsa és kökény gazdagabb *core* mikrobiom összetétellel rendelkeztek. Ez a különbség valószínűleg a termesztési gyakorlatok, a növényvédelmi beavatkozások és a növények adaptációs mechanizmusainak együttes hatásából ered, és megerősíti, hogy az intenzív mezőgazdasági művelés a mikrobiális diverzitás csökkenésével járhat.

Az indikátor faj elemzés rámutatott, hogy az azonos környezeti feltételek mellett élő gazdanövényekhez specifikus, funkcionális szempontból is eltérő gombaközösségek kapcsolódnak. A fajspecifikus indikátorok jelenléte a növény–mikroba kapcsolatok specializálódását és potenciális gazdaspecifikus kórokozók jelenlétét jelzi. A szezonális mintázatok tovább erősítik, hogy a mikrobiális közösségek időben is dinamikusan változnak, befolyásolva a fertőzési nyomást és a növények egészségi állapotát. Az eredmények alapján javasolt a gazdanövény–mikroba kapcsolatok hosszú távú monitorozása és funkcionális vizsgálata a kórokozók előrejelzésének és a célzott növényvédelem fejlesztésének érdekében.

Mindezek alapján megállapítható, hogy a szőlő és környezetében élő növényfajok közötti mikrobiális kapcsolatrendszer összetett, sokszintű és időben változó. A gombaközösségek fajösszetételét egyszerre formálják a gazdanövény-fajok biológiai sajátosságai, a szövetek közötti szerkezeti és

kémiai különbségek, az abiotikus környezeti tényezők, valamint az emberi beavatkozás. Eredményeim szerint a mikrobiális diverzitás fenntartása és a patogének visszaszorítása nem választható el a táj szerkezetétől és a természetes vegetáció jelenlététől. A biodiverzitás-megőrzést és a növényegészségügyet tehát integrált módon, ökológiai összefüggésben kell kezelni.

Összességében a kutatás hozzájárul a szőlő és a szomszédos növények gombaközösségeinek ökológiai megértéséhez, és új alapot teremt a fenntartható szőlőtermesztés fejlesztéséhez. A feltárt mintázatok azt mutatják, hogy a szőlő egészsége és ellenálló képessége szorosan összefügg a környező növényvilág mikrobiális hálózataival. A jövőben a növény-egészségügyi kutatásoknak és gyakorlatnak egyaránt figyelembe kell vennie a mikroorganizmusok tájleptékű eloszlását és kölcsönhatásait, hogy hatékonyabb, ökológiailag kiegyensúlyozott rendszerek jöhessenek létre. A gombaközösségek részletes feltérképezése és funkcionális vizsgálata lehetőséget teremt a természetes biológiai egyensúly fenntartására, ami hosszú távon a fenntartható, környezettudatos szőlő és gyümölcsstermesztés ökológiai alapját biztosíthatja.

Ezentúl a további kutatások során érdemes a gazdanövény–mikroba kapcsolatok hosszú távú, több évjáratot lefedő vizsgálatát elvégezni, valamint a gombaközösségek funkcionális szerepét metagenomikai és metabolomikai módszerekkel feltárni. Indokolt a mikrobiális hálózatok dinamikájának elemzése a tájhasználat, a növényvédelem és az éghajlati tényezők összefüggésében, hogy pontosabban érthetővé váljon a növényegészség ökológiai háttere. Az ilyen integrált megközelítés hozzájárulhat a fenntartható és ökológiailag kiegyensúlyozott szőlő- és gyümölcsstermesztési rendszerek fejlesztéséhez.

ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. A kutatás elsőként alkalmazott tájleptékű, több gazdanövényre kiterjedő DNS *metabarcoding* alapú elemzést a szőlő és a környezetében élő, termesztett és vadon élő gyümölcsfajok gombaközösségeinek vizsgálatára.
2. Ugyanazon egyeden belül a növényi részek mikrobiom közösségei eltérnek és ezeket eltérő abiotikus és biotikus faktorok befolyásolják, valamint a fás szövetek gombaközösségeinek szerveződésében a gazdanövény faja a legmeghatározóbb tényező, míg a levelekben a szezonális változások.
3. A szőlő és a környezetében élő termesztett és őshonos gyümölcsfajok fitopatogén gombaközösségei között jelentős átfedés van.
4. Elsőként írtuk le a gyepűrózsát és a kökényt, mint potenciális természetes gazdanövényeket több GTD-hez kapcsolódó gombanemzetség számára.
5. Elsőként azonosítottuk a kajszibarack, a körte, a kökény és a gyepűrózsa *core* mikrobiom tagjait a fás részekben és elsőként állapítottuk meg a vizsgált növények közös *core* tagjait egy adott élőhely-mozaikban.
6. A kutatás elsőként hasonlította össze a szőlő és a környezetében élő termesztett, illetve vadon előforduló gyümölcsfajok gombaközösségeit indikátor faj elemzés segítségével.

IRODALOMJEGYZÉK

1. ABDELFAH, A., LI DESTRI NICOSIA, M. G., CACCIOLA, S. O., DROBY, S., SCHENA, L. (2015) Metabarcoding analysis of fungal diversity in the phyllosphere and carposphere of olive (*Olea europaea*). *PLoS One*, 10: e0131069. DOI: 10.1371/journal.pone.0131069.
2. ABO-ELYOUSR, K. A. M., IMRAN, M., SALLAM, N. M. A., ABDEL-AAL, A. M. K., ASSIRI, M. E., ABDEL-RAHIM, I. R. (2024) Sustainable biocontrol of purple blotch disease in *Allium cepa* L. by biocontrol yeasts, *Pichia kluyveri* and *Filobasidium wieringae*. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 34(1): 11. DOI: 10.1186/s41938-024-00776-6.
3. AQUEEL, R., BADAR, A., ROY, N., IJAZ, U. Z., MALIK, K. A. (2024) Disease resistance correlates with core microbiome diversity in cotton. *Current Microbiology*, 81(9): 302. DOI: 10.1007/s00284-024-03827-1.
4. BARANYAI, G., BALOGH, A., NÉMETH, S., POZSGAI, A. (2017) Vas megye elfeledett „hegyei”. *Történeti Földrajzi Közlemények*, 5(3–4): 205–216.
5. BARNES, C. J., BAHRAM, M., NICOLAISEN, M., GILBERT, M. T. P., VESTERGÅRD, M. (2025) Microbiome selection and evolution within wild and domesticated plants. *Trends in Microbiology*, 33(4): 447–458.
6. BULGARELLI, D., GARRIDO-OTER, R., MÜNCH, P. C., WEIMAN, A., DRÖGE, J., PAN, Y., MCHARDY, A. C., SCHULZE-LEFERT, P. (2015) Structure and function of the bacterial root microbiota in wild and domesticated barley. *Cell Host & Microbe*, 17(3): 392–403. DOI: 10.1016/j.chom.2015.01.011.
7. CALLAHAN, B. J., MCMURDIE, P. J., ROSEN, M. J., HAN, A. W., JOHNSON, A. J. A., HOLMES, S. P. (2016) DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*, 13(7): 581–583. DOI: 10.1038/nmeth.3869.
8. CASTAÑEDA, L. E., MIURA, T., SÁNCHEZ, R., BARBOSA, O. (2018) Effects of agricultural management on phyllosphere fungal diversity in vineyards and the association with adjacent native forests. *PeerJ*, 6: e5715. DOI: 10.7717/peerj.5715.
9. CLOETE, M., FOURIE, P. H., DAMM, U., CROUS, P. W., MOSTERT, L. (2011) Fungi associated with die-back symptoms of apple and pear trees, a possible inoculum source of grapevine trunk disease pathogens. *Phytopathologia Mediterranea*, 50: S176–S190.

10. CREGGER, M. A., VEACH, A. M., YANG, Z. K., CROUCH, M. J., VILGALYS, R., TUSKAN, G. A., et al. (2018) The *Populus* holobiont: dissecting the effects of plant niches and genotype on the microbiome. *Microbiome*, 6: 31. DOI: 10.1186/s40168-018-0413-8.
11. DAMM, U., MOSTERT, L., CROUS, P. W., FOURIE, P. H. (2008) Novel *Phaeoacremonium* species associated with necrotic wood of *Prunus* trees. *Persoonia – Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 20(1): 87–102. DOI: 10.3767/003158508X324227.
12. DE CÁCERES, M., LEGENDRE, P., WISER, S. K., BROTONS, L. (2012) Using species combinations in indicator value analyses. *Methods in Ecology and Evolution*, 3: 973–982. DOI: 10.1111/j.2041-210X.2012.00246.x.
13. DUFRÊNE, M., LEGENDRE, P. (1997) Species assemblages and indicator species: the need for a flexible asymmetrical approach. *Ecological Monographs*, 67(3): 345–366. DOI: 10.1890/0012-9615(1997)067[0345:SAAIST]2.0.CO;2.
14. EDGAR, R. C. (2010) Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics*, 26(19): 2460–2461. DOI: 10.1093/bioinformatics/btq461.
15. FORT, T., ROBIN, C., CAPDEVIELLE, X., DELIÈRE, L., VACHER, C. (2016) Foliar fungal communities strongly differ between habitat patches in a landscape mosaic. *PeerJ*, 4: e2656. DOI: 10.7717/peerj.2656.
16. GEIGER, A., KARÁCSONY, Z., GOLEN, R., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2022) The compositional turnover of grapevine-associated plant pathogenic fungal communities is greater among intraindividual microhabitats and terroirs than among healthy and esca-diseased plants. *Phytopathology*, 112(5): 1029–1035. DOI: 10.1094/PHYTO-05-21-0190-R.
17. GLUSHAKOVA, A. M., KACHALKIN, A. V. (2017) Endophytic yeasts in *Malus domestica* and *Pyrus communis* fruits under anthropogenic impact. *Microbiology*, 86(1): 128–135. DOI: 10.1134/S0026261716060102.
18. GRIGGS, R. G., STEENWERTH, K. L., MILLS, D. A., CANTU, D., BOKULICH, N. A. (2021) Sources and assembly of microbial communities in vineyards as a functional component of winegrowing. *Frontiers in Microbiology*, 12: 673810. DOI: 10.3389/fmicb.2021.673810.
19. GROVE, G. G. (2004) Perennation of *Uncinula necator* in vineyards of eastern Washington. *Plant Disease*, 88: 242–247. DOI: 10.1094/PDIS.2004.88.3.242.
20. GUARNACCIA, V., KRAUS, C., MARKAKIS, E., ALVES, A., ARMENGOL, J., EICHMEIER, A., COMPANT, S., GRAMAJE, D. (2022) Fungal trunk diseases of fruit trees in Europe: pathogens, spread

- and future directions. *Phytopathologia Mediterranea*, 61(3): 563–599. DOI: 10.36253/phyto-14167.
21. HE, C., MENG, D., LI, W., LI, X., HE, X. (2023) Dynamics of endophytic fungal communities associated with cultivated medicinal plants in a farmland ecosystem. *Journal of Fungi*, 9: 1165.
 22. HULSEN, T., DE Vlieg, J., ALKEMA, W. (2008) BioVenn – a web application for the comparison and visualization of biological lists using area-proportional Venn diagrams. *BMC Genomics*, 9: 488. DOI: 10.1186/1471-2164-9-488.
 23. IHRMARK, K., BÖDEKER, I. T., CRUZ-MARTINEZ, K., FRIBERG, H., KUBARTOVA, A., SCHENCK, J., STRID, Y., et al. (2012) New primers to amplify the fungal ITS2 region – evaluation by 454-sequencing of artificial and natural communities. *FEMS Microbiology Ecology*, 82(3): 666–677.
 24. KARIMI, M., MEHRABI-KOUSHKI, M., FAROKHINEJAD, R., BEIGI, S. (2024) Additional new species of *Xenodidymella* from pasture-medicinal plants in Iran. *Antonie van Leeuwenhoek*, 117(1): 110. DOI: 10.1007/s10482-024-02007-2.
 25. KÖLJALG, U., NILSSON, R. H., ABARENKOV, K., TEDERSOO, L., TAYLOR, A. F., BAHRAM, M., et al. (2013) Towards a united paradigm for sequence-based identification of fungi. *Molecular Ecology*, 22: 5271–5277. DOI: 10.1111/mec.12481.
 26. KOVÁCS, G., LENNER, T., CSAPÓ, T. (2019) Eger történeti földrajza és településmorfológiája. *Településföldrajzi Tanulmányok*, 8(2).
 27. KRAH, F. S., SEIBOLD, S., BRANDL, R., BALDRIAN, P., MÜLLER, J., BÄSSLER, C. (2018) Independent effects of host and environment on the diversity of wood-inhabiting fungi. *Journal of Ecology*, 106: 1428–1442. DOI: 10.1111/1365-2745.12946.
 28. LAWRENCE, D. P., ROTONDO, F., GANNIBAL, P. B. (2016) Biodiversity and taxonomy of the pleomorphic genus *Alternaria*. *Mycological Progress*, 15(1): 1–22. DOI: 10.1007/s11557-015-1144-x.
 29. LEAL, C. M., GEIGER, A., MOLNÁR, A., VÁCZY, K. Z., KGOBE, G., ZSÓFI, Z., GEML, J. (2024) Disentangling the effects of terroir, season, and vintage on the grapevine fungal pathobiome. *Frontiers in Microbiology*, 14. DOI: 10.3389/fmicb.2023.1322559.
 30. LEPINAY, C., VĚTROVSKÝ, T., CHYTRÝ, M., et al. (2024) Effect of plant communities on bacterial and fungal communities in a Central European grassland. *Environmental Microbiome*, 19: 42. DOI: 10.1186/s40793-024-00583-4.
 31. LI, M., HONG, L., YE, W., WANG, Z., SHEN, H. (2022) Phyllosphere bacterial and fungal communities vary with host species identity, plant traits and seasonality in a subtropical forest. *Environmental Microbiome*, 17(1): 29. DOI: 10.1186/s40793-022-00423-3.

32. LIANG, S., ARRAIANO-CASTILHO, R., NEUENKAMP, L., LI, H., BAI, Z., ZHANG, M., YIN, J., YUAN, Z., WANG, X. (2023) Rhizosphere fungal community assembly varied across functional guilds in a temperate forest. *Ecological Processes*, 12(1): 6. DOI: 10.1186/s13717-023-00417-0.
33. LIU, S., XIONG, C., LIN, L., KEYHANI, N. O., ZHU, M., ZHAO, Z., et al. (2023) Assessing the structure and diversity of fungal community in plant soil under different climatic and vegetation conditions. *Frontiers in Microbiology*, 14: 1288066. DOI: 10.3389/fmicb.2023.1288066.
34. MARTÍNEZ-DIZ, M. D. P., ANDRÉS-SODUPE, M., BUJANDA, R., DÍAZ-LOSADA, E., EICHMEIER, A., GRAMAJE, D. (2019) Soil–plant compartments affect fungal microbiome diversity and composition in grapevine. *Fungal Ecology*, 41: 234–244. DOI: 10.1016/j.funeco.2019.07.003.
35. MOLNÁR, A., GEML, J., GEIGER, A., LEAL, C. M., KGOBE, G., TÓTH, A. M., VILLANGÓ, S., et al. (2022) Exploring relationships among grapevine chemical and physiological parameters and leaf and berry mycobiome composition. *Plants*, 11(15): 1924. DOI: 10.3390/plants11151924.
36. MUNKVOLD, G. P. (2001) Eutypa dieback of grapevine and apricot. *Plant Health Progress*, 2(1): 9. DOI: 10.1094/PHP-2001-0621-01-RV.
37. OKSANEN, J., BLANCHET, F. G. K., LEGENDRE, P., et al. (2007) Vegan: community ecology package. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104: 19891–19896.
38. PERAZZOLLI, M., AZIZ, A., GRAMAJE, D., FORTES, A. M., CANTU, D. (2022) Editorial: Recent advances in grapevine–microbe interactions: from signal perception to resistance response, Volume II. *Frontiers in Plant Science*, 13: 1069886.
39. POITOU, X., THIBON, C., DARRIET, P. (2017) 1,8-Cineole in French red wines: evidence for a contribution related to its various origins. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 65(2): 383–393. DOI: 10.1021/acs.jafc.6b03042.
40. PÖLME, S., ABARENKOV, K., NILSSON, R. H., et al. (2020) FungalTraits: a user-friendly traits database of fungi and fungus-like stramenopiles. *Fungal Diversity*, 105: 1–16. DOI: 10.1007/s13225-020-00466-2.
41. RENSINK, S., VAN NIEUWENHUIJZEN, E. J., SAILER, M. F., STRUCK, C., WÖSTEN, H. A. B. (2024) Use of *Aureobasidium* in a sustainable economy. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 108(1): 202. DOI: 10.1007/s00253-024-13025-5.
42. ROLSHAUSEN, P. E., KIYOMOTO, R. (2012) The status of grapevine trunk diseases in the Northeastern United States. In: *Proceedings of the New England Vegetable and Fruit Conference*.

43. SAMAD, A., TROGNITZ, F., COMPANT, S., ANTONIELLI, L., SESSITSCH, A. (2017) Shared and host-specific microbiome diversity and functioning of grapevine and accompanying weed plants. *Environmental Microbiology*, 19(4): 1407–1424. DOI: 10.1111/1462-2920.13618.
44. SIMMONS, E. G. (2007) *Alternaria: An identification manual*. Utrecht: CBS Fungal Biodiversity Centre.
45. SINGH, S. G., MEHTA, N., MEENA, P. D. (2016) *Alternaria diseases of crucifers: Biology, ecology and disease management*. Singapore: Springer. DOI: 10.1007/978-981-10-0287-0.
46. SOLDAN, R., FUSI, M., CARDINALE, M., DAFFONCHIO, D., PRESTON, G. M. (2021) The effect of plant domestication on host control of the microbiota. *Communications Biology*, 4(1): 936. DOI: 10.1038/s42003-021-02467-6.
47. TANUNCHAI, B., JI, L., SCHROETER, S. A., WAHDAN, S. F. M., LARPKERN, P., LEHNERT, A. S., et al. (2022) A poisoned apple: first insights into community assembly and networks of the fungal pathobiome of healthy-looking senescing leaves of temperate trees in mixed forest ecosystem. *Frontiers in Plant Science*, 13: 968218. DOI: 10.3389/fpls.2022.968218.
48. VANWALLENDael, A., BENUCCI, G. M. N., DA COSTA, P. B., FRASER, L., SREEDASYAM, A., FRITSCHI, F., et al. (2022) Host genotype controls ecological change in the leaf fungal microbiome. *PLOS Biology*, 20(8): e3001681. DOI: 10.1371/journal.pbio.3001681.
49. VARGAS CASTILLO, R., IBACETA, A., VERGARA, E. (2013) *Rinodina pyrina* (Physciaceae, Ascomycota) nueva especie para Chile. *Gayana. Botánica*, 70(2): 399–401. DOI: 10.4067/S0717-66432013000200018.
50. WHITE, T. J., BRUNS, T., LEE, S., TAYLOR, J. (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: *PCR Protocols: a Guide to Methods and Applications*. Elsevier, 315–322. DOI: 10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1.
51. WU, F., FENG, Z., WANG, M., WANG, Q. (2023) Proposal of four new *Aureobasidium* species for exopolysaccharide production. *Journal of Fungi*, 9(4): 447. DOI: 10.3390/jof9040447.
52. XIE, J., MA, Y., LI, X., WU, J., MARTIN, F., ZHANG, D. (2023) Multifeature analysis of age-related microbiome structures reveals defense mechanisms of *Populus tomentosa* trees. *New Phytologist*, 238(4): 1636–1650. DOI: 10.1111/nph.18847.

A SZERZŐNEK AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓI

Folyóiratcikkek:

LEPRES, L. A., MOLNÁR, A., GEIGER, A., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2025) Landscape-level drivers of fungal communities in grapevine, fruit trees, and semi-natural shrublands in a habitat matrix. *Plants*, 14(20): 3178.

LEPRES, L. A., MOLNÁR, A., GEIGER, A., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2025) A szőlő és környezete közötti fitopatogén kapcsolatok. *Növényvédelem*, 86(7): 294–303.

SPITZMÜLLER, Z., KISS, T., PÁLFI, X., **LEPRES, L. A.**, VÁCZY, K. Z. (2026) Persistent heteroplasmy of the G143A mutation in *Plasmopara viticola* populations of Hungary: Long-term maintenance of QoI resistance in the absence of selection pressure. *Physiological and Molecular Plant Pathology*: 142:103109.

Konferenciaközlemények:

MOLNÁR, A., ZSÓFI, Z., **LEPRES, L. A.**, GEIGER, A., VILLANGÓ, S., TÓTH, A. M., PÁLFI, X., LOVAS, M., BAKOS-BARCZI, N., NAGY, R., *et al.* (2025) Drought shapes fungal communities of grapevine leaves in the Eger wine region. *Abstracts of the 7th Central European Forum for Microbiology*: 52/2.

LEPRES, L. A., MOLNÁR, A., GEIGER, A., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2025) A szőlő és környezete közötti fitopatogén kapcsolatok = Phytopathogenic connections among grapevine and surrounding woody plants. In: HALTRICH, A. (szerk.) *Növényvédelmi Tudományos Nap 2025*: 33. Magyar Növényvédelmi Társaság.

LEPRES, L. A., MOLNÁR, A., GEIGER, A., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2025) Tájszintű kölcsönhatások a szőlőtermesztésben = Landscape-level microbial connections in viticulture. In: VÁCZY, K. Z., BENE, Zs. (szerk.) *Eger Wine Meetup International Conference – Research, innovation, international wine market: Program and abstract book*: 55–58. EKKE Líceum Kiadó.

LEPRES, L. A., MOLNÁR, A., GEIGER, A., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2025) Comparison of the core microbiome and indicator species of vineyards and surrounding Rosaceae fruit species. *Abstracts of the 7th Central European Forum for Microbiology*: 46/1.

LEPRES, L. A., MOLNÁR, A., GEIGER, A., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2024) Növénypatogén gombaközösségek gazdapreferenciája és szezonalitása a szőlő és a szomszédos gyümölcsösök és őshonos cserjék leveleiben és fás szöveteiben. In: DIMA, B., PAPP, V. (szerk.) *VII. Magyar Mikológiai Konferencia – Absztraktkötet*: 164–165.

LEPRES, L., MOLNÁR, A., GEIGER, A., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2024) DNA-based analysis of leaf and wood of grapevine, adjacent orchards and native shrubs reveal host preference and seasonality in plant pathogenic fungal communities. *International Mycological Congress IMC12 – Abstracts*, 54.

LEPRES, L., MOLNÁR, A., GEIGER, A., GEML, J. (2024) Native shrubs and fruit trees as potential inoculum sources in viticulture. *Magyar Mikrobiológiai Társaság 2024. évi Nagygyűlése / Hungarian Society for Microbiology General Meeting 2024 – Abstracts*, 17. Magyar Mikrobiológiai Társaság.

LEPRES, L., MOLNÁR, A., GEIGER, A., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2023) Táj szintű növényvédelem mikrobiális alapjai a szőlőtermesztésben. In: HALTRICH, A. (szerk.) *69. Növényvédelmi Tudományos Napok*, 31888796. Magyar Növényvédelmi Társaság.

LEPRES, L., MOLNÁR, A., GEIGER, A., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2023) Exploring the microbial connections between grapevine and nearby wild and cultivated woody Rosaceae species in the Eger wine region, Hungary. In: VERDIER, V. (szerk.) *12th International Congress of Plant Pathology – Book of Abstracts*, 291–292 (Paper P9.3-015).

GEIGER, A., LEAL, C. M., MOLNÁR, A., **LEPRES, L.**, MULLER, M., KGOBE, G., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2022) A szőlő növénypatogén gombaközösségére ható tényezők – mikroélelőhely, fajta, egészségi állapot, évjárat, szezonális – vizsgálata. In: MÁRIALIGETI, K., DOBAY, O. (szerk.) *Magyar Mikrobiológiai Társaság 2022. évi Nagygyűlése: XV. Fermentációs Kollokvium*.

LEAL, C. M., GEIGER, A., MOLNÁR, A., **LEPRES, L.**, MULLER, M., KGOBE, G., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2022) A terroir, az évszak és az évjárat szőlő patobiomra gyakorolt hatásának vizsgálata. In: MÁRIALIGETI, K., DOBAY, O. (szerk.) *Magyar Mikrobiológiai Társaság 2022. évi Nagygyűlése: XV. Fermentációs Kollokvium*.

LEPRES, L., MOLNÁR, A., GEIGER, A., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2022) A szőlő és a Rosaceae családba tartozó gyümölcstermő növények gombaközösségeinek DNS-alapú összehasonlítása. In: MÁRIALIGETI, K.,

DOBAY, O. (szerk.) *Magyar Mikrobiológiai Társaság 2022. évi Nagygyűlése: XV. Fermentációs Kollokvium.*

LEPRES, L. A., GEML, J., KARÁCSONY, Z., GEIGER, A., TÁNCSIS, A., VÁCZY, K. Z. (2022) DNA-based comparison of plant pathogenic fungi between grapevine and wild woody Rosaceae with a focus on trunk diseases. *16th Congress of the Mediterranean Phytopathological Union – Book of Abstracts*, Paper 32.